

# 3个地区西施舌的 ITS-1 基因片段序列分析

林 昕<sup>1</sup>, 梁君荣<sup>1\*</sup>, 高亚辉, 王 鹏<sup>1</sup>, 杜 琦<sup>2</sup>, 李振华<sup>1</sup>

( 1.厦门大学 生命科学学院, 中国福建 厦门 361005; 2.福建省水产研究所, 中国福建 厦门 361012)

**摘 要:** 首次检测了西施舌的 ITS-1 基因序列片段. 并利用 ITS-1 序列作为遗传标记分析了来自 3 个不同地区(江苏、福建长乐、福建深沪湾)的西施舌的遗传变异情况. 地理位置较近的福建长乐和福建深沪湾的西施舌遗传距离较小, 江苏和福建(长乐漳港和深沪)西施舌的遗传距离较大. 基于 ITS-1 序列分析, 作为品质突出的福建长乐西施舌和其他地区的西施舌相比, 并未形成一个区别于其他地区西施舌的一个独特的种. 还基于 ITS-1 序列分析了西施舌在蛤蜊科和双壳贝类中的分子系统进化地位.

**关键词:** 西施舌; ITS-1 序列; 基因差异; 分子系统进化

中图分类号: Q173

文献标识码: A

文章编号: 1007-7847(2008)01-0014-06

## The Analysis of ITS-1 Sequence of *Coelomactra antiquata* from the Three Locations in China

LIN Xin<sup>1</sup>, LIANG Jun-rong<sup>1\*</sup>, GAO Ya-hui<sup>1</sup>, WANG Peng<sup>1</sup>, DU Qi<sup>2</sup>, LI Zhen-hua<sup>1</sup>

( 1. Xiamen University School of Life Sciences, Xiamen 361005, Fujian, China;

2. Fujian Fishery Research Institution, Xiamen 361012, Fujian, China)

**Abstract:** *Coelomactra antiquata* is an important economic seashell in China and the *Coelomactra antiquata* from Changle, Fujian province is especially famous. It is the first time to report the ITS-1 sequence of *Coelomactra antiquata* ( Lamillibranchia, Bivalvia, Veneriodes, Mactridae, Coelomactra) . The genetic diversity of *Coelomactra antiquata* from three sea areas which locate at Jiangsu province, Changle, Fujian province, Shenhu, Fujian province are analyzed based on the ITS-1 sequence as the gene maker. The genetic distance of *Coelomactra antiquata* from Shenhu and Changle is relatively near; the genetic distance from Jiangsu and Shenhu and from Jiangsu and Changle are relatively far. The *Coelomactra antiquata* from Changle with the highest quality is different in morphology compared with which from other areas. Based on the Phylogenetic and sequence analysis, the genetic diversity between the *Coelomactra antiquata* from Changle and other areas is not distinct. And phylogenetic analysis of *Coelomactra antiquata* in Mactridae and Bivalvia are also conducted.

**Key words:** *Coelomactra antiquata*; ITS-1 sequence; genetic differences; phylogenetics

( Life Science Research, 2008, 12( 1) : 014 -019)

西施舌 *Coelomactra antiquata* 属于软体动物门, 瓣鳃纲( Lamillibranchia), 异齿亚纲( Bivalvia), 帘蛤目( Veneriodes), 蛤蜊科( Mactridae), 腔蛤蜊属

( *Coelomactra*) . 西施舌是一种经济价值较高的名贵海产品, 个体较大, 肉质细嫩, 滋味鲜美, 营养丰富, 分布于太平洋西部、印度支那半岛、日本和中

收稿日期: 2007-10-19; 修回日期: 2008-01-16

基金项目: 福建省地质调查研究院委托项目( K3106)

作者简介: 林昕( 1983), 女, 湖南株洲人, 厦门大学硕士研究生, 主要从事海洋生物分子生物学研究, Tel: 0592-2184830, E-mail: 23swlx@xmu.edu.cn;

