

## 真核生物转座子鉴定和分类计算方法

许红恩<sup>1</sup>, 张化浩<sup>1</sup>, 韩民锦<sup>1</sup>, 沈以红<sup>1</sup>, 黄先智<sup>1</sup>, 向仲怀<sup>1</sup>, 张泽<sup>1,2</sup>

1. 西南大学蚕学与系统生物学研究所, 重庆 400715 2. 重庆大学农学及生命科学研究院, 重庆 400044

Computational approaches for identification and classification of transposable elements in eukaryotic genomes

XU Hong-En<sup>1</sup>, ZHANG Hua-Hao<sup>1</sup>, HAN Min-Jin<sup>1</sup>, SHEN Yi-Hong<sup>1</sup>, HUANG Xian-Zhi<sup>1</sup>, XIANG Zhong-Huai<sup>1</sup>, ZHANG Ze<sup>1, 2</sup>

1. *The Institute of Sericulture and Systems Biology, Southwest University, Chongqing 400715, China* 2. *The Institute of Agricultural and Life Sciences, Chongqing University, Chongqing 400044, China*

摘要

图/表

参考文献

相关文章 (15)

综合新闻 学术会议 遗传咨询 网络资源 学术讨论 科普之窗 新书咨询  
科研院所 国内实验室 国外实验室 科学基金 学术团体 生命科学期刊 高新企业  
成果展示 生物学家 遗传学史 招生信息 招聘信息 人才推荐 学风建设

© 中国遗传学会 中国科学院遗传与发育生物学研究所 欢迎阅读及检索本刊 引用时请注明出处