

河豚鱼16S rRNA基因部分DNA序列分析及应用

陈文炳¹, 翁国柱², 陈融斌³, 缪婷玉¹, 邵碧英¹, 江树勋¹, 彭娟¹

(1.福建出入境检验检疫局技术中心, 福建 福州 350001;

2.莆田出入境检验检疫局, 福建 莆田 351100; 3.集美大学水产学院, 福建 厦门 361021)

摘要:应用16S rRNA基因聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)扩增通用引物, 对3属13种福建省搜集的河豚鱼样品与9个未知物种的河豚鱼样品的16S rRNA基因序列中的部分片段进行PCR扩增与脱氧核糖核酸(deoxyribonucleic acid, DNA)碱基序列测定, 各物种序列长度在611~614 bp之间。应用DNAMAN V6软件进行样品间DNA序列同源性比对分析, 建立样品间系统关系同源树。供试13个样品被划分为4个类群组, 群间的同源率为87%, 群内同源率为94%~100%。根据序列同源性分析结果, 9个未知种名的样品被归类到3个类群组中, 推测9个未知种名的样品为东方鲀属或腹刺鲀属。探讨了16S rRNA基因部分DNA序列测试及同源性分析技术在河豚鱼种属鉴别中应用的可能性。

关键词:河豚鱼; 聚合酶链式反应; 16S rRNA基因; DNA测序; 物种鉴定

Partial DNA Sequence Analysis of 16S rRNA Gene in Puffer Fish

CHEN Wenbing¹, WENG Guozhu², CHEN Rongbin³, MIAO Tingyu¹, SHAO Biying¹, JIANG Shuxun¹, PENG Juan¹

(1. Inspection and Quarantine Technology Center, Fujian Entry-Exit Inspection and Quarantine Bureau, Fuzhou 350001, China;

2. Putian Entry-Exit Inspection and Quarantine Bureau, Putian 351100, China;

3. Fisheries College, Jimei University, Xiamen 361021, China)

Abstract: Partial fragments of the 16S rRNA gene of puffer fish from 13 species belonging to 3 genus collected from Fujian province and 9 samples from unknown species were amplified by polymerase chain reaction (PCR) using the universal 16S rRNA gene primers. The PCR products were sequenced, and the length of the obtained DNA fragments were 611–614 bp in all samples. The homology of DNA sequences among samples was analyzed with the DNAMAN V6 software, and the phylogenetic tree among samples was established. Thirteen samples were divided into 4 groups, with a homology of 87% among groups and 94%–100% between any two samples within the same group. Nine samples of unknown puffer fish species were classed into 3 groups which belonged to the *Gastrophysus* or *Takifugu* genus. The results obtained in this study can provide references for the application of 16S rRNA gene sequencing and homological analysis to identify puffer fish at genus and species levels.

Key words: puffer fish; polymerase chain reaction; 16S rRNA gene; DNA sequencing; species identification

中图分类号: S917.4; Q78

文献标志码: A

文章编号: 1002-6630 (2015) 21-0140-05

doi:10.7506/spkx1002-6630-201521027

聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)扩增技术获得的特异性基因片段(DNA)碱基序列作为物种的特异性分子标记, 在食品中动植物成分的鉴别方面已得到广泛应用^[1-3], 在食品中鱼类物种成分的鉴别也有不少研究与应用^[4-5]。随着基因条形码技术的发展, 作为基因条形码主要DNA序列的线粒体16S rRNA与细胞色素氧化酶 I (CO I) 的基因序列分析越来越多地被应用于水产品的物种鉴别^[6-10]。在河豚鱼物种鉴定研究领域, 陈超等^[11]应用随机扩增多态DNA (random amplification of

polymorphic DNA, RAPD) 标记对东方鲀属、红鳍东方鲀、假睛东方鲀、暗纹东方鲀和从日本引进的红鳍东方鲀4种河豚鱼进行遗传标记鉴别与聚类分析研究。邵爱华等^[12-16]对暗纹东方鲀(*Takifugu fasciatus*)进行细胞色素b (Cytochrome b, Cyt b) 基因(Cyt b)及其侧翼rRNA基因、线粒体细胞色素氧化酶 I、II、III (CO I、CO II、CO III) 3种亚基、16S rRNA基因进行了克隆与序列分析等一系列研究。但这些研究都只局限于东方鲀属内。本实验优化并建立了河豚鱼成分的PCR检测方