梁君荣( 1975-), 女, 福建长汀人, 厦门大学副教授, 通讯作者, 主要从事海洋生物分子生物学方面的研究, Tel: 0592-2181386, E-mail:

sunljr@xmu.edu.cn

国沿海. 在我国的河北、辽宁、山东、江苏、浙江、福建、广东、海南、台湾等省区沿海均有分布. 福建、广东等地有较多资源, 其中福建省闽江口长乐梅花穿山行以南至文武沙一带, 资源量最大, 而且品质出色, 个体较其他地区出产的大, 味道更鲜美为国宴上品, 扬名海内外. 关于西施舌的研究国外尚无相关报道, 我国对西施舌的研究主要集中在西施舌繁殖生物学<sup>[1]</sup>、西施舌资源分布<sup>[2]</sup>等方面, 但是对于西施舌分子生物学和遗传学方面的研究较少, 仅有利用 RAPD 技术对西施舌的群体遗传多样性进行研究<sup>[3]</sup>的报道. 利用分子遗传标记研究西施舌的种群情况尚无报道. 福建长乐西施舌优于其他地区西施舌的出色品质一直都是研究的热门, 弄清楚福建长乐出产的西施舌是否是不同于其他地区西施舌的种或者亚种, 可以为西施舌优良养殖奠定良好的基础.

ITS-1 序列位于核糖体 RNA 基因 18S 与 5.8S 之间, 为非转录间隔子, 所受到的选择压力较小, 进化速率较快, 具有高度的变异性<sup>[4]</sup>. 因此许多研究表明 ITS-1 序列是研究无脊椎动物种间和种内分子进化、系统发育以及种群遗传多样性分析的最有用的基因之一<sup>[5]</sup>. 本文扩增了来自 3 个地区 (江苏、福建长乐漳港、福建深沪湾) 西施舌的 ITS-1 基因片段, 基于 ITS-1 序列分析 3 个地区西施舌遗传差异性, 阐明了福建长乐出产的西施舌是否为不同于其他地区的种或亚种; 分析了该序列的核苷酸组成及其西施舌的分子进化地位, 为西施舌的群体遗传多样性研究积累了分子生物学资料.

## 1 材料和方法

### 1.1 西施舌样品的采集

福建长乐漳港、福建深沪湾的 2 份西施舌样品 代码分别为: C、S, 从自然海区直接采集, 江苏的西施舌样品从市场购买 (代码为: J). 采集的西施舌进行活体解剖, 取斧足肌肉组织约 0.1 g, 用无水乙醇固定, 置于 -20 °C 冰箱中保存, 以备基因组 DNA 提取.

### 1.2 DNA 提取和 PCR 扩增

基因组 DNA 提取: 用解剖刀切碎干燥后的海蚌肌肉组织, 在研钵中研至粉末状, 加 560  $\mu\text{L}$  抽提 Buffer (1 mol/L Tris-HCl, 0.5 mol/L EDTA, 0.1 mol/L NaCl) 转移至 2 mL 离心管中, 再加入 30  $\mu\text{L}$  10% SDS 和 10  $\mu\text{L}$  蛋白酶 K; 65 °C 消化 3 h

至组织块完全消化, 至透明; 用酚: 氯仿: 异戊醇 (24:25:1) 抽提液抽提两次至无蛋白层; 取上清液, 用两倍体积的 -20 °C 无水乙醇沉淀 12 h 以上; 75% 乙醇洗涤两次; 室温干燥; 50  $\mu\text{L}$  TE 溶解.

