

# 奥利亚罗非鱼 EF-1 基因的克隆与结构分析

唐永凯 李建林 李红霞 陈雪峰 俞菊华 \*

( 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心 农业部水生动物遗传育种和养殖生物学重点开放实验室 无锡 214081;  
南京农业大学 南京 210095)

**摘要:** 真核生物延伸生长因子基因 (*EF-1*) 在蛋白质翻译过程中起着重要的作用,其序列具有高度的保守性,是一种管家基因。本文通过 RT-PCR 克隆出奥利亚罗非鱼 (*Oreochromis aureus*) *EF-1* 的部分 cDNA 序列,其长度为 425 bp,翻译成 141 个氨基酸,计算的蛋白质分子量为 15.1 ku。同源性分析显示,奥利亚罗非鱼 *EF-1* 氨基酸序列与尼罗罗非鱼 (*O. niloticus*) 的相似性最高,为 100%;与青鳉 (*Oryzias latipes*)、欧洲鲈 (*Dicentrarchus labrax*)、斑马鱼 (*Danio rerio*)、鲑鱼 (*Salmo trutta*) 的相似性分别为 92%、91%、85%、82%;与小鼠 (*Mus musculus*)、大鼠 (*Rattus norvegicus*)、人 (*Homo sapiens*)、鸡 (*Gallus gallus*) 的相似性均为 85%。同时克隆出奥利亚罗非鱼 *EF-1* 相应的 DNA 序列,共 506 bp。cDNA 与 DNA 的序列比对显示克隆出的奥利亚罗非鱼 *EF-1* 含有 1 个内含子,这为将来设计 *EF-1* 荧光定量引物以及测定其在不同组织中的表达量变化打下基础。

**关键词:** 奥利亚罗非鱼;克隆;*EF-1*

**中图分类号:** Q751 **文献标识码:** A **文章编号:** 0250-3263(2008)05-07-06

## Cloning and Gene Construction Analysis of *EF-1* in *Oreochromis aureus*

TANG Yong-Kai LI Jian-Lin LI Hong-Xia CHEN Xue-Feng YU Ju-Hua \*

( Key Open Laboratory for Genetic Breeding of Aquatic Animals and Aquaculture Biology Certificated by the Ministry of Agriculture, Freshwater Fisheries Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuxi 214081;  
Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

**Abstract:** Eukaryotic elongation factor 1 (*EF-1*) plays an important role in translation and its sequence is highly conservative as a housekeeping gene. The partial cDNA encoding *EF-1* in *Oreochromis aureus* was isolated using RT-PCR. The cDNA encoding 141 amino acids with a calculated molecular weight of 15.1 ku was 425 bp. The comparison of the deduced amino acid sequence of *O. aureus EF-1* with that of *O. niloticus*, *Oryzias latipes*, *Dicentrarchus labrax*, *Danio rerio* or *Salmo trutta* showed that the homology rates were 100%, 92%, 91%, 85%, and 82%, respectively, while the amino acids homology was 85% when comparing *O. aureus* with *Mus musculus*, *Homo sapiens*, *Gallus gallus*, or *Rattus norvegicus*. The DNA sequence of *O. aureus EF-1* consisting of 506 bp was also cloned. Comparing the partial cDNA to its genomic sequence revealed that *O. aureus EF-1* gene consisted of an intron, which supplied useful information in designing the *EF-1* primer in real time RT-PCR and calculating the *EF-1* expression in different tissues.

**Key words:** *Oreochromis aureus*; Clone; *EF-1*

基金项目 中央级基本科研业务费专项项目 (No. 2007JBF03), 江苏省自然科学基金项目 (No. BK2006029);

\*通讯作者, E-mail: yujh@ffrc.cn;

