

真核生物RNA聚合酶 II 启动子的计算机预测

姚凤霞; 张瑞芳; 刘春宇; 夏家辉; 夏昆

姚凤霞 (410078,长沙,中南大学医学遗传学国家重点实验室)

张瑞芳 (410078,长沙,中南大学医学遗传学国家重点实验室)

刘春宇 (410078,长沙,中南大学医学遗传学国家重点实验室)

夏家辉 (410078,长沙,中南大学医学遗传学国家重点实验室)

夏昆 (410078,长沙,中南大学医学遗传学国家重点实验室)

收稿日期 2004-2-27 修回日期 网络版发布日期: 2006-5-22

摘要 启动子是基因组序列中靠近基因转录起始位点的区域,是影响基因表达的重要功能单位之一.除实验方法发现或验证序列的启动子外,现已经有多种启动子序列的计算机预测方法,如位点比重阵列(PWM)、隐马尔柯夫模型(HMM)、神经网络、低聚复合物和CpG岛等.本文综述了现有真核生物基因启动子序列的生物信息研究技术.

关键词 [启动子](#) [转录起始位点](#) [生物信息学](#)

分类号

Abstract

Key words

DOI

通讯作者 姚凤霞 fxyaocn@hotmail.com

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(396KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“启动子”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [姚凤霞](#)
- [张瑞芳](#)
- [刘春宇](#)
- [夏家辉](#)
- [夏昆](#)