收稿日期: 2015-06-30

基金项目: 国家质量监督检验检疫总局科技计划项目 (2013IK149)

作者简介: 陈文炳 (1962—), 男, 研究员, 博士, 研究方向为农产品、食品分子生物学检测技术。E-mail: 621213wbc@163.com

法、对3个属8个物种的河豚鱼成分进行PCR方法检测限与检出率的实验^[17]，还对3属9种河豚鱼的Cyt b基因部分序列进行测定^[18]，通过序列同源性分析，探讨样品间的同源性关系，并对应用PCR-限制性片段长度多态性（restriction fragment length polymorphism, RFLP）和芯片生物分析系统、鉴别河豚鱼品种^[19]与限制性内切酶、确证河豚鱼成分PCR检测结果等进行了探讨^[20]。

本实验在13个已知物种名称的河豚鱼的线粒体16S rRNA基因的部分DNA的PCR产物测序基础上，进行DNA序列同源性比对分析、建立样品间的系统关系树、并将9个未知种名的河豚鱼样品16S rRNA基因的部分DNA的序列与13个已知物种名称的样品进行同源性比对分析、推测其种属划分，为16S rRNA基因的部分DNA序列测试及同源性分析技术在河豚鱼物种鉴别中的应用提供科学依据，也为基因条形码技术在河豚鱼物种成分鉴定中的应用研究提供基础。

1 材料与方法

1.1 材料

13个已知物种名称的河豚鱼样品来自福建省集美大学水产学院近海捕捞与厦门、莆田等水产养殖场；未知物种名称的5个河豚鱼干样品来自福建福州沿海，4个新鲜个体来自海南省海口市（表1）。

表1 13个已知种名与9个未知种名的河豚鱼供试样品
Table 1 The samples from 13 species and 9 unknown species of puffer fish tested in this study

序号	中文学名	拉丁文学名	来源
1	黑鳃兔头鲀	<i>Lagocephalus inermis</i>	福建莆田
2	兔头鲀	<i>Lagocephalus lagocephalus</i>	福建莆田
3	暗纹东方鲀	<i>Takifugu fasciatus</i>	福建莆田
4	黄鳍东方鲀	<i>Takifugu xanthopterus</i>	福建莆田
5	棕斑腹刺鲀	<i>Gastrophysus spadiceus</i>	福建莆田
6	红鳍东方鲀	<i>Takifugu rubripes</i>	福建莆田
7	暗鳍腹刺鲀	<i>Gastrophysus gloveri</i>	福建莆田
8	月腹刺鲀	<i>Gastrophysus lunaris</i>	福建莆田
9	横纹东方鲀	<i>Takifugu oblongus</i>	福建莆田
10	双斑东方鲀	<i>Takifugu bimaculatus</i>	福建莆田
11	菊黄东方鲀	<i>Takifugu flavidus</i>	福建莆田
12	铅点东方鲀	<i>Takifugu alboplumbeus</i>	福建莆田
13	虫纹东方鲀	<i>Takifugu vermicularis</i>	福建莆田
14	5个河豚鱼干样品（FJW1-W5）	未知	福建福州沿海
15	4个河豚鱼新鲜个体（HNW1-W4）	未知	海南海口市

1.2 试剂与仪器

十六烷基三甲基溴化铵（hexadecyltrimethylammonium bromide, CTAB）上海博亚生物技术有限公司；2×Taq PCR Master Mix、蛋白酶K、DNA Marker I 天根生化科技（北京）有限公司；琼脂糖 英国Oxoid公司；16S rRNA基

因PCR扩增通用引物^[21]序列：正向L2510-16S：5'-CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3'，反向H3059-16S：5'-CCGGTCTGAACTCAGATCACGT-3'，由生工生物工程（上海）股份有限公司合成。

Ultrospec 1100 pro核酸蛋白分析仪 瑞典Amersham公司；T-Gradient梯度PCR仪 德国Biometra公司；Power Pac 1000电泳仪 美国Bio-Rad公司；GL212 PRO凝胶成像仪 美国Carestream公司。