PCR 扩增: ITS1 PCR 扩增正向引物序列<sup>[4]</sup>为 5'-CAC ACC GCC CGT CGC TAC TAT GA-3'; 反向引物序列为: 5'-ATT TAG CTG CGG TCT TCA TC-3' (参照 K. H. chu, 2001<sup>[6]</sup>, Invitrogen 公司合成). PCR 反应体系 50  $\mu\text{L}$ , 包括: 36.1  $\mu\text{L}$  dd H<sub>2</sub>O, 5  $\mu\text{L}$  10 $\times$ buffer (Mg<sup>2+</sup> free), 2.5  $\mu\text{L}$  Mg<sup>2+</sup> (25 mmol/L), 4  $\mu\text{L}$  dNTPs (2.5 mmol/L), 正反向引物各 0.5  $\mu\text{L}$ , 模板 DNA 1  $\mu\text{L}$ , Taq 酶 0.4  $\mu\text{L}$ . PCR 反应条件: 94 °C 预变性 90 s; 随后的 35 个循环 94 °C 变性 20 s, 56.8 °C 复性 30 s, 72 °C 延伸 30 s; 最后 72 °C 延伸 5 min (PCR 反应所用试剂购自 TAKARA 公司). 反应结束后, 取 5  $\mu\text{L}$  PCR 产物通过 1% 琼脂凝胶电泳进行检测.

### 1.3 PCR 产物的分离纯化与克隆测序

PCR 扩增产物用胶回收试剂盒 (华舜生物) 回收纯化. 将回收产物与 PMD18-T 载体 (TaKaRa) 连接, 转化感受态细胞 E.coli DH5, 克隆获得海蚌的 ITS-1 片段. 用 ABI 测序仪测序 (Invitrogen).

## 2 结果

### 2.1 不同地区西施舌的序列差异分析

通过 PCR 扩增, 采用 Chromas version 2.22 软件从序列峰图中提取核苷酸序列, ClustalX (Thompson et al., 1997) 软件进行多序列比对分析 (multiple alignment). 江苏西施舌的 ITS1 的序列长度为 963 bp (GenBank 登录号为 EU195802), 福建深沪湾和福建长乐漳港的西施舌 (GenBank 登录号分别为 EU195803、EU195801) 的 ITS1 序列的长度分别为 959 bp 和 955 bp. 不同西施舌之间的各种碱基比例, 即腺嘌呤 (A)、胸腺嘧啶 (T)、鸟嘌呤 (G) 和胞嘧啶 (C) 的含量百分比见表 1. 序列分析结果表明, 这 3 个西施舌个体之间没有较大的遗传差异, 三者之间共计 37 个变异位点. 其中, 长乐漳港西施舌 (C) 和深沪湾西施舌 (S) 的遗传差异和遗传距离小, 江苏西施舌 (J) 和来自其他两个地区的西施舌遗传差异和遗传距离较大 (见表 2). 两两之间为遗传相似度为 97.05%~99.20% (见表 3).

表 1 3 个西施舌样品 ITS1-1 序列的各个碱基的百分比

Table 1 Base composition variation of ITS-1 sequence of *Coelomactra antiquata* from three different locations

	T	C	A	G
C	21.7	27.7	19.2	31.5
J	21.7	27.3	20.4	30.6
S	21.7	27.7	19.2	31.5

表 2 基于 ITS1-1 序列 3 个西施舌样品遗传距离

Table 2 The genetic distance between the *Coelomactra antiquata* from three locations

	C	J	S	<i>Mactra chinensis</i>
C	0.036			
J	0.008	0.038		
S	0.550	0.568	0.559	
<i>Mactrachinensis</i>				

表 3 3 个西施舌样品之间的遗传差异度和相似度

Table 3 Percentage of sequence identity and genetic distances between the from three different locations /%

	C	J	S
C		97.05	99.2
J	2.95		97.05
S	0.80	2.95	

注: 对角线上为相似度, 对角线为为差异度.

Notes: the right matrix shows the percentages of identity; the left matrix shows the genetic differences.

采用 MEGA4.0 软件, 以 *Mactra chinensis* (中国蛤蜊) 为外类群, 基于 ITS-1 序列分别构建了来自 3 个地区西施舌 NJ 分子系统树、ME 分子系统进化树、MP 分子进化树、UPGMA 分子进化树 (见图 1~4), 重复 1 000 次计算自引导值 (bootstrap value). 以上进化树一致表明: 长乐漳港西施舌 (C) 和深沪湾西施舌 (S) 在所做的 4 种进化树中均形成一支, 江苏西施舌另外形成独立的一支.

