

眼镜王蛇泛素融合蛋白基因和核糖体蛋白 L30 基因的克隆及分析

韦双双^{1,2}, 张英霞¹, 李文辉¹, 张云^{1,*}

(1. 中国科学院昆明动物研究所 毒素研究室, 云南 昆明 650223; 2. 中国科学院研究生院, 北京 100039)

摘要: 从广西产眼镜王蛇 (*Ophiophagus hannah*) 毒腺中抽提总 RNA, 经 mRNA 纯化后构建眼镜王蛇毒腺 cDNA 文库。从所构建的 cDNA 文库中, 随机筛选 200 个克隆测序, 得到两个在进化上高度保守的基因: 泛素融合蛋白基因 (GenBank 登录号为 AF297036) 和核糖体蛋白 L30 基因 (GenBank 登录号是 AF297033)。前者 cDNA 的开放阅读框为 387 bp, 后者为 348 bp。前者编码 128 个氨基酸残基组成的泛素融合蛋白前体; 后者编码 115 个氨基酸残基组成的核糖体蛋白 L30 前体。由 cDNA 序列推导出的氨基酸序列分析表明, 泛素融合蛋白前体包括 N-末端的泛素结构域 (76 个氨基酸残基) 和 C-末端的核糖体蛋白 L40 结构域 (52 个氨基酸残基)。该蛋白为一高碱性蛋白, C 末端含有一个“锌指”模式结构。与 16 个物种比较的结果表明, 眼镜王蛇与脊椎动物的泛素融合蛋白氨基酸序列相似度较高, 具有高度的保守性。

关键词: 眼镜王蛇; 泛素融合蛋白; C-末端延伸蛋白; 核糖体蛋白

中图分类号: Q959.62 文献标识码: A 文章编号: 0254–5853 (2005) 04–0397–07

Molecular Cloning and Comparison of Ubiquitin Fusion Protein and Ribosomal Protein L30 from *Ophiophagus hannah*

WEI Shuang-shuang^{1,2}, ZHANG Ying-xia¹, LEE Wen-hui¹, ZHANG Yun^{1,*}

(1. Department of Animal Toxicology, Kunming Institute of Zoology, the Chinese Academy of Sciences, Kunming, Yunnan 650223, China;

2. Graduate School of the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China)

Abstract: Total RNA was extracted from the venom gland of snake *Ophiophagus hannah*. A king cobra venom gland cDNA library was then constructed using purified mRNA from the total RNA. By random sequencing of 200 independent clones, two conserved cDNA sequences of house-keeping genes were obtained. One is ubiquitin fusion protein (GenBank accession number AF297036); the other is ribosomal protein L30 (GenBank accession number AF297033). The former has an open reading frame of 387 bp, encoding a 128 amino acid ubiquitin fusion protein precursor composed of a 76 amino acid ubiquitin domain and followed by a 52 amino acid ribosomal protein L40 domain. The deduced precursor protein from the nucleotide sequence is basic. The C-terminus of the ubiquitin fusion protein contains the zinc-finger motif. The latter has an open reading frame of 348 bp, encoding for 115 amino acid ribosomal protein L30 precursor. The predicted amino acid sequence of ubiquitin fusion protein is highly conserved when compared to the sequences of homologous proteins from sixteen diverse species.

Key words: *Ophiophagus hannah*; Ubiquitin fusion protein; Carboxyl-extension protein; Ribosomal protein

泛素 (ubiquitin) 是一种广泛存在于真核细胞中的小分子蛋白, 由 76 个氨基酸残基组成, 分子量为 8.6 kD。从不同种、属真核生物得到的泛素的一级结构几乎相同, 仅有 1~5 个氨基酸残基不同;

三维构象也基本相似, N-端为较紧密的球状结构域, 而 C-末端则是松散的伸展结构 (Baker & Board, 1991; Gill, 2004)。在大多数情况下, 泛素以单体或与其他蛋白质结合的形式存在, 是泛素