1.3 方法

1.3.1 DNA提取与PCR扩增

用CTAB裂解DNA提取方法^[17]，以个体为测试样品进行DNA提取、PCR产物电泳。PCR扩增体系为20 μL体系：2×Taq PCR Master Mix 10 μL，上下游引物各1 μL（10 μmol/L），DNA模板量2 μL（200 ng/μL），双蒸水（ddH₂O）6 μL；扩增程序为：94℃预变性5 min；94℃变性30 s，58.5℃退火30 s，72℃延伸2 min，反应循环35次；最后72℃延伸10 min。用1.5%琼脂糖凝胶电泳，电泳结束后浸于0.2% EB溶液中染色45 min，用清水漂洗，最后置于凝胶成像系统下观察结果，并拍照保存。

1.3.2 DNA碱基序列测定

用通用引物对所有收集到的共13个河豚鱼种与9个未知名的河豚鱼干样品（表1）进行PCR扩增。PCR扩增产物委托生工生物工程（上海）股份有限公司进行克隆、测序，每个样品重复3次，选用最有代表性的序列。得到的结果用DNAMAN V6进行整理分析，以.seq格式输出。

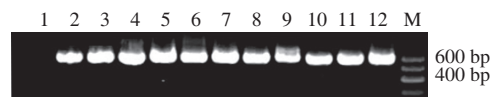
1.3.3 序列比对与同源性分析

本研究利用DNAMAN V6对各个样品所测序列进行碱基序列比对与同源性分析，比对结果以MASED Document/DNAMAN1格式输出。

2 结果与分析

2.1 部分河豚鱼的16S rRNA基因PCR扩增

从13种河豚样品与9个未知学名的河豚鱼干样品中提取的DNA，进行16S rRNA基因的PCR扩增，部分样品结果如图1。结果表明供试22个样品的DNA PCR扩增是成功的，PCR产物用于序列测定。



1. 空白对照（双蒸水ddH₂O）；2. 黑鳃兔头鲀；3. 兔头鲀；4. 暗纹东方鲀；5. 黄鳍东方鲀；6. 棕斑腹刺鲀；7. 红鳍东方鲀；8. 暗鳍腹刺鲀；9. 月腹刺鲀；10. 横纹东方鲀；11. 双斑东方鲀；12. 菊黄东方鲀；M. DNA Marker I。

图1 部分河豚鱼的16S rRNA基因PCR扩增结果

Fig.1 PCR amplification of 16S rRNA gene in puffer fish

2.2 PCR产物测序结果与序列比对

2.2.1 各样品序列的碱基基本信息

提供各样品PCR扩增产物3个重复, 经过克隆、测序, 根据两端引物序列, 进行整理, 各样品测序结果如有差异, 则选取有代表性的序列, 用于结果分析, 并向美国国家生物技术信息中心(The National Center for Biotechnology Information, NCBI) 基因银行(GenBank) 提交。13个已知物种名称的样品序列的基本信息统计分析结果与GenBank登录号见表2。

表2 PCR产物碱基序列的基本信息
Table 2 Basic information about base sequences of PCR products

序号	样品名称	A个数	C个数	G个数	T个数	碱基长度/bp	GenBank 登录号
1	黑腮兔头鲈 (<i>L. inermis</i>)	181 (29.6%)	149 (24.3%)	139 (22.7%)	143 (23.4%)	612	KT718800
2	兔头鲈 (<i>L. lagocephalus</i>)	181 (29.6%)	152 (24.8%)	139 (22.7%)	140 (22.9%)	612	KT718801
3	暗纹东方鲈 (<i>T. fasciatus</i>)	182 (29.8%)	148 (24.2%)	140 (22.9%)	141 (23.1%)	611	KT718802
4	黄鳍东方鲈 (<i>T. xanthopterus</i>)	185 (30.1%)	145 (23.6%)	133 (21.7%)	151 (24.6%)	614	KT718803
5	棕斑腹刺鲈 (<i>G. spadiceus</i>)	182 (29.8%)	148 (24.2%)	140 (22.9%)	141 (23.1%)	611	KT718804
6	红鳍东方鲈 (<i>T. rubripes</i>)	183 (29.8%)	145 (23.6%)	135 (22.0%)	151 (24.6%)	614	KT718805
7	暗鳍腹刺鲈 (<i>G. gloveri</i>)	187 (30.5%)	150 (24.5%)	135 (22.0%)	141 (23.0%)	613	KT718806
8	月腹刺鲈 (<i>G. lunaris</i>)	186 (30.4%)	149 (24.3%)	137 (22.4%)	140 (22.9%)	612	KT718807
9	横纹东方鲈 (<i>T. oblongus</i>)	179 (29.3%)	145 (23.7%)	143 (23.4%)	144 (23.6%)	611	KT718808
10	双斑东方鲈 (<i>T. bimaculatus</i>)	185 (30.1%)	144 (23.5%)	134 (21.8%)	151 (24.6%)	614	KT718809
11	菊黄东方鲈 (<i>T. flavidus</i>)	185 (30.1%)	144 (23.5%)	134 (21.8%)	151 (24.6%)	614	KT718810
12	铅点东方鲈 (<i>T. albopulchreus</i>)	183 (29.8%)	145 (23.6%)	134 (21.8%)	152 (24.8%)	614	KT718811
13	虫纹东方鲈 (<i>T. vermicularis</i>)	181 (29.6%)	150 (24.5%)	139 (22.7%)	142 (23.2%)	612	KT718812