系统进化树一致表明长乐漳港西施舌 (C) 和深沪湾西施舌 (S) 遗传距离较近, 江苏西施舌与福建长乐及深沪的西施舌遗传距离较远, 这也和地理位置的距离远近相一致, 即来自福建省内地理距离较近的长乐和深沪的西施舌的遗传距离较小, 来自福建省 (长乐和深沪) 和来自江苏的西施舌间的遗传距离较大.

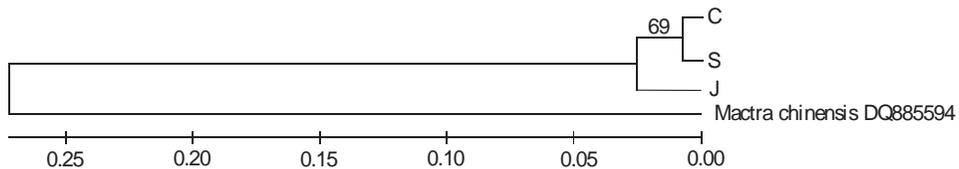


图 1 基于 ITS-1 序列来自 3 个地区西施舌的邻位相连法 (NJ) 分子系统进化树 *Mactra chinensis* (中国蛤蜊) 为外群, 各分支的数据为 1 000 次 bootstrap 检验后的置信度值.

Fig.1 The molecular phylogenetic tree of *Coelomactra antiquata* from three different locations based on ITS-1 sequences using NJ method

Bootstrap support was calculated using 1 000 replicates and *Mactra chinensis* has been designated as outgroup.

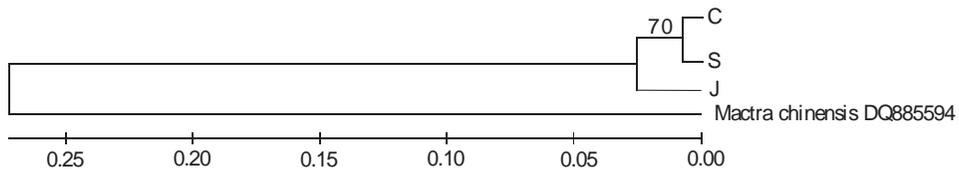


图 2 基于 ITS-1 序列来自 3 个地区西施舌的最小进化法 (ME) 分子系统进化树 *Mactra chinensis* (中国蛤蜊) 为外群, 各分支的数据为 1 000 次 bootstrap 检验后的置信度值.

Fig.2 The molecular phylogenetic tree of *Coelomactra antiquata* from three different locations based on ITS-1 sequences using ME method

Bootstrap support was calculated using 1 000 replicates and *Mactra chinensis* has been designated as outgroup.

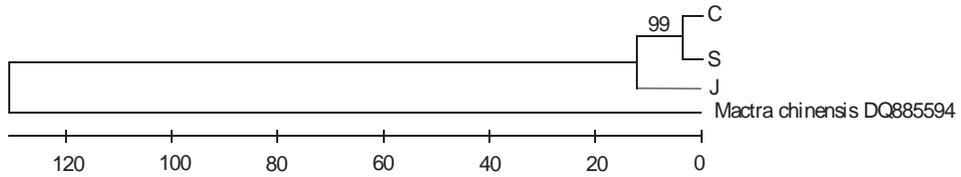


图 3 基于 ITS 序列来自 3 个地区西施舌 MP 分子系统进化树

Mactra chinensis(中国蛤蜊)为外群,各分支的数据为 1 000 次 bootstrap 检验后的置信度值.

Fig.3 The molecular phylogenetic tree of *Coelomacra antiquata* from three different locations based on ITS-1 sequences using MP method

Bootstrap support was calculated using 1 000 replicates and *Mactra chinensis* has been designated as outgroup.

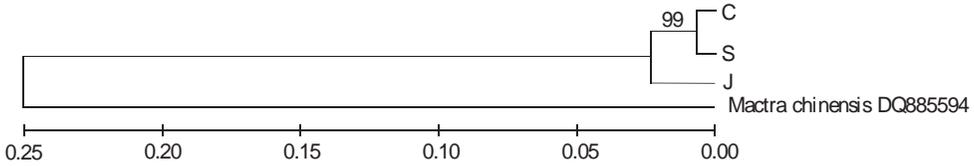


图 4 基于 ITS-1 来自 3 个地区西施舌 UPGMA 分子进化树

Mactra chinensis(中国蛤蜊)为外群,各分支的数据为 1 000 次 bootstrap 检验后的置信度值.

