

## 健康人血红蛋白紫外可见吸收光谱和 FTIR 光谱

丘家杵<sup>1,4</sup>, 阮萍<sup>2,4\*</sup>, 雍军光<sup>3</sup>, 冯博华<sup>2,4</sup>, 黄代政<sup>5</sup>, 沈洪涛<sup>6</sup>

1. 广东药科大学劳动卫生与环境卫生学系, 广东 广州 510310
2. 广东药科大学生物医学工程系, 广东 广州 510006
3. 广东药科大学附属门诊部, 广东 广州 510235
4. 广东省医药 3D 打印机及个性化医疗工程技术研究中心, 广东 广州 510006
5. 广西医科大学生物医学工程系, 广西 南宁 530021
6. 广西师范大学物理科学与技术学院, 广西 桂林 541001

**摘要** 为了探究健康人固体血红蛋白(hemoglobin, Hb)的紫外可见吸收光谱和傅里叶变化红外光谱的谱学特征, 将 21~80 岁健康人分成四个年龄阶段组, 采用葡聚糖层析法高度纯化新鲜血液红细胞内的 Hb, 利用冷冻干燥法获得结构稳定的 Hb 固体, 测定四组样本的 Hb 紫外可见吸收光谱和 FTIR 光谱; 利用 OMN-IC 8.0 软件的 QC 比较分析功能、全光谱特征分析和二级结构分析首次归纳得出健康人 Hb 的紫外光谱及 FTIR 光谱。分析显示样本间, 四组间 Hb 紫外可见吸收光谱和 FTIR 光谱高度相同, FTIR 光谱间的匹配度高达 95%; 所有样本 Hb 的紫外光谱均有 5 个特征吸收峰, 吸收峰所在位置的吸光度、波长相同; FTIR 光谱均有 13 个特征吸收峰, 吸收峰所在位置的吸光度、波数是相同的; Hb 紫外吸收光谱显示健康人 Hb 拥有相同的三级结构, FTIR 光谱的特征吸收带 Amide I 带二阶导数谱匹配度高达 99%, 其二级结构均由 11 个子峰构成, 组成则以  $\alpha$ -螺旋为主。研究得出健康人 Hb 的紫外可见吸收光谱和 FTIR 光谱, 并通过初步分析得到 Hb 的光谱学特征和结构特点, 有助于研究相关疾病。

**关键词** 健康人; 血红蛋白; 紫外光谱; FTIR; 参照光谱

**中图分类号:** O657.3 **文献标识码:** A **DOI:** 10.3964/j.issn.1000-0593(2020)05-1425-06

### 引言

人血红蛋白是由 2 个  $\alpha$  和 2 个  $\beta$  亚基组成的四聚体, 最重要的功能是运输氧到人体组织器官供细胞代谢, 维持其正常功能。此外还能调节红细胞代谢, 参与电子传递等过程<sup>[1]</sup>。迄今为止, 相关研究发现了超过 1000 种与血红蛋白合成或结构异常相关的疾病<sup>[2]</sup>, 缺乏有效临床手段治愈此类疾病, 提示现有的知识仍无法满足相关疾病的诊疗需求<sup>[3]</sup>, 这就需要进一步研究 Hb 的特性、结构与功能。

以往物质分析技术大多会在测试过程中损坏被测样本, 光谱学方法有不破坏测试样本的优势。紫外可见吸收光谱(ultraviolet visible absorption spectra)和傅里叶红外变换光谱(Fourier transform infrared spectroscopy, FTIR)可以不破坏物质结构的前提下对物质结构、组成和含量等进行分析。

紫外可见吸收光谱可以用于分析蛋白质结构和研究蛋白质间相互作用等<sup>[4]</sup>。FTIR 则还有扫描快、高分辨率和高灵敏度等特点。近年来, FTIR 广泛的应用于各行业包括食品、农业、药物和炼油与化工等的研究中; 在医学上的应用也越来越受关注, 应用范围也越来越广, 如利用 FTIR 研究证明乳腺疾病的病理学等级与微钙化存在关联, 提出可基于 FTIR 建立更有效的疾病诊断方法<sup>[5]</sup>; 利用 FTIR 可实时监测药物作用时乳腺癌细胞的病理生理学改变, 基此实时评价药物疗效, 从微观层面了解病理生理学改变和药物作用对治疗有重大意义。FTIR 技术的高精确度、灵敏度和良好的可重复性, 可以准确的对蛋白质结构等进行分析<sup>[6]</sup>。

