

基因网络研究进展

The Progress of Gene Networks

投稿时间: 2001-1-10 最后修改时间: 2001-2-23

稿件编号: 20010611

中文关键词: [基因网络](#) [基因表达](#) [发育模拟](#)

英文关键词: [gene networks](#) [gene expression](#) [develop simulation](#)

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(39770420, 30100115)和浙江省自然科学基金资助项目(300255).

作者	单位
彭华正	浙江大学生命科学学院, 杭州 310012
潘建伟	浙江大学生命科学学院, 杭州 310012
朱睦元	浙江大学生命科学学院, 杭州 310012

摘要点击次数: 99

全文下载次数: 13

中文摘要:

分子生物学的深入发展揭示了复杂的生命现象是大量基因相互作用的结果,传统的以描述为主的生物学和分解分析的研究方法受到挑战.随着DNA芯片和分子阵列技术的应用,快速检测生物基因组的表达已成为可能.在生命科学领域,基因网络作为一种系统的、定量的研究方法正在受到重视,该方法建立在分子生物学、非线性数学和信息学等多学科交叉的基础上.基因网络是动力系统模型,具有稳定性、层次性等一系列非线性系统的特性.通过基因表达的大量数据,结合一定的分析和计算方法可以构建合适的基因网络拓扑结构模拟系统的行为.反过来,利用已建立的基因网络可以指导进一步的实验.计算机工具和Internet资源是基因网络研究的重要手段.基因网络研究将在后基因组研究中发挥重要的作用.

英文摘要:

The progress of molecular biology attributes the complexity of life to the interaction of mass genes ,and thus the traditional descriptive method in biology and analysis by disassembling faces the cruel challenge. The application of DNA chip and molecule array enables scientists to monitor the massively parallel expression of genes,which lead to emphasis of gene networks as a systematic,quantitative method in the research of life science.Based on the crossing of subjects on molecule biology, nonlinear maths and informatics,the object of gene networks is to construct the dynamics model which has nonlinear traits such as robustness,hierarchy and so on.The massive data of gene expression combined with fit algorithm can help scientists establish the topology of the interactions,by which the system behavior can be simulated. Contrariwise, the model established can direct the further experiments.To study gene networks the computer and Internet resource are very important.The study of gene networks will play an important role in the post-genome research.

[查看全文](#)

[关闭](#)

[下载PDF阅读器](#)

您是第398960位访问者.

主办单位: 中国科学院生物物理研究所和中国生物物理学会 单位地址: 北京市朝阳区大屯路15号
服务热线: 010-64888459 传真: 010-64889892 邮编: 100101 Email: prog@sun5.ibp.ac.cn
本系统由勤云公司设计, 联系电话: 010-62862645, 网址: <http://www.e-tiller.com>
[京ICP备05002794号](#)