

发现新基因的高效方法——cDNA文库的复性式均一化技术 An Efficient Approach to Gene Discovery-Normalization of cDNA Library by Reassociation

王强, 刘秋云, 李宝健 WANG Qiang, LIU Qiu-yun, LI Bao-jia

中山大学生物工程研究中心和基因工程教育部重点实验室, 广州 510275 Bioengineering & Research Center and the Key Laboratory of Gene Engineering of Ministry of Education, Zhongshan University, Guangzhou 510275, China

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 由复性式均一化技术制作的均一化cDNA文库 (equalized cDNA library, normalized cDNA library) 是近年来发展起来的一种获得EST、发现新基因的高效平台。本文就该技术的原理、方法比较、存在问题和展望进行了阐述。

Abstract: The cDNA library normalized by reassociation is a newly-developed, effective platform for EST acquisition and gene discovery. This paper presents the principle, procedure, comparison, deficiencies, application and future of the technique of the normalization.

关键词 [cDNA文库](#) [均一化](#) [复性](#) **Key words** [cDNA library](#) [normalization](#) [reassociation](#)

分类号

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(0KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“cDNA文库” 的相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

- [王强](#)
- [刘秋云](#)
- [李宝健WANG Qiang](#)
- [LIU Qiu-yun](#)
- [LI Bao-jia](#)

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者