

- based on microarray data[J]. *Bioinformatics*, 2003, 19(3): 433-434.
- [8] DAHLQUIST K D, SALOMONIS N, VRANIZAN K, *et al.* GenMAPP, a new tool for viewing and analyzing microarray data on biological pathways[J]. *Nat Genet*, 2002, 31(1): 19-20.
- [9] PANDEY R, GURU R K, MOUNT D W. Pathway Miner: extracting gene association networks from molecular pathways for predicting the biological significance of gene expression microarray data[J]. *Bioinformatics*, 2004, 20(13): 2156-2158.
- [10] HEE-JOON C, MINGOO K, CHAN H P, *et al.* ArrayXPath: mapping and visualizing microarray gene-expression data with integrated biological pathway resources using scalable vector graphics [J]. *Nucleic Acids Research*, 2004, 32: 460-464.
- [11] 李虹, 韩为农, 张玲, 等. 人鼻咽与鼻咽癌组织 p53 调节基因差异表达的研究[J]. *中华肿瘤杂志* (LI H, HAN W, ZHANG L, *et al.* cDNA expression array in the differential expression profiles of p53 regulated genes in nasopharyngeal carcinoma and the human normal nasopharynx[J]. *Chinese Journal of Oncology*), 2001, 23(6): 448-450.
- [12] 韩为农, 李虹, 谢鹭, 等. 人鼻咽与鼻咽癌 cDNA 阵列中 DNA 修复相关基因表达差异的初步研究[J]. *中华肿瘤杂志* (HAN W, LI H, XIE L, *et al.* Plerosis of cDNA array of normal human nasopharyngeal tissue and nasopharyngeal carcinoma [J]. *Chinese Journal of Oncology*), 2002, 24(2): 114-117.
- [13] XIE L, XU L, HE Z, *et al.* Identification of differentially expressed genes in nasopharyngeal carcinoma by means of the Atlas human cancer cDNA expression array[J]. *J Cancer Res Clin Oncol*, 2000, 126(7): 400-406.
- [14] FANG W Y, LIU T F, XIE W B, *et al.* Reexploring the possible roles of some genes associated with nasopharyngeal carcinoma using microarray-based detection[J]. *Acta Biochim Biophys Sin*, 2005, 37(8): 541-546.
- [15] CHUNG H J, PARK C H, HAN M R, *et al.* ArrayXPath II: mapping and visualizing microarray gene-expression data with biomedical ontologies and integrated biological pathway resources using scalable vector graphics[J]. *Nucleic Acids Res*, 2005, 33: 621-626.
- [16] CAMPBELL A M, HEYER L J. *Discovering Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, 2/E[M]. Redwood City, CA: Benjamin Cummings, 2006. 11-50.
- [17] BENGTSSON-ELLMARK SH, NILSSON J, ORHO-MELANDER M, *et al.* Association between a polymorphism in the carboxyl ester lipase gene and serum cholesterol profile[J]. *Eur J Hum Genet*, 2004, 12(8): 627-632.
- [18] NAKIELNY S, DREYFUSS G. Transport of proteins and RNAs in and out of the nucleus[J]. *Cell*, 1999, 99(7): 677-690.
- [19] CICIARELLO M, MANGIACASALE R, THIBIER C, *et al.* Importin beta is transported to spindle poles during mitosis and regulates Ran-dependent spindle assembly factors in mammalian cells [J]. *J Cell Sci*, 2004, 117(26): 6511-6522.
- [20] REXACH M, BLOBEL G. Protein import into nuclei: association and dissociation reactions involving transport substrate, transport factors, and nucleoporins [J]. *Cell*, 1995, 83(5): 683-692.

· 简 讯 ·

王身立教授 6 次成功预测诺贝尔奖

A. Fire 与 C. C. Mello 因发现 RNA 干扰导致基因沉默而荣获 2006 年度的诺贝尔生理学或医学奖。早在 3 年前, 湖南师范大学生命科学学院的王身立教授就曾预测“RNA 干扰的发现者有可能获诺贝尔奖”(详见《生命科学研究》第 7 卷第 3 期第 202 页), 这是王身立教授第 6 次成功预测诺贝尔奖。

王身立教授所预测成功的 6 次诺贝尔奖列表如下:

预测年份	发表的书刊或学术会议	获奖者	获奖年份	获奖成果
1982	自然杂志 5(9):648	B. McClintock	1983, 生理学与医学奖	转座子
1984	自然杂志 7(5):328	G. Kohler 等	1984, 生理学与医学奖	单克隆抗体
1988	自然杂志 11(5):326	J. M. Bishop 等	1989, 生理学与医学奖	癌基因
1992	生命科学探索. 湖南教育出版社, 第 111 页	K. B. Mullis	1993, 生理学与医学奖	PCR 技术
1995	湖南省遗传学会学术年会 (1995 年 1 月)	R. F. Furchgott 等	1998, 生理学与医学奖	NO 作为信号分子
2003	生命科学研究, 7(3):202	Fire 等	2006, 生理学与医学奖	RNA 干扰

此外, 王身立教授预测可能获诺贝尔奖的项目还有抗癌基因, PI 系激素, 调钙素等。