第一作者介绍 唐永凯,男,助理研究员;研究方向:鱼类遗传育种;E-mail: tangyk@ffrc.cn。

收稿日期:2008-03-13,修回日期:2008-06-24

在 real time RT-PCR 中,目标基因的表达量是通过管家基因的均一化来确定。理想的管家基因应该是它的表达量在不同的组织中恒定,而且在实验的各处理阶段其表达量也不受影响<sup>[1]</sup>。大量的研究表明,目前还没有通用的管家基因符合这一条件,最好的选择就是管家基因表达量在自己所研究的各组织中变化较小<sup>[2-4]</sup>。真核生物延伸因子 EF-1 (elongation factor1) 是一种在细胞内普遍存在且大量表达的多聚核糖体蛋白质,在蛋白质合成过程中起重要作用,其序列具有高度的保守性,具有管家基因的特性<sup>[5,6]</sup>。它与 EF-1 $\beta$  共同组成延伸因子复合物(EF-1 complex),在 GTP 水解释放能量的条件下,EF-1 促进氨酰-tRNA 与核糖体受位的结合,EF-1 $\beta$  则催化 GDP 的磷酸化<sup>[7-9]</sup>。从 GenBank 中可搜索到大量物种的 EF-1 基因序列,但还没有奥利亚罗非鱼 (*Oreochromis aureus*) EF-1 基因序列的报道。本文通过克隆奥利亚罗非鱼 EF-1 基因的 cDNA 和 DNA 序列,分析其基因结构,找出内含子,为将来设计 EF-1 的荧光定量引物以及测定其在不同组织中的表达量变化打下基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

1.1.1 实验鱼 奥利亚罗非鱼取自中国水产科学研究院淡水渔业研究中心实验场。

1.1.2 试剂 Trizol Reagent 购自 Promega; AMV、Taq 酶、胶回收试剂盒、pUCm-T 载体、连接酶等购自宝生物工程(大连)有限公司,大肠杆菌 JM109 为本实验室保存。

1.1.3 仪器 PCR 仪为 Eppendorf Mastercycler Personal。

1.1.4 引物 根据尼罗罗非鱼 (*O. niloticus*, AB075952)、鲑鱼 (*Salmo trutta*, AF321836) EF-1 的 cDNA 序列以及斑马鱼 (*Danio rerio*, AB020734) EF-1 的 DNA 序列设计能扩增出内含子的一对引物,其序列为 P<sub>1</sub>: 5'-GTC GGT CGT GGT GAG ACT GGT ATC CT-3'; P<sub>2</sub>: 5'-ATC AGT TTGACA ATG GCG GCA TCT-3'。引物由上海捷

瑞生物工程有限公司合成。

### 1.2 方法

1.2.1 总 RNA 的抽提 取奥利亚罗非鱼成鱼肌肉,用 Trizol 裂解法抽提总 RNA,用变性琼脂糖凝胶电泳,溴化乙啶染色显示 28S 和 18S,检测 RNA 的完整性。

1.2.2 部分 cDNA 序列的分离 取 5  $\mu$ g 从肌肉中抽提的总 RNA,以 OligodT-AP [5'-CTG ATC TAG AGG TAC CGG ATC C(T)<sub>16-3</sub>] 为引物,根据 AMV 使用说明进行 RT 反应,然后用 10% 的 RT 液,使用引物 P<sub>1</sub> 和 P<sub>2</sub> 扩增 EF-1 400 bp 左右的序列。PCR 反应体系为 25  $\mu$ l,其中含 2.5  $\mu$ l 10 $\times$ buffer, 2  $\mu$ mol/L MgCl<sub>2</sub>, 200  $\mu$ mol/L dNTP, 引物各 0.1  $\mu$ mol/L, 0.125 U Taq 酶, 2  $\mu$ l 模板 (RT 液)。反应条件为 94 $^{\circ}$ C 3 min; 然后 30 循环, 94 $^{\circ}$ C 30 s, 58 $^{\circ}$ C 30 s, 72 $^{\circ}$ C 40 s; 最后 72 $^{\circ}$ C 10 min, 4 $^{\circ}$ C 保存。

1.2.3 部分 DNA 序列的分离 以奥利亚罗非鱼血液 DNA 为模板,以引物 P<sub>1</sub>、P<sub>2</sub> 进行扩增, PCR 反应体系同 1.2.2。