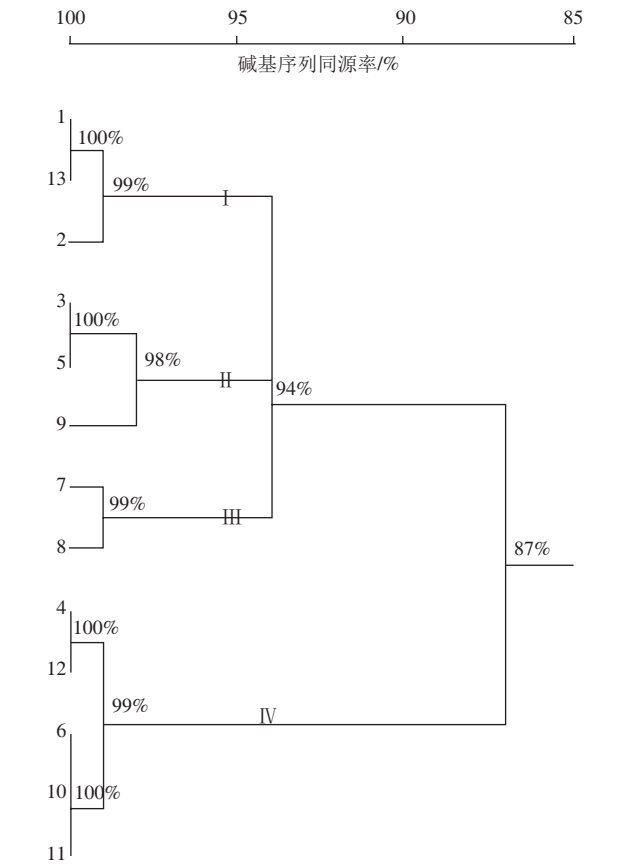
注: 括号内百分数表示该种碱基在序列中所占比例。

从表2可以看出, 不同物种的河豚鱼的PCR扩增产物长度在611~614 bp之间, 从A、C、G、T 4种碱基的含量来看, A含量最高, 在29.3%~30.5%, 其次是C与T, 含量分别在23.5%~24.8%与22.9%~24.8%, G含量较低, 在21.7%~23.4%之间。从各样品4个碱基含量差异来看, 黄鳍东方鲈、暗鳍腹刺鲈、月腹刺鲈、双斑东方鲈、菊黄东方鲈、铅点东方鲈6个种的G含量最低, 均在22%以下, 与各自A的含量相差8%以上。黄鳍东方鲈、红鳍腹刺鲈、双斑东方鲈、菊黄东方鲈、铅点东方鲈5个种所含碱基数均为614个; 暗纹东方鲈、棕斑腹刺鲈、横纹东方鲈3个种的碱基数最少, 为611个; 暗鳍腹刺鲈碱基数为613个; 黑腮兔头鲈、兔头鲈、月腹刺鲈、虫纹东方鲈碱基数均为612个。

2.2.2 已知物种样品DNA测序与序列比对分析

已知种名的河豚鱼样品PCR产物的DNA测序以.seq格

式输出, 再以DNAMAN V6软件进行比对, 分析结果以MASED Document/DNAMAN1格式输出(图略)。从结果可知: 4、6、10~12号(样品序号与表1同)等5个样品的第39号碱基缺失; 3、5、9号等3个样品的第296号碱基缺失; 1~3、5、7~9、13号等8个样品的第388号与438~439号碱基均缺失; 除了3个片段(位置处在约第30~40号、第272~294号、第423~39号碱基)有明显的变异外, 其余差异多是个别碱基的置换, 可见供试河豚鱼物种间的分化主要源于碱基缺失、插入、置换等遗传变异。