有关 Hb 光谱研究的常见的报道是探究外界条件或疾病对 Hb 光谱的影响, 如环境条件发生改变或受到电离辐射或长期处于某些慢性疾病状态时, 人的 Hb 光谱就会发生相应的改变, 提示 Hb 结构功能的改变<sup>[7-9]</sup>。而高纯度且覆盖年龄

收稿日期: 2018-11-30, 修订日期: 2019-03-02

基金项目: 广东省科技计划项目(2016A020215162), 国家自然科学基金项目(11765004, 81860604)资助

作者简介: 丘家杵, 1993 年生, 广东药科大学公共卫生学院硕士研究生 e-mail: qjc793509738@163.com

\* 通讯联系人 e-mail: ruanping@gdpu.edu.cn

段较广的健康人红细胞中 Hb 光谱的研究几乎没有报道,因此本研究将通过紫外可见吸收光谱和 FTIR 光谱技术探究健康人 Hb 的光谱学特征,初步建立健康人 Hb 的参照光谱,为以后利用光谱学研究疾病或环境与 Hb 结构的关系提供参考对照图谱。

## 1 实验部分

### 1.1 仪器与材料

Tensor37 傅里叶变换红外光谱仪 (Bruker, 德国), U-3010 紫外光谱仪 (日立, 日本), JY600C 电泳仪 (君意, 北京), 台式冷冻高速离心机 (Hettich Mikro, 德国), 8000-14000 透析袋 (索莱宝, 北京)。

### 1.2 研究对象与采样

#### 1.2.1 样本

随机选取经医院体检为健康的 21~80 岁成人共 232 名,均为汉族;机体随着年龄增长而逐渐老化,血液成分亦会发生相应改变<sup>[10-11]</sup>,故将年龄划分为 4 组,分别是 a 组 21~35 岁 63 人(男 31 人,女 32 人),b 组 36~50 岁 60 人(男 31 人,女 29 人),c 组 51~65 岁 58 人(男 30 人,女 28 人),d 组 66~80 岁 51 人(男 25 人,女 26 人)。

#### 1.2.2 样本采集与 Hb 样品制备

研究对象至少禁食 8 h,抽取肘部外周静脉血于 EDTA-K2 抗凝管。于 12 h 内将 2 mL 全血样品用生理盐水洗涤后 3 000 r·min<sup>-1</sup> 离心 10 min,除上层血浆及中间绒毛层细胞,重复 3 次。加蒸馏水于 4 °C 冰箱破裂 12 h,4 °C 12 000 r·min<sup>-1</sup> 离心 45 min,取上层 Hb 溶液用 G-75 葡聚糖凝胶层析法纯化 Hb,浓缩后聚丙烯酰胺凝胶电泳 (SDS-PAGE) 鉴定 Hb 纯度达 95% 以上。部分纯化 Hb 溶液样品用于紫外光谱测试,另一部分冷冻干燥后用于 FTIR 光谱测试。

### 1.3 测试分析与数据处理

以 2 mL 去离子水稀释 100  $\mu$ l 待测 Hb 溶液样品,紫外光谱扫描波长范围设定为 190~800 nm,精度  $\pm 0.1$  nm,测试前进行空白扫描与背景扣除,每个样本重复测量 3 次,取其均值图谱。

Hb 粉末与 KBr 粉末比例混合制成锭片,红外光谱仪采用空气冷却 DTGS 检测器,扫描的范围为 4 000~400 cm<sup>-1</sup>,重复扫描 64 次,分辨率设置为 4 cm<sup>-1</sup>,室温 25 °C,湿度控制在 25% 以下。扫描前以纯 KBr 窗片作空白背景,进行水汽与 CO<sub>2</sub> 自动校正,重复 3 次,取其均值图谱。