1.2.4 PCR 产物的连接与转化 扩增产物用 1.2% 的琼脂糖凝胶电泳分离,用胶回收试剂盒切胶纯化 PCR 产物,用 pUCm-T 载体连接纯化后的 PCR 产物,连接产物转化到大肠杆菌 JM109 感受态细胞后,涂布于含 IPG 和 X-Gal 的 LB 固体培养基 (AMP<sup>+</sup>)。挑白斑,抽提质粒。经 EcoR 和<sup>[10]</sup>Hind 双酶切鉴定,并以质粒为模板进行 PCR 扩增再鉴定。

1.2.5 测序和序列分析 将含有 EF-1 的阳性质粒送上海捷瑞生物工程有限公司测序。用 Dnastar、Clustalw、Mega 软件分析奥利亚罗非鱼 EF-1 序列。

## 2 结果

2.1 奥利亚罗非鱼 EF-1 的分离 取奥利亚罗非鱼肌肉的 RNA,进行 RT-PCR,用引物 P<sub>1</sub> 和 P<sub>2</sub> 扩增得到 400 bp 左右的条带 (图 1A),经克隆后测序,得到 425 bp 片段。取奥利亚罗非鱼血液 DNA,用引物 P<sub>1</sub> 和 P<sub>2</sub> 扩增得到 506 bp 片

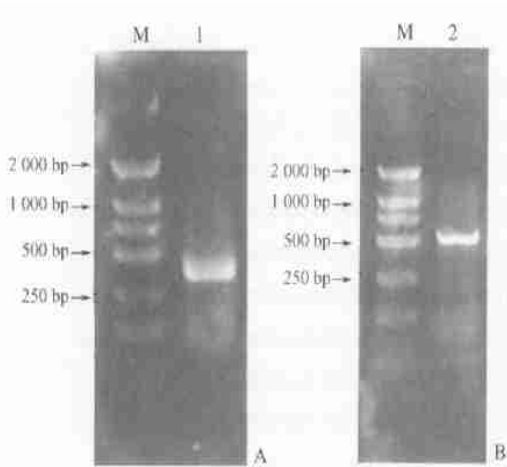


图 1 PCR 扩增产物图

Fig. 1 The results of PCR amplification

M. DL2000 DNA 分子量标准; 1. 以 cDNA 为模板的扩增条带; 2. 以 DNA 为模板的扩增条带。

M. DL2000 Marker; 1. Product of amplification as cDNA template; 2. Product of amplification as DNA template.

```

1 GTC GGT CGT GTT GAG ACT GGT ATC CTG AAG CCC GGT ACC GTC GTC ACC TTC GCC CCT GTC 425
1 V G R V E T G I L K P G T V V T F A P V 20
61 AAC CTG ACC ACT GAG GTG AAG TCC GTG GAG ATG CAC CAC GAG TCT CTG CCT GAG GCC GTG 425
21 N L T T E V K S V E M H H E S L P E A V 40
121 CCC GGT GAC AAC GTT GGC TTC AAC GTC AAG AAC GTC TCC GTC AAG GAA ATC CGT CGT GGA 425
41 P G D N V G F N V K N V S V K E I R R G 60
181 TAC GTT GCT GGC GAC AGC AAG AAC GAC CCA CCC AAG GGT GCT GAG AGC TTC AAC GCT CAG 425
61 Y V A G D S K N D P P K G A E S F N A Q 80
gtgtgctgtcagtagtgtaaaatgcacatccttcctctgttcctctgcaggtggccttacctgtgtctgctgccctgcag
241 GTC ATC ATC CTG AAC CAC CCC GGT CAG ATC GCT GCA GGC TAT GCC CCT GTG CTG GAT TGC 425
81 V I I L N H P G Q I A A G Y A P V L D C 100
301 CAC ACT GCC CAC ATC GCT TGC AAG TTC AGC GAG CTG GTT GAG AAG ATC GAC CGT CGT TCT 425
101 H T A H I A C K F S E L V E K I D R R S 120
361 GGC AAG AAG CTT GAG GAC AGC CCC AAG TTT GTC AAG TCC GGA GAT GCC GCC ATT GTC AAA 425
121 G K K L E D S P K F V K S G D A A I V K 140
421 CTG AT 425
141 L 160

```

图 2 奥利亚罗非鱼 *EF-1* 基因及其推导的氨基酸序列

Fig. 2 The DNA and deduced amino acid sequences of *O. aureus* *EF-1*

大写字母为外显子序列,小写字母表示内含子序列。内含子与外显子交接处用黑体表示。

Extron regions were shown in capital case, and intron regions were shown in lower case.