1.黑腮兔头鲈; 2. 兔头鲈; 3. 暗纹东方鲈; 4. 黄鳍东方鲈; 5. 棕斑腹刺鲈; 6.红鳍东方鲈; 7.暗鳍腹刺鲈; 8. 月腹刺鲈; 9. 横纹东方鲈; 10. 双斑东方鲈; 11. 菊黄东方鲈; 12. 铅点东方鲈; 13. 虫纹东方鲈。图3同。

图2 13个已知种样品的PCR产物序列同源树
Fig.2 Phylogenetic tree based on sequence homology among 13 species known samples

基于DNA序列分析结果, 建立的PCR产物序列同源树(图2)表明, 13个已知物种的样品PCR扩增片段的序列整体同源率为87%(样品号与表1同), 表明尽管13个种样品的来源于四齿鲈科(Tetraodontidae)的兔头鲈属(*Lagocephalus*)、腹刺鲈属(*Gastrophysus*)与东方鲈属(*Takifugu*) 3个不同的属, 其保守的16S rRNA基因序列同源性仍然较高, 13个样品可划分为4组(图2), 其中I组含1号(黑腮兔头鲈)、2号(兔

头鲀)、13号(虫纹东方鲀)3个样品,碱基数均为612个;II组含3号(暗纹东方鲀)、5号(棕斑腹刺鲀)、9号(横纹东方鲀)3个样品,碱基数均为611个;III组含7号(暗鳍腹刺鲀)与8号样品(月腹刺鲀)2个样品,碱基数为613与612个;IV组含4号(黄鳍东方鲀)、6号(红鳍东方鲀)、10号(双斑东方鲀)、11号(菊黄东方鲀)、12号(铅点东方鲀)5个样品,碱基数均为614个。可见DNA序列的碱基数与物种同源性有一定的关系。前3组间同源性为94%,各组内同源率在98%~100%。IV组内5个样品之间的同源率为99%~100%,IV组与其余3组间的同源率为87%。

2.3 应用序列同源性分析推测未知样品物种归属

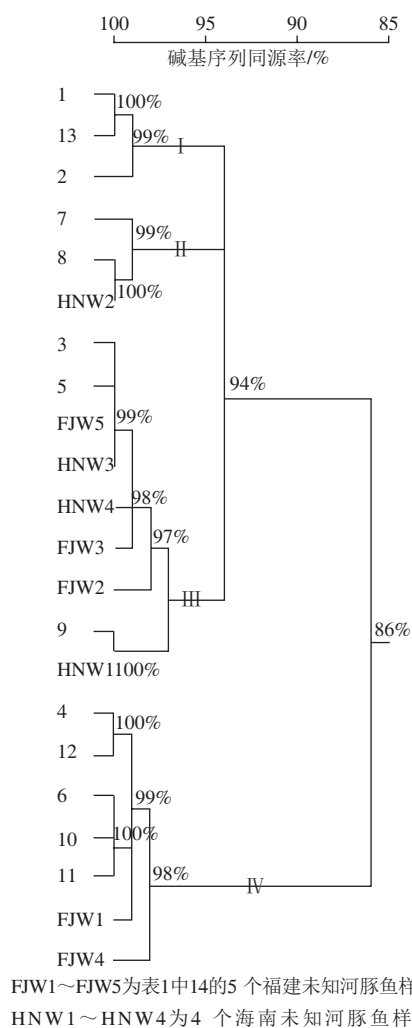


图3 22个样品的序列同源树

Fig.3 Phylogenetic tree based on sequence homology among 22 samples

9个未知种名的样品(序列未出示)与13个已知种样品序列经DNAMAN V6软件的同源性比对分析,获得同源性矩阵(略)与同源树(图3)。聚类结果表明:与图2相同,22个样品序列可划分为4组,第I、II、III组之间同源率为94%,它们与IV组之间的同源率为86%。