Fig.4 The molecular phylogenetic tree of *Coelomacra antiquata* from three different locations based on ITS-1 sequences using UPGMA method

Bootstrap support was calculated using 1 000 replicates and *Mactra chinensis* has been designated as outgroup.

### 2.2 西施舌的 ITS-1 序列与其他双壳贝类的比较

从 GenBank 上下载了 7 种软体动物门的 ITS-1 序列, 包括双壳纲帘蛤目的贝类 5 种 (*Mactra veneriformis*, *Mactra chinensis*, *Calyptogena kawamurai*, *Calyptogena solidissima*, *Calyptogena nankaiensis*), 双壳纲蚌目的贝类 2 种 (*Fusconaia cerina*, *Fusconaia flava*). 采用 MEGA4.0 软件, 获得基于 ITS-1 序列西施舌 C) 和 7 种双壳贝类的邻位相连法 (NJ) 分子系统进化树, 并分析了这西施舌和这 7 种双壳贝类的遗传距离.

在系统进化树上中, 同为帘蛤目蛤蜊科的 *Mactra veneriformis*(四角蛤蜊)、*Mactra chinensis* (中国蛤蜊) 和 *Coelomacra antiquata* (西施舌) 聚为一

支, 然后再和同为帘蛤目的 *Calyptogena kawamurai*、*Calyptogena solidissima*、*Calyptogena nankaiensis* 聚为一支. 另外 2 种蚌目贝类 *Fusconaia cerina* 和 *Fusconaia flava* 单独聚成一支, 和西施舌距离较远.

西施舌和同为蛤蜊科的 *Mactra veneriformis* (四角蛤蜊)、*Mactra chinensis* (中国蛤蜊) 的遗传距离最近; 与蚌目的 *Fusconaia cerina* 和 *Fusconaia flava* 的遗传距离最远; 与帘蛤目的 *Calyptogena kawamurai*、*Calyptogena solidissima*、*Calyptogena nankaiensis* 的遗传距离介于两者之间 (见表 4).

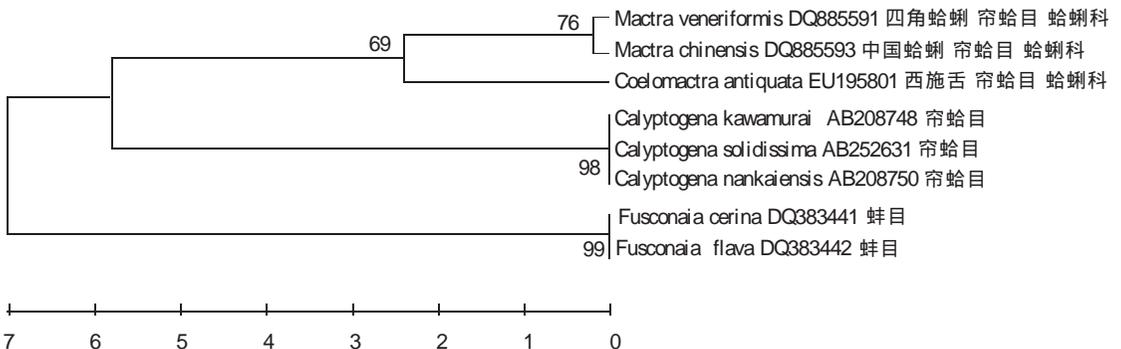


图 5 基于 ITS-1 序列西施舌和 7 种双壳贝类 NJ 分子系统进化树

各分支的数据为 1 000 次 bootstrap 检验后的置信度值.

Fig.5 The phylogenetic tree of *Coelomacra antiquata* and seven seashell base on the ITS-1 sequence using NJ method

Bootstrap support was calculated using 1 000 replicates.