Their boundary regions were shown in bold face letter.

段(图 1B)。

2.2 序列拼接与分析 将奥利亚罗非鱼 *EF-1* 的 cDNA 和 DNA 序列提交到 GenBank, 两条序列的登陆号分别为 EU503120、EU503119。其中 cDNA 编码 141 个氨基酸, 预测的蛋白质分子量为 15.1 ku, 理论等电点 (pI) 为 7.99, 含疏水氨基酸 51 个, 极性氨基酸 28 个, 酸性氨基酸 17 个, 碱性氨基酸 18 个。cDNA 和 DNA 的序列比对显示奥利亚罗非鱼 *EF-1* 含有 1 个内含子, 而且内含子的 5 端为 GT, 3 端为 AG, 符合真核生物基因的剪接位点 GT-AG 规律 (图 2)。

摘录 GenBank 中已登录的一些动物的 *EF-1* 氨基酸序列: 尼罗罗非鱼 (AB075952)、青鳉 (*Oryzias latipes*, NP001098132)、斑马鱼 (NP571338)、欧洲鲈 (*Dicentrarchus labrax*, CAI28930)、鲑鱼 (ABN54434)、小鼠 (*Mus musculus*, P10126)、人 (*Homo sapiens*, NP\_001393)、鸡 (*Gallus gallus*,

人 <i>Homo sapiens</i>	VGRVE TGVLKPGMVVTFAPVNVITTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNSVKDVRRG 60
大鼠 <i>Rattus norvegicus</i>	VGRVE TGVLKPGMVVTFAPVNVITTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNSVKDVRRG 60
小鼠 <i>Mus musculus</i>	VGRVE TGVLKPGMVVTFAPVNVITTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNSVKDVRRG 60
鸡 <i>Gallus gallus</i>	VGRVE TGVLKPGMVVTFAPVNVITTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNSVKDVRRG 60
鲑鱼 <i>Salmo trutta</i>	VGRVE TG TLKAGMIVTFAPANVTTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNSVKDVRRG 60
斑马鱼 <i>Danio rerio</i>	VGRVE TGVLKPGMVVTFAPANVTTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNSVKDVRRG 60
欧洲鲈 <i>Dicentrarchus labrax</i>	VGRVE TGVLKPGMVVTFAPPCLTTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNSVKDVRRG 60
青鳉 <i>Oryzias latipes</i>	VGRVE TGVLKPGMVVTFAPPNLTTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNSVKDVRRG 60
奥利亚罗非鱼 <i>Oreochromis aureus</i>	VGRVE TG ILKPGTVVTFAPVNL TTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNSVKDVRRG 60
尼罗罗非鱼 <i>Oreochromis niloticus</i>	VGRVE TG ILKPGTVVTFAPVNL TTEVKSVEMHHEALSEALPGDNVGFNVKNSVKDVRRG 60
	***** * * * :***** :*****: * * * *****:***** :***
人 <i>Homo sapiens</i>	NVAGDSKNDPPMEAAGFTAQVI ILNHGQISAGYAPVLDCHTAHLACKFAELKEKIDRRS 120
大鼠 <i>Rattus norvegicus</i>	NVAGDSKNDPPMEAAGFTAQVI ILNHGQISAGYAPVLDCHTAHLACKFAELKEKIDRRS 120
小鼠 <i>Mus musculus</i>	NVAGDSKNDPPMEAAGFTAQVI ILNHGQISAGYAPVLDCHTAHLACKFAELKEKIDRRS 120
鸡 <i>Gallus gallus</i>	NVAGDSKNDPPMEAAGFTAQVI ILNHGQISAGYAPVLDCHTAHLACKFAELKEKIDRRS 120
鲑鱼 <i>Salmo trutta</i>	NVAGDSKNDPPMEAAGFTAQVI ILNHGQISAGYAPVLDCHTAHLACKFAELKEKIDRRS 120
斑马鱼 <i>Danio rerio</i>	NVAGDSKNDPPMEAANFNAAQVI ILNHGQISAGYAPVLDCHTAHLACKFAELKEKIDRRS 120
欧洲鲈 <i>Dicentrarchus labrax</i>	YVAGDSKNDPPKGAADFNAQVI ILNHGQINAGYAPVLDCHTAHLACKFSELIEKIDRRS 120
青鳉 <i>Oryzias latipes</i>	YVAGDSKNDPPKAAASFNAQVI ILNHGQINQGYAPVLDCHTAHLACKFSELIEKIDRRS 120
奥利亚罗非鱼 <i>Oreochromis aureus</i>	YVAGDSKNDPPKGAESFNAQVI ILNHGQIAAGYAPVLDCHTAHLACKFSELVEKIDRRS 120
尼罗罗非鱼 <i>Oreochromis niloticus</i>	YVAGDSKNDPPKGAESFNAQVI ILNHGQIAAGYAPVLDCHTAHLACKFSELVEKIDRRS 120
	***** * * .***** ***** ***** ** *****
人 <i>Homo sapiens</i>	GKKLEDGPKFLKSGDAATVDMV 142
大鼠 <i>Rattus norvegicus</i>	GKKLEDGPKFLKSGDAATVDMV 142
小鼠 <i>Mus musculus</i>	GKKLEDGPKFLKSGDAATVDMV 142
鸡 <i>Gallus gallus</i>	GKKLEDGPKFLKSGDAATVDMI 142
鲑鱼 <i>Salmo trutta</i>	GKKLEDAPKFLKSGDAATVDMI 142
斑马鱼 <i>Danio rerio</i>	GKKLEDNPKALKSGDAATVEMV 142
欧洲鲈 <i>Dicentrarchus labrax</i>	GKKLEDA----- 127
青鳉 <i>Oryzias latipes</i>	GKKLEDNPKFVKSGDAATVKLI 142
奥利亚罗非鱼 <i>Oreochromis aureus</i>	GKKLEDSPKFVKSGDAATVKL- 141
尼罗罗非鱼 <i>Oreochromis niloticus</i>	GKKLEDSPKFVKSGDAATVKLI 142
	*****