* 收稿日期: 2005–01–28; 接受日期: 2005–04–13

基金项目: 云南省自然科学基金资助项目 (2001C0062M, 2003C0066M)

* 通讯作者 (Corresponding author), Tel: 0871–5198515, E-mail: zhangy@mail.kiz.ac.cn

-蛋白酶体系统 (Ubiquitin-proteasome system) 的重要组成部分。泛素与靶蛋白结合, 为一种水解识别信号降解靶蛋白。泛素-蛋白酶体系统不仅降解变性的、异常的或半衰期短的蛋白质, 而且降解转录因子、植物色素、内膜蛋白和细胞周期蛋白等天然蛋白质, 因而该系统在细胞信号的转导、细胞周期调控、细胞凋亡、转录调控和免疫应答等过程中起着重要作用 (Hershko & Ciechanover, 1998; Zhu et al, 1999)。最近的研究发现, 在非泛素-蛋白酶体系统中, 泛素在 DNA 的修复和蛋白激酶的激活中也扮演着重要的信号角色 (Sun & Chen, 2004)。

泛素基因家族主要编码两种泛素前体蛋白质 (Hershko et al, 2000)。一种是多聚泛素, 由含有 76 个氨基酸残基的泛素单体首尾相连而形成。其重复单元数量在不同物种中是可变的。另一种是单聚泛素, 即在单个泛素分子 C 末端连接一个 C-末端延伸蛋白 (CEP)。根据 C-末端延伸蛋白编码的序列和长度, 又分为两种类型: UbA₅₂ 和 UbA₈₀。UbA₅₂ 的 52 氨基酸尾巴由 52 个氨基酸残基组成, 是核糖体 60S 亚基的组成成分, 与核糖体蛋白 L40 有很高的同源性。UbA₈₀ 的 80 氨基酸尾巴则是核糖体 40S 亚基的组成成分, 与核糖体 S27A 蛋白有很高的同源性。UbA₅₂ 和 UbA₈₀ 泛素融合蛋白与一些核酸连接蛋白类似, 都富含大量碱性氨基酸 (约 30% 的赖氨酸和精氨酸), 还有一个推断的核定位信号和半胱氨酸富集区域 (Baker & Board, 1991)。

在酿酒酵母 (*Saccharomyce cerevisiae*) 细胞中, 核糖体蛋白 L30 不仅是核糖体不可缺少的组成成分, 而且能与自身基因转录产物的特定位置相连接, 从而抑制其转录产物剪接为成熟的 mRNA 以及进一步的翻译。这对在核糖体装配时阻止过量核糖体蛋白 L30 的累积, 起到了反馈调节作用。这个结构在进化上是保守的, 对细胞生理功能是重要的 (Vilardell et al, 2000)。

爬行类是真正的陆栖脊椎动物, 在脊椎动物进化中具有承上启下的重要意义。迄今为止, 泛素融合蛋白和核糖体蛋白的 cDNA 序列在爬行类动物中未见报道。我们从中国产眼镜王蛇 (*Ophiophagus hannah*) 毒腺 cDNA 文库克隆到泛素融合蛋白基因和核糖体蛋白 L30 基因, 以期了解泛素家族和核糖体家族提供新的序列信息, 了解泛素蛋白和核糖体蛋白的结构、功能以及与其他物种的类似分子之间的相互关系。

1 材料和方法

1.1 材料

眼镜王蛇 (*Ophiophagus hannah*) 采自广西。总 RNA 提取试剂盒购自 Life Technologies。PolyA-Tract mRNA 分离试剂盒购自 Promaga 公司。cDNA 文库构建试剂盒为 GIBCO/BRL 公司的产品 (SuperScript™ Plasmid System)。其他试剂均为进口或国产分析纯试剂, 符合实验要求。

