

工程与应用

代谢途径分析研究进展及其应用

丁德武^{1, 2}, 陆克中¹, 须文波², 方康年¹

1.池州学院 数学与计算机科学系, 安徽 池州 247000

2.江南大学 信息工程学院, 江苏 无锡 214036

收稿日期 2009-6-25 修回日期 2009-7-30 网络版发布日期 2009-12-4 接受日期

摘要 由于缺乏详尽的热力学参数, 基于网络拓扑的代谢途径分析是现阶段最重要的途径分析方法。首先简单地介绍了基于网络的途径分析方法发展简史, 随后着重说明了基于凸分析的两种代谢途径分析方法: 基元模式和极端途径及它们之间的异同, 并详细阐述了这两种方法的具体应用。最后, 使用极端途径分析了苏云金杆菌的PHB代谢。结果表明, 除了传统的途径, 还存在一些新颖的途径可用于PHB合成。

关键词 [代谢网络](#) [代谢途径](#) [基元模式](#) [极端途径](#)

分类号 [TP339](#)

Advance in metabolic pathway analysis and its application

DING De-wu^{1, 2}, LU Ke-zhong¹, XU Wen-bo², FANG Kang-nian¹

1.Department of Mathematics and Computer Science, Chizhou College, Chizhou, Anhui 247000, China

2.School of Information Technology, Jiangnan University, Wuxi, Jiangsu 214036, China

Abstract

Due to the absence of detailed kinetic parameters, one of the most important methods, network topology based metabolic pathway analysis has been developed. The paper firstly introduces the brief history of network based on pathway analysis. Then, two such network based methods are emphasized: Elementary modes and extreme pathways, with their similarities, differences and applications. At last, extreme pathways are employed to analyze PHB metabolism of *B.thuringiensis*. Except for "historical" biochemical pathways, the results also suggest that there are some novel pathways.

Key words [metabolic network](#) [metabolic pathway](#) [elementary modes](#) [extreme pathways](#)

DOI: 10.3778/j.issn.1002-8331.2009.33.062

通讯作者 丁德武 dwding@yahoo.com.cn

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(782KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [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“代谢网络”的 相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

· [丁德武](#)

·

· [陆克中](#)

·

· [须文波](#)

·

· [方康年](#)