紫外可见吸收光谱采用 origin9.0 软件进行分析;健康人 Hb 红外光谱数据使用 OPUS 7.0 软件采用 11 点最小二乘法平滑函数法进行处理,为消除压片浓度差影响将光谱纵坐标归一化。利用 OMNIC 8.0 软件的 QC 比较功能分析光谱间的相似度,对红外光谱特征吸收带 Amide I 带 (1 700~1 600 cm<sup>-1</sup>) 进行二阶导数和傅里叶去卷积处理,根据二阶导数谱和去卷积谱所得信息结合 Peak Fit 4.0 软件对 Amide I 带进行 Gaussian 曲线拟合处理,获得 Hb Amide I 带二级结构组成。使用 SAS 9.4 软件进行统计学分析, $p < 0.05$  为有统计学意义。

## 2 结果与讨论

### 2.1 Hb 紫外吸收光谱及其吸收峰指认

测得的 4 组 Hb 紫外光谱如图 1 中 a, b, c, d 所示,4 组 Hb 紫外光谱的谱形相同,吸收峰位位置相同。4 组 Hb 平均紫外光谱在 190~800 nm 的范围主要有 5 个吸收峰,峰位均位于 274, 346, 414, 540 和 576 nm 处,如图 2 所示。其中 274 nm 处的吸收峰由 Hb 的酪氨酸、色氨酸及苯丙氨酸残基的共轭发色团吸收紫外光而产生,体外研究表明 Hb 在处于异常状态时会导致增色或减色效应,可能导致三级结构发生变化,导致原本包裹的芳香族氨基酸残基暴露于溶液中<sup>[4, 12]</sup>; 414 nm 处的吸收峰是血红素卟啉环的特征吸收峰,540 和 576 nm 处的吸收峰分别属于氧合血红蛋白 (HbO<sub>2</sub>) 的  $\alpha$  和  $\beta$  吸收峰,反映的是 Hb 的携氧能力<sup>[4, 12]</sup>。各年龄组 Hb 紫外光谱 5 个吸收峰处的平均吸光度值见表 1,各年龄组相对应特征峰位的吸光度值的差异无统计学意义 ( $p > 0.05$ ),结合图 1 说明随着年龄增长 Hb 紫外光谱不会发生改变。

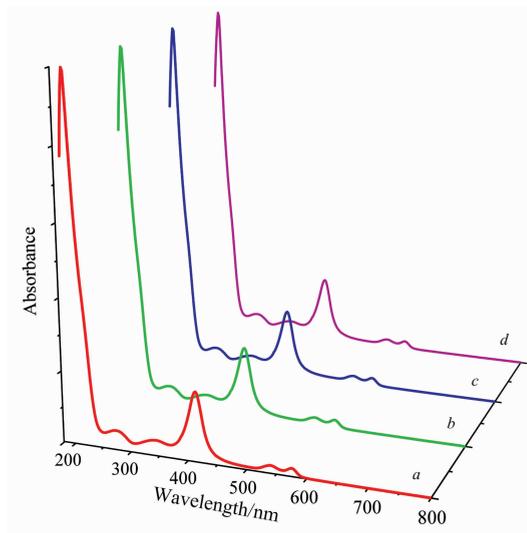


图 1 4 组血红蛋白紫外可见吸收光谱

Fig. 1 UV-Visible absorption spectra of Hb

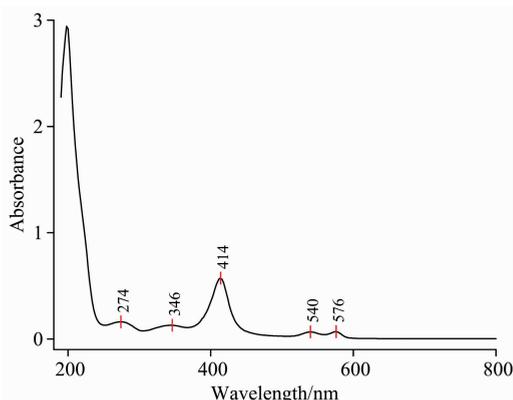


图 2 血红蛋白紫外可见吸收光谱

Fig. 2 Representative UV-Visible absorption spectra of Hb sample

表 1 4 组血红蛋白紫外可见吸收光谱吸收峰均值±标准差  
Table 1 Mean values and standard deviations of UV-Visible absorption spectra of Hb