表 4 基于 ITS-1 序列西施舌和 7 种双壳贝类的遗传距离  
Table 4 The genetic distance between the *Coelomacra antiquata* and seven seashell speices

	1	2	3	4	5	6	7	8
1.DQ885591 <i>Macra veneriformis</i>								
2.DQ885593 <i>Macra chinensis</i>	0.154							
3. <i>Coelomacra antiquata</i>	3.147	3.429						
4. <i>Fusconaia cerina</i> DQ383441	10.273	10.522	11.945					
5. <i>Fusconaia flava</i> DQ383442	10.273	10.522	11.945	0.000				
6. <i>Calyptogena kawamura</i> AB298748	12.095	11.918	11.852	17.427	17.427			
7. <i>Calyptogena solidissima</i> AB252631	12.115	11.937	11.871	17.427	17.427			
8. <i>Calyptogena nankaiensis</i> AB208750	12.125	11.946	11.767	17.901	17.901	0.011	0.009	

### 3 讨论

#### 3.1 福建长乐西施舌与其他地区西施舌的差异

ITS-1 序列为非转录间隔子, 受到的选择压力较小, 进化速率较快, 信息含量丰富. 同时 ITS-1 序列具有种内变异小而种间变异大的特性, 是种类鉴定和系统发育分析的重要分子标记<sup>[7]</sup>. 目前利用 ITS-1 序列分析技术进行分子鉴定和种群遗传多样性的研究已有不少报道, 如 King 等用 ITS 序列对淡水贝类 *Lasmigona subviridis* 进行了地理系统学研究<sup>[8]</sup>.

福建长乐漳港西施舌与深沪湾海蚌、江苏西施舌在外形上差别不大, 但是长乐漳港西施舌的生长速度快、肉质脆、味道鲜美, 在市场上长乐漳港西施舌的价格是江苏西施舌的 5 倍以上. 本研究的结果表明, 3 个地区西施舌的 ITS-1 序列之间的遗传差异性不大, 特别是来自深沪和长乐的西施舌, 它们之间的遗传差异更小. 江苏西施舌较来自福建长乐和福建深沪的西施舌遗传差异性较大, 表明地理距离的远近和遗传差异的大小相一致. 福建长乐西施舌具有独特的品质, 但是本研究的结果表明, 福建长乐西施舌并未形成一个区别于其他地区西施舌的一个独特的种, 其独特的品质可能与其栖息地生态环境等相关, 关于长乐海蚌的优良品质还需要进一步的研究.

#### 3.2 ITS-1 序列在双壳贝类系统发育中的应用

利用 ITS-1 序列分析技术进行亲缘关系较近的物种的分类和系统进化分析已有不少研究报道. 程汉良<sup>[9]</sup>等利用 ITS 序列对帘蛤科贝类进行系统进化研究, 表明 ITS 序列可作为良好的遗传标记; 喻达辉<sup>[7]</sup>等利用 ITS 序列对珠母贝属的物种进行了系统进化分析, 证明 ITS 序列是珠母贝属的良好标记.

本研究首次用 PCR 扩增、克隆、测序及生物

信息技术对西施舌的 ITS1 序列进行了研究, 并结合 Genbank 数据库中其他双壳贝类的 ITS1 序列数据分析了西施舌的分子进化地位. 本研究中基于 ITS-1 序列的系统发育分析表明, 四角蛤蜊和中国蛤蜊首先聚为一支, 而后与西施舌聚为一支, 再与蛤蜊科的浪蛤聚为一支. 这说明蛤蜊科内中国蛤蜊和四角蛤蜊的亲缘关系较近, 西施舌与上述贝类的亲缘关系较远, 此结果和孟学平<sup>[10]</sup>等利用 16S 和 ITS2 序列对蛤蜊科中国蛤蜊、四角蛤蜊和西施舌的遗传进化关系研究所得的结果一致. 这也证明了 ITS-1 序列可作为蛤蜊科的良好分子标记.

