

## 第一届中国系统科学大会 会前专题讲座：系统生物学专题

**报告人：陈洛南 研究员**

**报告题目：复杂疾病的临界理论--基于动态网络标志物的“未病”检测方法**

**报告时间：2017年5月12日(周五)下午 14:00-15:00**

**报告地点：北京师范大学图书馆三层学术报告厅**

**摘要：** 众多的证据表明，许多复杂生物过程存在一种普遍临界现象，即由一个相对稳定状态，经过一个临界点后在很短的时间内快速地进入另一个稳定状态。如许多复杂疾病的恶性转化就是这样的一种普遍现象，即病情在很短的时间内从正常状态（包括健康状态、相对稳定状态或疾病的缓慢变化状态），经过一个临界点或关键节点快速进入疾病状态（包括疾病恶化状态）。为了探测这种突变现象及其关键因子，我们提出了动态网络标志物（dynamical network biomarker, DNB），即利用高通量生物数据的动态性质来预测复杂疾病或复杂生物过程临界突变现象及其关键因子的概念和理论。不同于传统的、主要用于检测疾病状态的分子生物标志物，DNB是一种全新的、用于探测疾病突变前临界信号的生物标志物，即检测“前疾病状态”或“未病”状态而不是“疾病状态”或“疾病早期状态”。DNB具有诸多的优点特征：首先，不需要建立任何模型，是一个 model-free 的方法；第二，DNB可以在小样本条件下获得疾病突变前的预警信号；第三，DNB是突破稳定状态首先进入疾病状态的主导分子群或生物分子的子网络，即为疾病的主导分子群或关键网络而不是疾病所影响的分子群，因此具有非常重要的生物学意义。我们进一步成功地应用 DNB 到肺损伤及癌症的前疾病状态或“未病”状态和关键因子群的检测。



陈洛南，中国科学院上海生命科学研究院研究员，中国科学院系统生物学重点实验室执行主任。研究方向包括网络系统生物学、生物信息学、计算系统生物学等，主要采用系统工程、动力学分析、优化和数学建模的方式，结合生物信息学和现代生命科学实验，以生物复杂网络和动态行为为主线来研究生命系统。目前，在计算系统生物学领域的主要国际学术期刊都担任重要工作，近年来，在系统生物学研究领域出版编著和专著 10 余部，发表了 SCI 期刊论文 270 余篇。

详见：<http://www.sysbio.ac.cn/cb/chenlab/LuonanChen.htm>