Group	Absorbance				
	274	344	414	540	576
a	0.051 6±0.008 2	0.041 4±0.006 7	0.185 6±0.032 4	0.020 9±0.003 7	0.021 8±0.004 0
b	0.052 2±0.008 7	0.041 9±0.007 0	0.187 5±0.033 0	0.021 1±0.003 8	0.022 1±0.004 2
c	0.052 1±0.008 8	0.041 8±0.007 1	0.186 5±0.033 4	0.021 1±0.003 9	0.022 0±0.004 2
d	0.051 4±0.008 4	0.041 3±0.006 8	0.184 5±0.032 7	0.020 8±0.003 7	0.021 7±0.004 1

2.2 Hb FTIR 光谱及其吸收峰指认

4 组 Hb FTIR 平均光谱如图 3 所示, 经过基线校正、纵坐标归一化等消除实验误差, 获得 Hb FTIR 全信息光谱。a, b, c, d 分别代表的 4 组 Hb 平均光谱显示各组间相应吸收峰均有相同位置, 峰形相同。通过 QC 比较统计学功能可以分析光谱间的差异, 当光谱间相似度为 100 时, 说明光谱是完全一样的, 但即使是同一物质, 不同制样批次所测得的光谱也会由于实验误差和仪器的精确度导致的细微差异<sup>[7]</sup>。根据 Hb 全信息红外光谱相似性比较可以反映不同健康人的 Hb 样本的 FTIR 光谱是否相同。同年龄组组内 Hb 样品间的 FTIR 光谱相似性结果和组间平均光谱相似性结果见表 2, 年龄组内和组间的 Hb 光谱相似性都达到了 95% 以上, 光谱间的细微差异可能是由于制样及压片等误差造成的, 初步说明同一年龄组的健康成人 Hb FTIR 光谱可能是相同的。

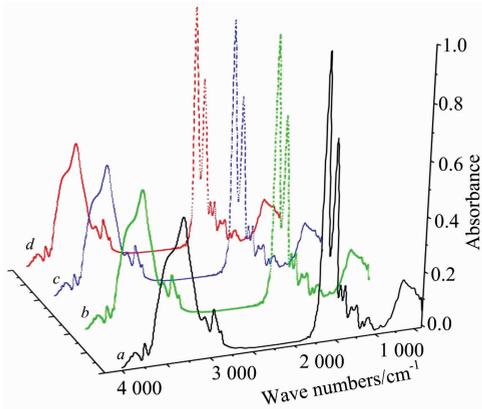


图 3 4 组血红蛋白 FTIR 光谱  
Fig. 3 FTIR spectra of Hb

表 2 血红蛋白 FTIR 光谱相似性  
Table 2 The spectral similarity of Hb

组别	全光谱相似度/%	
	组内比较	组间比较
a	>96	a vs b=97.2 a vs c=97.5 a vs d=96.2
b	>96	b vs c=96.5 b vs d=96.7
c	>96	c vs d=96.6
d	>95	d vs a=96.2

通过上述检测分析, 获得的健康人 Hb FTIR 光谱如图 4

所示, 在研究病例时, 可作为健康对照光谱进行比较分析。健康人 Hb FTIR 光谱主要由 Amide I 区、Amide II 区、Amide III 区、Amide IV 区、Amide V 区、Amide VI 区、Amide VII 区、Amide A 区、Amide B 区九个 Amide 模型吸收带组成。在 4 000~400 cm<sup>-1</sup> 的中红外光谱范围内均主要有 13 个特征吸收谱带, 吸收谱带的位置及其归属见表 3。