1.2 cDNA 文库的构建

1.2.1 总 RNA 提取和 mRNA 的纯化 切下蛇头, 立即放入液氮中待用。取出液氮中保存的蛇头, 小心剥离毒腺并置于研钵内, 液氮中研磨至粉末状。然后按照试剂盒说明提取总 RNA, 用紫外分光光度计于 260 nm 及 280 nm 处测定以确定 RNA 的纯度 ($OD_{260/280} > 1.8$) 和得率 ($1OD_{260} = 40 \mu\text{g/mL RNA}$)。

纯化得到眼镜王蛇毒腺总 RNA 后, 按照试剂盒说明通过 Oligo (dT) 纤维素柱, 纯化得到 mRNA。用紫外分光光度计测定 mRNA 的纯度和得率。

1.2.2 cDNA 第一链和第二链的合成 cDNA 文库构建方法主要参照文库构建试剂盒说明书进行。

Poly (A⁺) mRNA 用醋酸铵冰乙醇处理, 重溶于 DEPC 水里后, 按照操作指南加入 Not I 引物及其他反应试剂和 SuperScript II 反转录酶进行逆转录反应。第一链反应完成后, 在第一链合成试管中加入: DEPC 水, 5X 第二链合成缓冲液, dNTP 混合物, 大肠杆菌 DNA 连接酶, 大肠杆菌 DNA 多聚酶 I, 大肠杆菌 RNA 酶, 混匀后于 16 °C 保温 2 h; 最后加入 T4 DNA 多聚酶继续保温 5 min, 抽提 DNA 并用乙醇沉淀。

1.2.3 载体连接及连接产物的转化 对于上述合成的 cDNA, 选择大于 300 bp 的双链 cDNA 组分, 5' 端接上 Sal I 接头; 用 Not I - Sal I 双酶解后, 得到 5' 端为 Sal I, 3' 端为 Not I 的双链 cDNA; 将双酶解产物克隆至经 Not I - Sal I 双酶解的 pSPORT 1 载体上。再把含有外源 DNA 的载体转化到 *Escherichia coli* HB101 感受态细胞中, 得到所构建的眼镜王蛇毒腺 cDNA 文库 (He et al, 2004)。

1.3 cDNA 文库的筛选及其序列测定和比较

从 LB/氨苄青霉素培养板中随机挑选 200 个独立的克隆, 用 DNA 自动测序仪 (Applied Biosystems, Model 377) 测序。所获得序列用 Clustal W

序列软件包进行序列分析。把这两个序列于 NCBI 的非冗余序列数据库 (nr) 中, 以 Blast 程序进行核苷酸序列及其所编码氨基酸序列的同源性比较。

1.4 系统进化树的构建

使用 Blast 在 GenBank 中搜寻筛选序列。然后用 Mega 2.1 软件 (Kumar et al, 2001) 进行系统发育分析。选取 16 个物种编码泛素融合蛋白前体的 cDNA 序列, 8 个物种编码核糖体蛋白 L30 前体的 cDNA 序列与眼镜王蛇对应的 cDNA 序列分别进行比对。用邻接 (neighbor-joining method, NJ) 法构建系统进化树, 自展检验 (bootstrap test) 估计 NJ 法所构系统树的可靠性, 重复次数为 2 000。

2 结果与分析

2.1 cDNA 序列和推导出的氨基酸序列

在对 200 个随机克隆的测序中, 我们得到了多条完整 cDNA 序列。Blast 分析表明, 其中的两条与其他物种来源的类似分子有很高的同源性。一条是 *Ophiophagus hannah* 泛素融合蛋白 (ubiquitin fusion protein) mRNA (GenBank 登录号: AF297036), 另

一条是 *Ophiophagus hannah* 核糖体蛋白 L30 (ribosomal protein L30) mRNA (GenBank 登录号: AF297033)。

