

基因组范围的蛋白质功能研究方法初探

Primary Research on Genome-wide Protein Function

投稿时间: 2000-11-13 最后修改时间: 2001-1-20

稿件编号: 20010511

中文关键词: [基因组](#) [蛋白质功能](#) [研究方法](#)

英文关键词: [genome](#) [protein function](#) [method](#)

基金项目:

作者	单位
张玲	中国医学科学院中国协和医科大学基础医学研究所, 北京 100005
林澄涛	中国医学科学院中国协和医科大学基础医学研究所, 北京 100005
王恒	中国医学科学院中国协和医科大学基础医学研究所, 北京 100005

摘要点击次数: 94

全文下载次数: 7

中文摘要:

基因组大规模测序的进展使人们获得了大量新基因数据, 对这些数据进行基因组范围的规模化功能分析的新方法应运而生. 对其中的结构域融合分析法、系统进化特征法、簇分析法, 结构分析法, 插入突变法和综合分析法做一简要介绍和初步探讨.

英文摘要:

Large amount of genome data has been obtained from the rapid progress of genome sequencing. Along with this trend, many new approaches for the study of protein function have been invented. A brief introduction and discussion of those methods such as domain fusion analysis, protein phylogenetic profiles, cluster analysis, protein structure analysis, insertional mutagenesis and the combined algorithm for genome-wide prediction of protein function is reviewed.

[查看全文](#)

[关闭](#)

[下载PDF阅读器](#)

您是第395419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