

一种新的DNA 片段扩增法— 聚合酶链式反应法

胡交宇, 杜若甫

中国科学院遗传研究所, 北京

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 随着分子生物学的发展,对特定核若酸片段进行分离、纯化及扩增已成为基因分子生物学研究的中心问题。自从1973年Southern转移技术建立以来,这一领域已经取得很大进展。但已建立的方法在特异性和灵敏度等方面尚未达到令人满意的水平:同时操作复杂,这已成为提高研究速度的主要限制因素。用常规方法对特定DNA片段进行分离,提纯和扩增,不仅费时费力,并且对微量样品中的单拷贝片段的分离和扩增尤其显得困难。由Mullis等[1]建立的聚合酶链式反应法(polymerase chain reaction,简称PCR)有效地解决了这一问题。运用PCR技术可以使1微微克样品DNA中存在的仅有一个拷贝的特定核若酸片段得到大量扩增。与常规方法相比,运用PCR技术可大大地缩短操作时间及减小劳动强度,因为不再需要次级克隆及分离、纯化等繁杂的步骤,而只要合成两个起始引物,将基因组DNA与这两个引物及DNA聚合酶等所组成的反应体系在三个不同温度的水浴中机械地操作之后,就可得到两个引物5'末端之间的大量的DNA片段。并且不需要进一步纯化,其纯度就足以满足有关核苷酸片段的分析研究。现在国外一些公司已推出一种装置,可使PCR反应完全自动地进行。从PCR技术的出现(Mullis[1], Saiki[2], Saiki[3])到现在只一年多的时间,但这技术已广泛地应用于分子生物学研究的各个方面。可以预期,PCR技术将极大地促进基因分子生物学的研究。

关键词

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 无 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
 - [胡交宇](#)
 - [杜若甫](#)

Abstract

Key words

DOI:

通讯作者