在孟学平<sup>[10]</sup>等人的研究中, 根据 16S 序列所作的系统进化树, 同属帘蛤目的 *Corbicula* sp( 蚬科) 与 *Astarteborealis* (北方爱神蛤科) 首先聚为一支, 而后与蚬科的 *Corbicula luminea* 聚合在一起, 这与传统的形态分类出现了一定偏差. 根据 ITS-1 序列所作的系统进化树中, 帘蛤目和蚌目的双壳类贝类能很好的区分, 这和传统形态学的分类中确定的亲缘关系一致. 这说明 ITS-1 序列在双壳纲的分子系统进化研究中能起着重要的参考作用, 以 ITS-1 序列作为分子标记可能比以 16S 序列更为可靠. 进一步的研究仍需结合 16S 和 COI 序列分析做更深的研究.

#### 3.3 西施舌分子生物学研究展望

西施舌作为一种名贵的贝类, 其研究主要集中在西施舌养殖和繁殖生物学上. 但是要保持西施舌良好的种质资源, 特别是要保持象福建长乐西施舌这样有着明显种质优势的物种, 分子生物学对其遗传结构和遗传多样性的研究将会起着非常重要的作用.

目前, 国外关于西施舌分子遗传标记的研究尚未见报道, 国内的报道中西施舌遗传多样性研究中, 只见利用 RAPD 对西施舌进行种群遗传多

多样性研究, 但是未见利用分子标记对不同地区西施舌遗传差异的研究. 分子标记技术相对于 RAPD 技术有明显优势, 登录 GenBank 的分子标记序列数据便于后续序列数据的比较, 有利于研究的延续性.

在以后的研究中, 利用更多的分子标记对我国西施舌的种群遗传情况进行调查是十分必要的. 这将有利于西施舌优良品种的繁殖, 西施舌自然资源的保护和避免西施舌养殖中的盲目引种.

#### 参考文献(References):

- [1] 吴进锋, 陈利雄, 陈素文. 西施舌增养殖的研究现状与展望[J]. 大连水产学院学报 WU Jin-feng, CHEN Li-xiong, CHEN Su-wen. Current status, and prospects for culture and proliferation of *Coelomacra antiquate* in China[J]. Journal of Dalian Fisheries University, 2005, 20(2): 137-141.
- [2] 吴进锋, 张汉华, 梁超愉, 等. 广东沿海西施舌资源及增殖保护对策[J]. 湛江海洋大学学报 WU Jin-feng, ZHANG Han-hua, LIANG Chao-yu, et al. The resource of *Coelomacra antiquate* in guangdong coast and its protective measures[J]. Journal of Zhanjiang Ocean University, 2002, 22(3): 68-69.
- [3] 尤仲杰, 包永波, 张爱菊. 中国沿海西施舌 5 个自然群体形态差异和 RAPD 分析 [J]. 海洋学报 (LONG Zhong-jie, BAO Yong-bo, Zhang Ai-ju. Morphological and RAPD variation among five populations of *Coelomacra antiquate*[J]. Acta Oceanologica Sinica), 2007, 29(3): 98-104.
- [4] HILLIS D M, DIXON M T. Ribosomal DNA: molecular evolution and phylogenetic inference[J]. Quarterly Review of Biology, 1991, 66: 411-453.
- [5] 周伯平, 周开亚, 宋大祥. 核 rDNA ITS 区序列在无脊椎动物分子系统学研究中的应用[J]. 动物学杂志 ZHOU Bo-ping, ZHOU Kai-ya, SONG Da-xiang. Application of sequences of nrDNA ITS to molecular systematics of invertebrates [J]. Chinese Journal of Zoology, 2002, 37(4): 67-73.
- [6] CHU K H, LI C P, HO H Y. The first internal transcribed spacer (ITS-1) of ribosomal DNA as a molecular maker for phylogenetic and population analyses in Crustacea[J]. Marine Biotechnology, 2001, (3): 355-361.
- [7] 喻达辉, 朱嘉濠. 珠母贝属的系统发育: 核 rDNA ITS 序列证据[J]. 生物多样性 YU Da-hui, ZHU Jia-hao. Phylogenetics of the common pearl oysters in the genus *Pinctada*: evidence from nrDNA ITS sequence[J]. Chinese Diversity, 2005, 13(4): 315-323.
- [8] KING T L, EACKLES M S, VAJ B, et al. Intraspecific phylogeography of *Lasmigona subviridis* (Bivalvia: Unionidae): conservation implications of ranged is continuity[J]. Mol Ecol, 1999, 8(12): 65-78.
- [9] CHENG Han-liang, XIA De-quan, WU Ting-ting, et al. Study on sequences of ribosomal DNA internal transcribed spacers of clams belonging to the Veneridae family (Mollusca: Bivalvia) [J]. Acta Genetica Sinica, 2006, 33(8): 702-710.
- [10] 孟学平, 高如承, 董志国, 等. 蛤蜊科 3 种贝类 16S rRNA 基因片段及 ITS2 核苷酸序列分析[J]. 湛江海洋大学学报 MENG Xue-ping, GAO Ru-cheng, DONG Zhi-guo, et al. Sequence analysis on mitochondrial 16S rRNA gene fragments and ITS2 loci in three species of Mactradae (mollusca: bivalvia) [J]. Journal of Zhanjiang Ocean University, 2006, 26(4): 8-13.