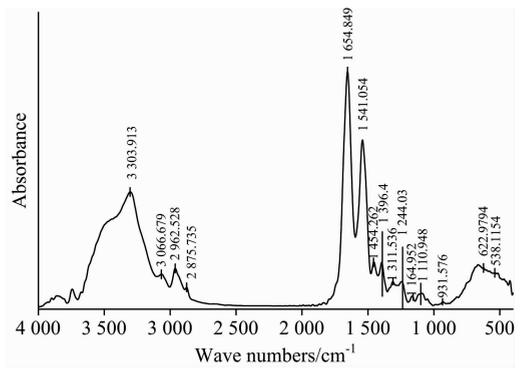


图 4 血红蛋白 FTIR 光谱

Fig. 4 Representative FTIR spectra of Hb

表 3 血红蛋白 FTIR 光谱吸收带归属

Table 3 General band assignment of FTIR spectra of 4 groups Hb

波数/cm <sup>-1</sup>	吸收带归属
3 304	酰胺 A 带: N—H 伸缩振动
3 067	酰胺 B 带: N—H 弯曲
2 963	—CH <sub>3</sub> 的不对称伸缩振动
2 876	—CH <sub>3</sub> 对称伸缩振动
1 655	酰胺 I 带(80% C=O 伸缩振动, 10% N—H 弯曲, 10% C—N 伸缩振动)
1 541	酰胺 II 带(60% N—H 弯曲, 40% C—N 伸缩振动)
1 454	CH <sub>2</sub> 弯曲
1 396	CH <sub>3</sub> 对称伸缩振动
1 312	酰胺 III 带
1 244	酰胺 III 带
1 165	CO—O—C 对称伸缩振动
1 111	C—O 伸缩振动
932	C—C=N 伸缩振动

2.3 Hb FTIR 光谱 Amide I 带分析

2.3.1 Hb FTIR 光谱 Amide I 带分析及其子峰指认

4 组 Hb 的平均 FTIR 光谱 Amide I 带的二阶导数光谱如图 5 所示, Hb 的 Amide I 带作为特征吸收带, 其对 Hb 的二级结构变化十分敏感, 可灵敏反映 Hb 的二级结构改变和样品光谱间差异。Amide I 带在 FTIR 光谱中常为相互重

叠形成的宽峰,常对红外光谱数据进行二阶导数处理以分辨 Amide I 带中被重叠掩盖的子峰,获得更全面的蛋白质结构信息。4 个年龄组组内各样品光谱间和组间光谱 Amide I 带二阶导数相似性结果见表 4,组内光谱间和组间光谱 QC 比较分析得相似性均高于 99%,其中的微小差异是由于误差而产生的,说明 4 组 Hb FTIR 光谱的二阶导数谱是相同的。

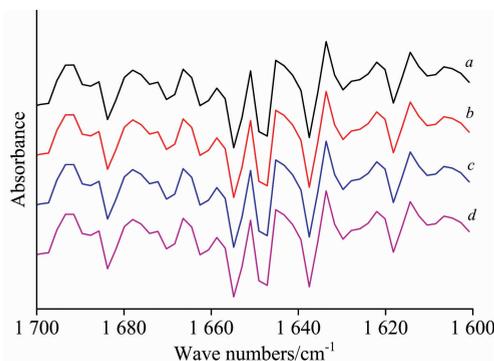


图 5 4 组血红蛋白酰胺 I 带二阶导数谱

Fig. 5 Secondary derivative spectra of Amide I bands of Hb

表 4 血红蛋白酰胺 I 带二阶导数谱吸收带均值±标准差和相似度

Table 4 The mean values and standard deviations of wavenumbers of the Amide I bands and spectral similarities of these secondary-derivative of Hb

Group	酰胺 I 带 (均值±标准差)	酰胺 I 带二阶导数谱相似度/%	
		组内比较	组间比较
a	1 611.7±0.2, 1 691.2±0.3	>99	a vs b=99.9
			a vs c=99.5
			a vs d=99.6
b	1 611.6±0.4, 1 691.2±0.04	>99	b vs c=99.7
			b vs d=99.8
c	1 611.6±0.2, 1 691.3±0.5	>99	c vs d=99.9
d	1 611.5±0.3, 1 691.3±0.8	>99	d vs a=99.6

健康人 Hb 二阶导数谱及其傅里叶去卷积谱如图 6 所示,其中二阶导数谱为负峰,傅里叶去卷积谱为正峰,傅里叶去卷积谱的峰位与二阶导数谱峰一致,Hb 二阶导数谱和傅里叶去卷积谱均有 11 个子峰,子峰谱带归属结果见表 5<sup>[7, 13]</sup>。

