



论文检索

关键词: 请选择年份 请选择刊期

GO

高级查询

[首 页](#)
[关于本刊](#)
[本刊公告](#)
[下期预告](#)
[投稿须知](#)
[刊物订阅](#)
[本刊编委](#)
[编读往来](#)
[联系我们](#)
[English](#)

: 论文摘要 :

[返回](#)

昆虫学报, undefined 年, undefined 月, 第 undefined 卷, 第 undefined 期, undefined - undefined 页

题目: 演化基因组学初介

作者: Aaron J. W. HSUEH*

Division of Reproductive Biology, Department of Obstetrics and Gynecology, Stanford University School of Medicine, Stanford, CA 94305-5317

摘要: 近来, 人类以及不同模式生物体全基因组测序取得的进展, 为生物学研究提供了一个全新的视角。基于演化起源对直向性同源基因和旁向性同源基因序列的比较, 可以更好地了解不同基因的生理作用。基因组学研究中的一个重要的方面, 是了解全部基因的相互关系, 进而最终可以了解基因的功能。本文提供了几个多肽配体及受体的比较基因组分析的范例。对于这个新生领域, 本文建议中文名字为“演化基因组学”, 以强调演化过程的非“进步”的特性及对不同生物体中所有基因的全面性分析[动物学报 50(5):856-858, 2004]。

关键词: 演化 基因组学

通讯作者: Aaron J. W. HSUEH (E-mail: aaron.hsueh@stanford.edu).

这篇文章摘要已经被浏览 1398 次, 全文被下载 1182 次。

[下载PDF文件 \(157919 字节\)](#)您是第: **48389** 位访问者

《昆虫学报》编辑部

地 址: 北京北四环西路25号, 中国科学院动物研究所

邮 编: 100080

电 话: 010-82872092

传 真: 010-62569682

E-mail: kcxb@ioz.ac.cn网 址: <http://www.insect.org.cn>