第I组与图3相同,海南未知样品HNW2归到II组,因与7号样品(暗鳍腹刺鲀)同源率为99%,与8号样品(月腹刺鲀)同源率为100%,推测该未知样品可能是腹刺鲀属河豚鱼;有3个福建未知种名河豚鱼样品(FJW2、FJW3、FJW5)和3个海南未知种名河豚鱼样品(HNW1、HNW3、HNW4)归到III组,因为与3号暗鳍东方鲀、5号棕斑腹刺鲀、9号横纹东方鲀的同源率在97%以上,故推测该6个样品可能是东方鲀属或腹刺鲀属;福建未知种名样品FJW1与FJW4归到第IV组,与4号(黄鳍东方鲀)、6号(红鳍东方鲀)、10号(双斑东方鲀)、11号(菊黄东方鲀)、12号(铅点东方鲀)5个样品的同源率为98%以上,推测该2种样品为东方鲀属河豚鱼。

3 结论与讨论

运用生物信息学专业软件DNAMAN V6,比对分析了河豚鱼16S rRNA部分片段PCR扩增产物序列。13个已知物种名称的样品序列经DNAMAN V6软件的同源性分析,获得同源树,把13个样品序列划分为4组,各组内样品间同源率均为94%~100%,第I、II、III组之间的同源率为94%,它们与IV组间同源率为87%。图2表明,1号黑腿兔头鲀与2号兔头鲀、7号暗鳍腹刺鲀与8号月腹刺鲀分别归为一类,与形态学分类吻合。应用同源性分析推断9个未知种属名称的河豚鱼样品可能所属的分类单位(属)。序列比对分析发现,河豚鱼物种间的分化主要源于碱基缺失、插入、置换等遗传变异结果。但是,本研究结果发现基于序列同源性分析的类群划分与形态学分类不完全吻合,原因可能是形态学分类存在瑕疵,如同种异名或同名异种的情况,这些情况在动植物系统分类学领域时有发生;也可能是16S rRNA序列趋向保守,一定种群内遗传变异较小,加上所获得基因信息有限,因而还无法具体鉴定到河豚鱼的物种。理论上,动植物分类标记信息包括形态学与分子遗传学标记的信息量越大,其分类定位越接近实际情况。因此,尽管16S rRNA序列趋向保守,一定种群内遗传变异可能较小,但作为重要的分子标记与遗传信息,对河豚鱼等水生生物的亲缘关系与分类的研究探讨,无疑有积极的作用^[11,16,18]。当然,为了进一步判别到具体的物种,还须通过线粒体的其他基因如Cyt b、CO I和核糖体基因18S/28S rDNA等片段的测序,建立DNA条形码数据库,应用多种基因序列组合互相弥补缺陷,达到精准鉴别河豚鱼物种成分的目的。

参考文献:

- [1] 陈文炳,邵碧英,廖宪彪,等.加工食品中若干动物成分的PCR检测技术应用研究[J].食品科学,2005,26(8):338-342.