### 2.3.2 Hb FTIR 光谱 Amide I 带二级结构含量分析

FTIR 还可以用于定量分析物质的结构含量,可以进一步的了解物质的结构。利用 peakfit 4.0 软件通过曲线拟合的方式直观的展示 Amide I 带的子峰谱,峰位,峰面积等,同时可定量分析健康人 Hb Amide I 带的二级结构组成。Hb 平均红外光谱 Amide I 区的曲线拟合的图谱见图 7,从上至下依次是典型原始谱、拟合计算谱、拟合各子谱,结合 Amide I 带的二阶导数和去卷积光谱分析得到的子峰归属结果,对 Hb 二级结构进行曲线拟合定量计算,得到的 Hb Amide I 带各二级结构含量计算结果见表 6,健康人 Hb 的二级结构含量高低顺序依次为 α-螺旋、β-折叠、β-转角、无规卷曲,说明健康人 Hb 的 Amide I 带二级结构是以 α-螺旋为主的稳

定结构。

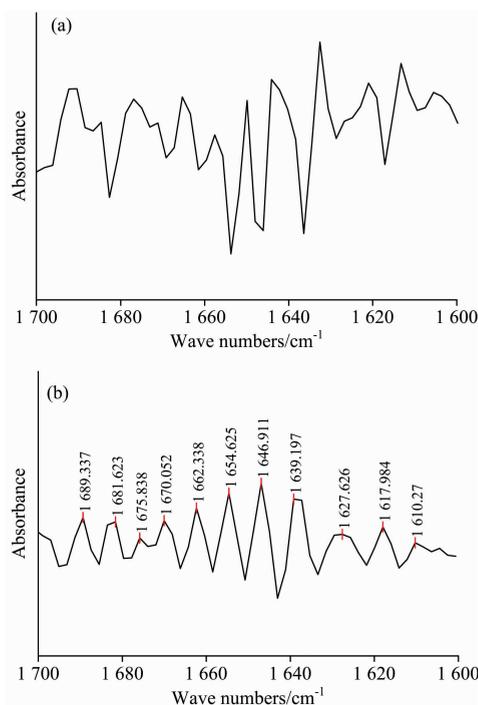


图 6 血红蛋白酰胺 I 带二阶导数谱和去卷积谱 (a): 二阶导数谱; (b): 去卷积谱

Fig. 6 Secondary-derivative and deconvolution spectra of Amide I bands of Hb

(a): Secondary derivative; (b): Deconvolution

表 5 血红蛋白二阶导数谱吸收带归属

Table 5 General band assignment of secondary-derivative spectra of Amide I bands of Hb

波数/cm⁻¹	谱带归属
1 609~1 621	分子间反平行 β 折叠
1 622~1 636	分子内 β 折叠
1 637~1 645	无规卷曲
1 646~1 657	α 螺旋 C=O 伸缩振动
1 658~1 667	非典型螺旋结构
1 668~1 682	β 转角
1 683~1 695	分子间平行 β 折叠

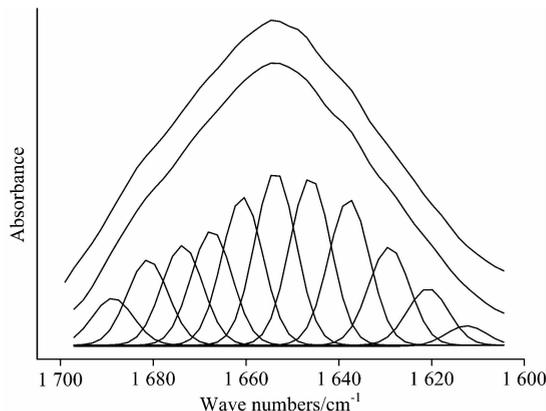


图 7 血红蛋白 Amide I 带曲线拟合图谱

Fig. 7 Gaussian fitting of Amide I band of Hb

表 6 血红蛋白二级结构组分含量

Table 6 Percentage of secondary structure of Hb

二级结构	$\alpha$ 螺旋/%	$\beta$ 折叠/%	$\beta$ 转角/%	无规卷曲/%
占比	43.7	25.0	18.9	12.4

### 3 结 论

检测得到健康人 Hb 的紫外可见吸收光谱和 FTIR 光

谱; 通过光谱学特征分析, 获得了健康人 Hb 的光谱学特征及结构信息; 发现健康人的 Hb 紫外可见吸收光谱、FTIR 光谱不受年龄因素影响。分析测得的 Hb 紫外可见吸收光谱、FTIR 光谱的光谱学特征, FTIR 光谱的特征吸收带 Amide I 带的二级结构分析发现健康人 Hb Amide I 带由 11 个子峰重叠而形成, 其二级结构是以  $\alpha$ -螺旋为主的稳定结构。为医学病理研究提供了健康人 Hb 的相关信息。