Ophiophagus hannah 泛素融合蛋白 cDNA 序列由 553 个碱基组成: 5' - 端非编码区有 11 个碱基; 3' - 端非编码区有 155 个碱基, 包含一个由 21 个碱基组成的 Poly (A) 尾巴和一个加尾识别信号 (AATAAA); 编码区 (12—398 bp) 编码 128 个氨基酸残基组成的泛素融合蛋白前体。该前体包含 N - 末端的泛素结构域 (76 个氨基酸残基) 和 C - 末端的核糖体蛋白 L40 结构域 (52 个氨基酸残基) (图 1)。分析表明: 由该核苷酸序列推导出来的前体蛋白质分子量是 14.727 kD, 等电点是 9.85, 前体蛋白质含有 27 个碱性氨基酸残基, 其中泛素结构域有 11 个, 核糖体蛋白 L40 结构域有 16 个。

编码 *Ophiophagus hannah* 核糖体蛋白 L30 的 cDNA 序列由 458 个碱基组成: 5' - 端非编码区有 46 个碱基; 3' - 端非编码区有 64 个碱基, 包含一个由 17 个碱基组成的 Poly (A) 尾巴和一个加尾识别信号 (AATAAA) 编码区 (47—394 bp) 编码 115 个

```

                M Q I F V K T L T G K T I T L E
1  cagctgccgcaATGCAGATTTTGTGAAAACGCTCACCGGCAAACCATCACCCCTTGAG
  V E P S D T I E N V K A K I Q D K E G I
60  GTGGAGCCAAGTGACACAATTGAAAATGTGAAGGCAAAAATTCAGGACAAGGAAGGTATT
  P P D Q Q R L I F A G K Q L E D G R T L
120 CCTCCTGATCAGCAGCGTTTGATCTTTGCGGAAAGCAGCTGGAAGATGGACGCACACTC
  S D Y N I Q K E S T L H L V L R L R G G ●
180 TCAGACTACAATATCCAGAAAGAGTCCACCCTTCACTTGGTTCTGCGTCTTCGTGGAGGA
  I I E P S L R Q L A Q K Y N C D K M I C
240 ATCATTGAGCCTTCGCTCCGCCAGCTGGCCAGAGTATAACTGCGACAAGATGATCTGC
  R K C Y A R L H P R A V N C R K K K C G
300 CGCAAATGCTATGCCCGCTGCATCCCCGTGCTGTGAATTGTCGTAAGAAGAAATGTGGC
  H T N N L R P K K K V K *
360 CACACCAACAACCTGCGCCCAAAGAAGAAGGTAAGTAAagaacatggcaggaactgcc
420 catcccttctactactaccaggctgtggattctcaggcaacgagattcatcttccatcc
480 tcttgcgggaggccatttttccttgccagttggaataaaacattcagtgccacccaaaaaa
540 aaaaaaaaaaaaaa

```

图 1 眼镜王蛇泛素融合蛋白的核苷酸序列和推导出的氨基酸序列

Fig. 1 Nucleotide sequence and deduced amino acid sequence of ubiquitin fusion protein from *Ophiophagus hannah* 核苷酸序列方向为正向 (从 5' - 端到 3' - 端), 核苷酸序列上方为相应的氨基酸序列。前 76 个氨基酸残基组成泛素结构域, 后 52 个氨基酸残基组成核糖体蛋白 L40 结构域。●: 为泛素结构域与核糖体蛋白 L40 结构域的连接部分。*: 为终止密码子。Nucleotide residues of coding region are numbered in the 5' to 3' direction, and the predicted amino acid sequence is shown up. The N-terminal (first 76 amino acids) contains the ubiquitin domain. The C-terminal (52 amino acids) is ribosomal protein L40 domain. ●: The junction between ubiquitin and the ribosomal protein L40. *: Stop codon.