- [2] 陈文炳, 邵碧英, 江树勋, 等. 食品中若干植物源性成分的PCR检测[J]. 食品科学, 2006, 27(11): 404-408.
- [3] 吴亚君, 王斌, 刘明畅, 等. 阿胶种马和驴成分的实时荧光PCR检测[J]. 食品科学, 2014, 35(8): 85-88. doi:10.7506/spkx1002-6630-201408016.
- [4] LIN Wenfeng, HWANG Dengfwu. A multiplex PCR assay for species identification of raw and cooked bonito[J]. Food Control, 2008(19): 879-885.
- [5] 张舒亚, 金丽琴, 蒋剑琼, 等. 食品中鱼源性成分PCR的检测方法[J]. 食品与发酵工业, 2010, 36(1): 142-145.
- [6] 文菁, 胡超群, 张吕平, 等. 采16种商品海参16S rRNA的PCR-RFLP鉴定方法[J]. 中国水产科学, 2011, 18(2): 451-457.
- [7] 李新光, 王璐, 赵峰, 等. DNA条形码技术在鱼肉及其制品鉴别中的应用[J]. 食品科学, 2013, 34(18): 337-342. doi:10.7506/spkx1002-6630-201318069.
- [8] 毕潇潇, 高天翔, 肖永双, 等. 4种鳕鱼线粒体16S rRNA、COI和Cyt b基因片段序列的比较研究[J]. 南方水产, 2009, 5(3): 46-52.
- [9] 张洪沂, 柴平海, 梅艳巧, 等. 基于Cytb基因的鱼类加工产品的鱼种鉴定[J]. 华北农学报, 2011, 26(增刊1): 9-12.
- [10] 彭居刚, 王绪祯, 王丁, 等. 基于线粒体COI基因序列的DNA条形码在鲤科鲈属鱼类物种鉴定中的应用[J]. 水生生物学报, 2009, 33(2): 271-276.
- [11] 陈超, 石拓, 孙曙光, 等. 应用RAPD标记对东方豚属进行种类鉴别及其聚类分析[J]. 海洋水产研究, 2001, 22(3): 32-36.
- [12] 邵爱华, 朱江, 陈葵, 等. 暗纹东方豚线粒体细胞色素b及其侧翼tRNA基因的克隆与序列分析[J]. 中国水产科学, 2005, 12(6): 675-681.
- [13] 邵爱华, 朱江, 陈葵, 等. 暗纹东方豚线粒体COII及两侧tRNA基因的克隆和序列分析[J]. 动物学杂志, 2005, 40(6): 1-8.
- [14] 邵爱华, 朱江, 陈葵, 等. 暗纹东方豚线粒体COI及其侧翼tRNA基因的克隆与序列分析[J]. 遗传, 2006, 28(8): 963-971.
- [15] 邵爱华, 朱江, 史全良, 等. 暗纹东方豚线粒体COIII克隆及序列分析[J]. 水产科学, 2006, 25(8): 391-396.
- [16] 邵爱华, 杜建, 陈葵, 等. 暗纹东方豚线粒体DNA 16S rRNA基因克隆、测序与在分子系统发育分析中的应用[J]. 江苏农业科学, 2009(2): 15-19.
- [17] 陈文炳, 赵晨, 邵碧英, 等. PCR方法检测河豚鱼的引物筛选及反应体系的优化[J]. 食品科学, 2010, 31(20): 376-381.
- [18] 陈文炳, 林少华, 邵碧英, 等. 河豚鱼Cyt b基因部分DNA序列分析与应用[J]. 食品科学, 2012, 33(20): 227-232.
- [19] 陈双雅, 陈文炳, 张津, 等. 应用PCR-RFLP和芯片生物分析系统鉴别河豚鱼品种[J]. 食品科学, 2012, 33(22): 200-202.
- [20] 曲良苗, 陈文炳, 缪婷玉, 等. 限制性内切酶酶切确证河豚鱼成分PCR检测结果[J]. 食品科学, 2014, 35(8): 169-173. doi:10.7506/spkx1002-6630-201408034.
- [21] INOUE J G, MIYA M, TSUKAMOTO K, et al. A mitogenomic perspective on the basal teleostean phylogeny: resolving higher-level relationships with longer DNA sequences[J]. Molecular Phylogenetic Evolution, 2001, 20(2): 275-285.

《包装与食品机械》

2016年征订启事

中国科技核心期刊

中国期刊网全文数据库全文收录期刊

万方数据·数字化期刊群全文上网期刊

美国《化学文摘》(CA)收录期刊

英国《食品科技文摘》(FSTA)收录期刊

《包装与食品机械》杂志是中国机械工程学会包装与食品工程分会会刊; 中国科技核心期刊。

《包装与食品机械》杂志主要报道国内外包装机械与食品机械的设计与制造、包装工艺、包装工艺设备、包装材料及食品加工技术、食品生物技术、微生物发酵工程、食品品质无损检测、食品机械以及食品包装、食品贮藏等方面的新研究成果以及应用技术。本刊主要栏目有: 试验研究、设计计算、技术综述、经验交流、应用技术、检测技术等。

本刊为了提高刊物技术水平, 打造精品期刊, 对于重点科研项目研究论文, 将予以优先安排发表。本刊所有来稿不收审稿费、版面费。

中国学术期刊综合评价数据库刊源期刊

中国核心期刊(遴选)数据库收录期刊

首批《CAJ-CD规范》执行优秀期刊

美国《乌利希期刊指南》(UPD)收录期刊

英国《科学文摘》(INSPEC)收录期刊

欢迎投稿, 欢迎订阅, 欢迎刊登广告!

●双月刊, 大16开, 每册定价10.00元, 全年60.00元。

●邮局订阅(国内邮发代号26-111; 国外发行代号BM4791), 或直接由本刊邮购(另加邮费2元/本)。

●地址: 合肥市长江西路888号

邮编: 230031

●国内刊号: CN 34-1120/TS

国际刊号: ISSN 1005-1295

●电话: 0551-65335818

传真: 0551-65335846

E-mail:bjzz@pfm114.com

●http://www.pfm114.com