图 3 奥利亚罗非鱼与其他脊椎动物 EF-1 氨基酸序列的比较

Fig. 3 EF-1 alignment of *O. aureus* with other vertebrates

其中包括尼罗罗非鱼 (AB075952)、青鳉 (NP001098132)、斑马鱼 (NP571338)、欧洲鲈 (CAI28930)、鲑鱼 (ABN54434)、小鼠 (P10126)、人 (NP\_001393)、鸡 (Q90835)、大鼠 (P62630); 相同及相似氨基酸分别以星号与点表示。

Other vertebrates including *O. niloticus* (AB075952), *O. latipes* (NP001098132), *D. rerio* (NP571338), *D. labrax* (CAI28930), *S. trutta* (ABN54434), *M. musculus* (P10126), *H. sapiens* (NP\_001393), *G. gallus* (Q90835) and *R. norvegicus* (P62630). Identical and similar amino acids were marked by asterisks and dots, respectively.

Q90835)、大鼠 (*Rattus norvegicus*, P62630)。选择与奥利亚罗非鱼 *EF-1* 氨基酸序列相似的区域,使用 Clustalw 软件对 *EF-1* 氨基酸序列进行比对。结果显示,奥利亚罗非鱼 *EF-1* 氨基酸序列与尼罗罗非鱼的相似性最高,为 100%,与青鳉、欧洲鲈、斑马鱼、鲑鱼的相似性分别为

92%、91%、85%、82%,与小鼠、大鼠、人、鸡的相似性均为 85% (图 3)。将上述 *EF-1* 氨基酸序列进行同源性比较,构建系统树 (图 4)。结果表明,奥利亚罗非鱼 *EF-1* 与其他鱼类 *EF-1* 属于同一分支,分子系统进化树结果与传统的形态学及生化特征分类的进化地位基本一致。