M V A A K

```

1  tggagcgctccttttgcaacggcagggccgacgtgagccggcaagATGGTGGCCGCCAAG
   K T K K S L E S I N S R L Q L V M K S G
62  AAGACGAAAAAGTCTTTAGAGTCCATAAACTCTAGGCTTCAGCTGGTTATGAAAAGTGGT
   K Y V L G Y K Q T L K M I R Q G K A K L
122 AAATATGTTCTTGGATATAAACAAACTCTGAAAATGATTGGCAGGGCAAAGCCAAGTTG
   V I L A N N C P A L R K S E I E Y Y A M
182 GTTATCCTAGCCAATAACTGTCCTGCTTTGAGAAAATCAGAAATTGAGTACTATGCTATG
   L A K T G V H H Y S G N N I E L G T A C
242 TTGGCCAAAAGTGGTGTGCATCACTACAGTGGCAATAATATTGAACTGGGAACAGCTTGT
   G K Y Y R V C T L A I I D P G D S D I I
302 GGAAGTACTACAGAGTATGTACACTTGCTATAATAGACCCAGGTGACTCTGATATCATT
   R S M P E Q T S E K *
362 AGAAGCATGCCAGAACAACCAAGTGAAGTAAaattaataaactttaattttgtgtaa
422 taaaactggctttaaatctgaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa

```

图 2 眼镜王蛇核糖体蛋白 L30 的核苷酸序列和推导出的氨基酸序列

Fig. 2 Nucleotide sequence and deduced amino acid sequence of ribosomal protein L30 from *Ophiophagus hannah*

核苷酸序列方向为正向(由 5' - 端到 3' - 端), 核苷酸序列上方为相应的氨基酸序列。* : 终止密码子。

Nucleotide residues of coding region are numbered in the 5' to 3' direction, and the predicted amino acid sequence is shown up. * : Stop codon.

氨基酸残基组成的核糖体蛋白前体(图 2)。该蛋白质为核糖体蛋白 L30。分析表明: 由该核苷酸序列推导出来的前体蛋白质分子量是 12.813 kD, 等电点是 9.65, 有 19 个碱性氨基酸残基。

2.2 序列比较

眼镜王蛇泛素融合蛋白氨基酸序列与 16 个不同物种的比较见图 3。结果表明, 眼镜王蛇与脊椎动物的泛素融合蛋白氨基酸序列相似性较高: 与人(*H. sapiens*)、猩猩(*P. pygmaeus*)、绵羊(*O. aries*)、小家鼠(*M. musculus*)的序列一致性达到了 100%; 与两栖类非洲爪蟾(*X. laevis*)、非洲蛙(*X. tropicalis*)一致性也是 100%; 与鸟类鸡(*G. gallus*)的稍微有点差异, 为 98%; 与鱼类虹鳟(*O. mykiss*)是 99%, 斑点叉尾鲟(*I. punctatus*)和文昌鱼(*B. belcheri*)的均为 97%。而与其他较低等真核生物的相似性较低: 如, 与轴孔珊瑚(*A. millepora*)氨基酸序列一致性为 95%, 与卷螺(*B. glabrata*)为 93%, 线虫(*C. elegans*)92%, 裂变酵母(*S. pombe*)90%, 稻瘟病菌(*M. grisea*)89%, 班氏吴策线虫(*W. bancrofti*)88%。

对 17 条编码泛素融合蛋白前体的 cDNA 序列(图 4)和 9 条编码核糖体蛋白 L30 前体的 cDNA 序列(图 5)分别构建系统进化树, 结果同样表明, 泛素融合蛋白和核糖体蛋白 L30 在不同的物种之间