· 简 讯 ·

## 《生命科学研究》2008 年征稿启事

《生命科学研究》是由中华人民共和国新闻出版署、科技部批准创办的, 国内外公开发行的反映生命科学领域中最新研究成果的综合性学术期刊. 本刊是被中国科学引文数据库 (CSCD) 核心库及中国科技论文统计源期刊数据库全文收录的中国科技核心期刊, 国内公开刊号为 CN43-1266/Q, 国际标准刊号为 ISSN1007-7847, CODEN: SKYAFL, 国内邮发代号: 42-172, 国外发行代号: DK43008. 本刊主要刊登国内外生命科学领域中的具有创造性的学术论文及少量反映国内外重大进展或热点问题的快讯或综述性文章, 覆盖的主要学科是: 生物化学与分子生物学、发育生物学、细胞生物学、生物技术、遗传学、植物学、动物学、微生物学、解剖学、生理学、基因工程、农业工程、病理学、毒理学、药理学、免疫学、基础医学等等. 开设“研究进展与综述”、“研究论文”等栏目. 本刊诚邀反映国内外生命科学相关领域最新研究成果的中英文论文, 国家自然科学基金等国家级科研课题资助论文将优先发表.

#### 投稿要求:

1) 文稿内容具有创新性、科学性或实用性. 要求论点明确, 条理清晰, 设计合理, 结果可靠, 文字精炼, 用词规范, 图表清晰. 文稿请用电脑单面打印(自留录入文件), A4 版型纸 5 号字体通栏排版, 用字规范, 计量单位符合国家标准.

2) 请以 word 格式将稿件通过 E-mail 附件的方式发送至本刊编辑部信箱或寄送打印稿. 在来稿的首页, 请写明以下内容: 文章标题、作者单位、作者个人信息(内容包括: 姓名(出生年)、性别、民族、籍贯、职称、学位及研究方向)、作者详细通讯地址、邮编、手机号码、办公电话、传真号码及 E-mail.

3) 单位介绍信, 加盖单位公章, 注明无一稿两投, 所有作者对署名的顺序无异议, 请邮寄至本刊编辑部.

4) 投稿时须向本刊缴纳审稿费 50 元(请通过邮局汇款, 并在留言栏注明第一作者姓名).

#### 来稿请寄:

长沙市湖南师范大学《生命科学研究》编辑部, 邮编: 410081, 投稿 E-mail: life@hunnu.edu.cn; smky6688@yahoo.com.cn; 咨询 E-mail: sky@hunnu.edu.cn; 网址: http://smky.chinajournal.net.cn; 咨询电话: 0731-8872616; 传真: 0731-8872616.

本刊承诺“特快通道”修回稿件 3 个月内出版, 一般稿件修回后 6 个月内出版.

热忱欢迎国内外各大高等院校、科研院所生命科学相关领域的研究人员投稿!