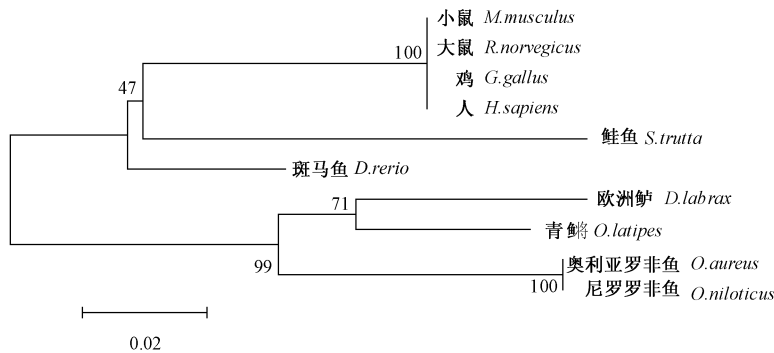


图 4 根据 NJ 法构建的 *EF-1* 氨基酸序列系统树

Fig. 4 *EF-1* sequence relationship in different species was shown in a phylogenetic tree created by Neighbor-Joining method

节点处的数字为 1 000 次 bootstrap 检验的支持率。

The numbers were the percentages of bootstrap values supporting each node from 1 000 replicas.

### 3 讨论

真核生物延伸因子 *EF-1* 是细胞内广泛存在并且含量第二多的蛋白,占正常生长细胞所有蛋白的 1%~2%,在不同的物种中它的基因及表达调控有高度保守性。本文克隆出的奥利亚罗非鱼 *EF-1* 基因翻译出的氨基酸序列与尼罗罗非鱼的相似性为 100%,与其他鱼 *EF-1* 氨基酸序列的相似性为 82%~92%,而与小鼠、大鼠、人、鸡的相似性均为 85%,这与刘军等研究银鲫 (*Carassius auratus gibelio*) *EF-1* 的结果相似<sup>[11]</sup>。银鲫与金鱼 (*Carassius auratus*)、斑马鱼的 *EF-1* 氨基酸序列同源性分别高达 99% 和 98%,与人和鼠 *EF-1* 的一致性均为 90%。这表明 *EF-1* 在物种间高度保守。*EF-1* 这种高度的进化保守性可以作为研究物种间系统发育的良好标记,在研究物种间亲缘关系方面很有价值,目前已有学者将 *EF-1* 用于物种间亲

缘关系研究<sup>[12,13]</sup>。

在 real time RT-PCR 中,为了消除 DNA 的污染,通常需要将 RNA 用 DNase 酶进行处理,但这也同时增加了样品被染污的机率。最直接的方法就是通过设计跨越内含子的引物来消除 DNA 的污染,使大片的 DNA 不能被扩增。本文克隆出的 *EF-1* 基因正好含有内含子,这无疑为将来设计管家基因 *EF-1* 的引物提供了可靠的基础数据。

### 参 考 文 献

- [1] Radonic A, Thulke S, Mackay I M, et al. Guideline to reference gene selection for quantitative real time PCR. *Biochem Biophys Res Comm*, 2004, **313**(4): 856~862.
- [2] heda K, Huggett J F, Bustin S A, et al. Validation of housekeeping genes for normalizing RNA expression in real-time PCR. *Biotechniques*, 2004, **37**(1): 112~119.
- [3] Pfaffl M W, Tichopad A, Prgomet C, et al. Determination of stable housekeeping genes, differently regulated target genes