都具有很高的保守性。

3 讨论

从眼镜王蛇泛素融合蛋白的 cDNA 序列推导出的氨基酸序列可以看出: 76 个氨基酸残基中有 24 个为疏水性的, 是形成稳定疏水核的基础。在其 6、11、27、29、33、48 和 63 位上均为赖氨酸残基。在泛素 C - 末端连接的 52 个氨基酸残基中, 碱性氨基酸, 即赖氨酸和精氨酸残基(K、R)竟有 16 个, 占氨基酸残基总数的 30.8%。其组成和真核生物的组蛋白类似, 高碱性氨基酸的组成有可能与其结合核内的特定区域相关。该蛋白质中 C 末端的 4 个半胱氨酸的位置为 Cys-X₂-Cys-X₁₀-Cys-X₄-Cys, 与“锌指”模式结构 Cys-X_{2,4}-Cys-X_{2,15}-Cys-X_{2,4}-Cys 相同。高碱性氨基酸残基和“锌指”模式表明, 这些区域是功能同源性所必需的。这两个模块在与核酸(如 rRNA)的连接中起作用, 参与核糖体的生物合成(Finley et al, 1989)。羧基末端延伸蛋白从第 47 到 52 位的氨基酸序列 - Pro-Lys-Lys-Lys-Val-Lys - 和病毒 SV40 的 T 抗原的核定位信号 - Pro-Lys-Lys-Lys-Arg-Lys-Val - 非常类似, 可能是该蛋白的核定位序列, 该序列在泛素融合蛋白与核内组蛋白的特异性结合中起着非常重要的作用(Lund et al,

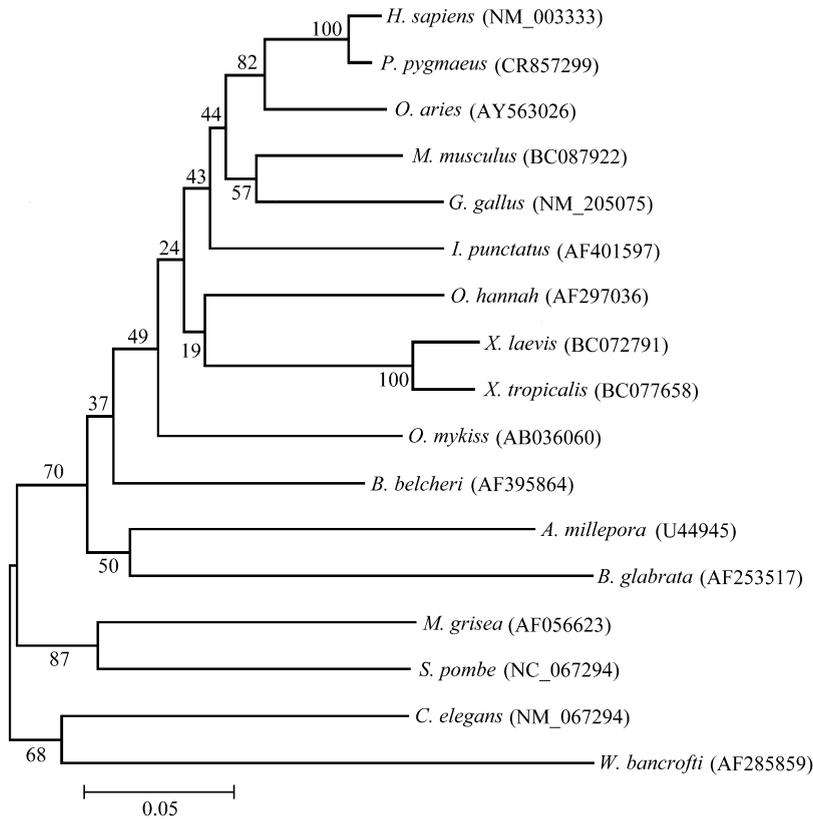


图 4 用邻接 (NJ) 法构建的 17 个物种泛素融合蛋白的核苷酸序列的系统进化树

Fig. 4 Phylogenetic tree of ubiquitin fusion protein nucleotide sequences from 17 species

节上的数字来自 NJ 法的自展值 (2 000 次重复)。Numbers at node are bootstrap values (2 000 replicates).

