

引用信息: Ni Li-Sheng; Mao Feng-Lou; Han Yu-Zhen; Lai Lu-Hua. Acta Phys. -Chim. Sin., 2001, 17(05): 389-392 [倪立生;毛凤楼;韩玉真;来鲁华. 物理化学学报, 2001, 17(05): 389-392]

[本期目录](#) | [下期目录](#) | [过刊浏览](#) | [高级检索](#)

[\[打印本页\]](#) [\[关闭\]](#)

## 低同源性蛋白质结构预测

倪立生;毛凤楼;韩玉真;来鲁华

北京大学化学与分子工程学院,物理化学研究所 北京分子动态与稳态结构国家重点实验室,北京 100871

摘要:

关键词: 蛋白质结构预测 折叠模式识别 低同源性 收敛进化 基因组

收稿日期 2001-01-12 修回日期 2001-03-07 网络版发布日期 2001-05-15

通讯作者: 来鲁华 Email: lai@ipc.pku.edu.cn

### 本刊中的类似文章

1. 王树青;刘红;杜奇石;魏冬青.依据氨基酸残基的相关性预测蛋白质的结构类型[J]. 物理化学学报, 2004,20(05): 498-502

Copyright © 物理化学学报

扩展功能

本文信息

[PDF\(1418KB\)](#)

服务与反馈

[把本文推荐给朋友](#)

[加入我的书架](#)

[加入引用管理器](#)

[引用本文](#)

[Email Alert](#)

[文章反馈](#)

[浏览反馈信息](#)

本文关键词相关文章

▶ [蛋白质结构预测](#)

▶ [折叠模式识别](#)

▶ [低同源性](#)

▶ [收敛进化](#)

▶ [基因组](#)

本文作者相关文章

▶ [倪立生](#)

▶ [毛凤楼](#)

▶ [韩玉真](#)

▶ [来鲁华](#)