- and sample integrity: Best Keeper-Excel-based tool using pairwise correlations. *Biotechnol Letters*, 2004, **26**: 509 ~ 515.
- [ 4 ] Huggett J, Dheda K, Bustin S, *et al.* Real-time RT-PCR normalization: strategies and considerations. *Genes Immun*, 2005, **6**(4): 279 ~ 284.
- [ 5 ] Thornton S, Anand N, Purcell D, *et al.* Not just for housekeeping: protein initiation and elongation factors in cell growth and tumorigenesis. *J Mol Med*, 2003, **81**(9): 536 ~ 548.
- [ 6 ] Yang W, Burkhart W, Cavallius J, *et al.* Purification and characterization of a phosphatidylinositol 4-kinase activator in carrot cells. *J Biol Chem*, 1993, **268**(1): 392 ~ 398.
- [ 7 ] Hotokezaka Y, Tobben U, Hotokezaka H, *et al.* Interaction of the eukaryotic elongation factor 1A with newly synthesized polypeptides. *J Biol Chem*, 2002, **277**(21): 18 545 ~ 18 551.
- [ 8 ] Gregers R A, Nissen P, Nyborg J. Elongation factors in protein biosynthesis. *Trends in Biochemical Sciences*, 2003, **28**: 434 ~ 440.
- [ 9 ] Bunai F, Ando K, Ueno H, *et al.* *Tetrahymena* eukaryotic translation elongation factor 1A (eEF1A) bundles filamentous actin through dimer formation. *J Biochem*, 2006, **140**: 393 ~ 399.
- [ 10 ] Goss S R, Kinzy T G. Translation elongation factor 1A is essential for regulation of the actin cytoskeleton and cell morphology. *Nat Struct Mol Biol*, 2005, **12**(9): 772 ~ 778.
- [ 11 ] 刘军, 石耀华, 尹隽等. 银鲫两个蛋白合成相关基因全长 cDNA 的克隆及其特征分析. *水生生物学报*, 2003, **27**(5): 512 ~ 520.
- [ 12 ] Mōriya S, Ohkuma M, Kudo T. Phylogenetic position of symbiotic protist *Dinenympha* [correction of *Dinemypha*] *exilis* in the hindgut of the termite *Reticulitermes speratus* inferred from the protein phylogeny of elongation factor 1 alpha. *Gene*, 1998, **210**: 221 ~ 227.
- [ 13 ] Kamaishi T, Hashimoto T, Nakamura Y, *et al.* Protein phylogeny of translation elongation factor EF1 alpha suggests microsporidians are extremely ancient eukaryotes. *J Mol Evol*, 1996, **42**: 257 ~ 263.

## 第 23 届国际保护生物学大会简介

### 23rd International Congress for Conservation Biology

北京, 2009 年 7 月 11 ~ 16 日

关于大会 自 2000 年以来, 国际保护生物学大会的与会者从 1 000 人稳步增加到超过 1 600 人。会议作为全球保护生物学研究专业人士的聚集地, 展示及讨论保护科学研究和实践方面的前沿研究与进展。最为重要的是, 大会将全球保护研究的专家学者联系在一起, 并作为保护研究信息的重要平台, 吸引着各界对保护研究和管理工作感兴趣的人士。

第一届国际保护生物学大会于 1988 年在美国召开, 以后相继在非洲、澳洲、欧洲、南美洲举行过。本届大会是该会议首次在亚洲地区举办, 它对于展示中国的保护研究成果, 提高我国保护生物学研究的影响力和学术地位, 具有重要意义。会议内容包括多个大会报告、并行报告、研讨会、短期课程和野外考察。学术报告内容涵盖生物多样性保护、保护管理、保护政策的制定及保护教育等, 具体涉及入侵种群生物学、全球两栖动物的减少、保护研究与政治的结合、社区管理与保护、海洋生态系统保护对策和实践、自然保护区的设计和有效性、社会经济发展中的保护问题、经济手段在生物多样性保护中的应用等。

与会者 国际保护生物学大会的与会者都是致力于生物多样性保护科学研究与管理实践的人员, 包括全球保护生物学、社会学、政治经济学等相关领域的专家学者和学生、各级管理人士和决策制定者、作家及其他保护专家等, 他们供职于学术单位、政府机构、保护区管理单位、非政府保护组织、私人基金机构以及出版社等。

组织机构 组织委员会 主席: 李家洋 院士 (中国科学院 副院长)

秘书长: 孙悦华 研究员 (中国科学院动物研究所)

科学委员会 主席: 陈宜瑜 院士 (国家自然科学基金委员会 主任)

秘书长: 魏辅文 研究员 (中国科学院动物研究所 副所长)

大会主题 保护: 自然与社会的和谐

会址 中国北京, 奥林匹克园区, 国家会议中心