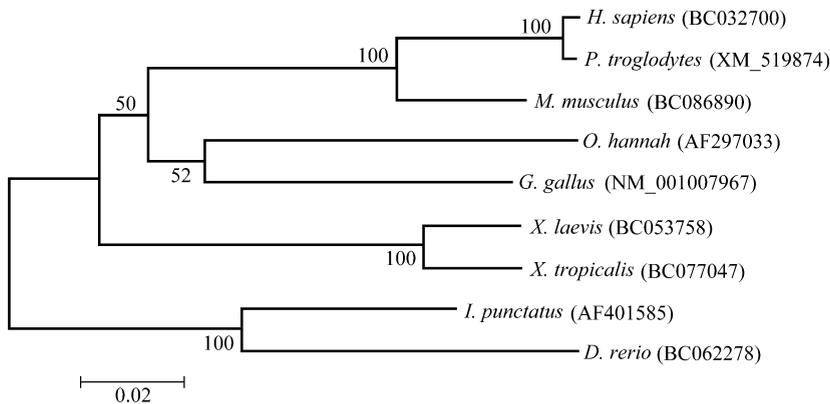


图 5 用邻接 (NJ) 法构建的 9 个物种核糖体蛋白 L30 的核苷酸序列的系统进化树

Fig. 5 Phylogenetic tree of ribosomal protein L30 nucleotide sequences from 9 species

节上的数字来自于 NJ 法的自展值 (2 000 次重复)。Numbers at node are bootstrap values (2 000 replicates).

参考文献:

- Baker RT, Board PG. 1991. The human ubiquitin-52 amino acid fusion protein gene shares several structural features with mammalian ribosomal protein genes [J]. *Nucleic Acids Research*, **19** (5): 1035 - 1040.
- Finley D, Bartel B, Varshavsky A. 1989. The tails of ubiquitin precursors are ribosomal proteins whose fusion to ubiquitin facilitates ribo-

- some biogenesis [J]. *Nature*, **338** (6214): 394 - 401.
- Gill G. 2004. SUMO and ubiquitin in the nucleus: Different functions, similar mechanisms [J]. *Genes Dev.*, **18** (17): 2046 - 2059.
- Hershko A, Ciechanover A. 1998. The ubiquitin system [J]. *Annu. Rev. Biochem.*, **67**: 425 - 479.
- Hershko A, Ciechanover A, Varshavsky A. 2000. Basic medical re-

- search award: The ubiquitin system [J]. *Nat. Med.*, **6** (10): 1073 - 1081.
- He YY, Lee WH, Zhang Y. 2004. Cloning and purification of alpha-neurotoxins from king cobra (*Ophiophagus hannah*) [J]. *Toxicon*, **44** (3): 295 - 303.
- Kumar S, Tamura K, Jakobsen IB, Nei M. 2001. MEGA2: Molecular evolutionary genetics analysis software [J]. *Bioinformatics*, **17** (12): 1244 - 1245.
- Lund PK, Moats-Staats BM, Simmons JG, Hoyt E, D'Ercole AJ, Martin F, Van Wyk JJ. 1985. Nucleotide sequence analysis of a cDNA encoding human ubiquitin reveals that ubiquitin is synthesized as a precursor [J]. *J. Biol. Chem.*, **260** (12): 7609 - 7613.
- Sun L, Chen ZJ. 2004. The novel functions of ubiquitination in signaling [J]. *Curr. Opin. Cell. Biol.*, **16** (2): 119 - 126.
- Vilardell J, Yu SJ, Warner JR. 2000. Multiple functions of an evolutionarily conserved RNA binding domain [J]. *Mol. Cell.*, **5** (4): 761 - 766.
- Zhu JC, Wang T, Chen KC. 1999. Components and functions of the ubiquitin system: I. Components, recognition of substrates and protein ubiquitination [J]. *Chinese Bulletin of Botany*, **16**: 208 - 218. [朱经春, 王 台, 陈克成. 1999. 泛素系统的组成和功能——I. 系统组成、底物识别与蛋白质泛肽化. *植物学通报*, **16**: 208 - 218.]

科学信息开放获取战略与政策国际研讨会在京召开

开放获取 (Open Access) 是国际科技界、学术界、出版界、信息传播界为推动科研成果利用因特网自由传播而发起的运动, 以此促进科学信息的广泛传播、促进学术信息的交流与出版、提升科学研究的公共利用程度、保障科学信息的长期保存。近几年来, 以德国马普学会 (Max Planck Society)、开放社会协会 (Open Society Institute) 等为代表的许多科研机构、行业协会、社会组织积极推动科技信息开放获取运动, 2002 年发布了《布达佩斯开放获取计划》 (Budapest Open Access Initiative), 2003 年发布了《关于自然科学与人文科学资源的开放获取的柏林宣言》 (Berlin Declaration on Open Access to Knowledge in the Sciences and Humanities)。2003 年 12 月 29 日, 中国科学院院长路甬祥院士代表中国科学家签署了《柏林宣言》。2004 年 5 月, 中国科学院院长路甬祥院士、中国国家自然科学基金委员会主任陈宜瑜院士代表中国科学院和中国国家自然科学基金会签署了《柏林宣言》, 表明中国科学界和科研资助机构支持开放获取的原则立场。

为学习吸取世界各国开放获取的经验, 推动科技信息开放获取在中国的开展, 为中国政府部门和相关机构提供相关战略和政策的建议, 由中国科学院和 IAP (国际科学院组织) 主办的“科学信息开放获取战略与政策国际研讨会”于 2005 年 6 月 22—24 日在北京中国科学院文献情报中心隆重召开。

会议由国家科技图书文献中心协办, 中国科学院文献情报中心和开放社会协会 (Open Society Institute, 简称 OSI)、图书馆电子信息联盟 (Electronic Information Federation for Libraries, 简称 eIFL) 组织共同承办。中国科学院副院长李静海院士担任会议组委会主席。

研讨会邀请来自美国、英国、加拿大、荷兰、德国、法国、瑞典、芬兰、印度等多个国家在开放获取运动的 20 多位著名学者和政策制定者, 全面介绍所在国家或机构的开放获取运动的发展。来自我国的有关专家也就中国推动科技信息开放获取做了发言。国家科技图书文献中心主任袁海波、文化部社会文化图书馆司副司长刘小琴, 以及来自于国家自然科学基金委、国家版权局版权司、中国出版科学研究所、国家图书馆、中国高等教育文献保障系统、北京大学、清华大学以及有关期刊出版机构等全国 50 家单位的近 80 位代表参加了此次会议。

研讨会从一个侧面反映了国际上开放获取的发展现状和趋势。一些国家政府和科研资助机构在积极倡导由公共投资支持的科研成果应该为全社会所免费利用和共享, 并通过制订政策来加以保障。一些机构建立了开放获取期刊或将传统的期刊转变为开放获取期刊, 有很多机构建立了将本机构的科研成果加以保存、管理和提供利用的机构知识库 (institutional repository)。

作为在中国第一次召开的关于科技信息开放获取的国际会议, 本次会议向国内学术界、出版界、图书馆界系统宣传介绍了国际开放获取运动的发展及影响, 展现了众多国际著名的开放获取出版机构和高质量的开放获取期刊, 为国内学术界和科研机构提供了学习各国在制订和实施开放获取战略与政策方面经验的平台, 将推动我国的科研机构、出版机构、信息传播机构在科技信息开放获取方面的发展, 促进中国科研成果在更广泛范围内的开放交流, 促进我国科技成果长期保存和科技遗产保护。

本次会议的详细情况以及会议期间的各个报告将在会议网站发布, 请见:

<http://libraries.csdll.ac.cn/meeting/openaccess.asp>