**致谢:** 感谢广东省医药 3D 打印机及个性化医疗工程技术研究中心提供的技术支持。

### References

- [ 1 ] Gell David A. Blood Cells Mol. Dis. , 2018, 70: 13.
- [ 2 ] Weatherall David J. Blood, 2010, 115(22): 4331.
- [ 3 ] Thakkar S V, Allegre K M, Joshi S B, et al. Journal of Pharmaceutical Sciences, 2012, 101(9): 3051.
- [ 4 ] Hosseinzadeh Reza, Moosavi-Movahedi Ali Akbar. Spectrochim Acta Part A Mol. Biomol. Spectrosc. , 2016, 157: 41.
- [ 5 ] Baker R, Rogers K D, Shepherd N, et al. Br. J. Cancer, 2010, 103: 1034.
- [ 6 ] Jiang Y, Li C, Nguyen X, et al. Journal of Pharmaceutical Sciences, 2011, 100(11): 4631.
- [ 7 ] Lu R, Li W W, Katzir A, et al. Analyst, 2016, 141(21): 6061.
- [ 8 ] Ye S, Ping R, Yong J, et al. SCIENTIFIC REPORTS, 2016, 6: 33352.
- [ 9 ] De Oliveira Gisele Capanema, Maia Grazielle Aparecida S, Cortes Vanessa Faria, et al. Ann. Hematol. , 2013, 92(7): 899.
- [10] Noh J Y, Oh S H, Lee J H, et al. Experimental Dermatology, 2010, 19(4): 339.
- [11] Wadley, Alex J, Zanten V, et al. AGE, 2013, 35(3): 705.
- [12] Antoine Rodolphe, Dugourd Philippe. Phys. Chem. Chem. Phys. , 2011, 13: 16494.
- [13] Pal Prabir, Mahato Mrityunjoy, Kamilya Tapanendu, et al. Phys. Chem. Chem. Phys. , 2011, 13: 9385.

## UV-Visible Absorption Spectra and FTIR of Hemoglobin of Healthy People and Its Spectroscopic Analysis

QIU Jia-chu<sup>1,4</sup>, RUAN Ping<sup>2,4\*</sup>, YONG Jun-guang<sup>3</sup>, FENG Bo-hua<sup>2,4</sup>, HUANG Dai-zheng<sup>5</sup>, SHEN Hong-tao<sup>6</sup>

1. Department of Occupational and Environmental Health, Guangdong Pharmaceutical University, Guangzhou 510310, China
2. Department of Biomedical Engineering, Guangdong Pharmaceutical University, Guangzhou 510006, China
3. Department of Endocrinology, The Affiliated Outpatient Department of Guangdong Pharmaceutical University, Guangzhou 510235, China
4. Guangdong Province Engineering & Technology Research Center for Medical 3D Printer and Personalized Medicine, Guangzhou 510006, China
5. Department of Biomedical Engineering, Guangxi Medical University, Nanning 530021, China
6. College of Physics and Technology, Guangxi Normal University, Guilin 541001, China

**Abstract** This study focused on the UV-Visible absorption spectra and the Fourier-infrared spectroscopy of hemoglobin (Hb) in healthy humans and analyzed its spectral characteristics to obtain the UV-Visible absorption spectrum and FTIR of solid Hb with a stable structure in healthy humans. The 21 ~ 80-year-old subjects were divided into 4 groups to collect blood samples. Hemoglobin was purified by G-75 glucan after centrifugation, Structure-stable Hb solids were obtained by the freeze-drying method, and Hb of four groups were determined Ultraviolet-visible absorption spectroscopy and FTIR spectroscopy. QC comparative analysis, full-spectral characterization and secondary structure analysis were used to obtain the UV and FTIR spectra of healthy human Hb. The analysis showed that the Hb UV-visible absorption spectra and FTIR spectra were the same between the four groups. The matching between the QC and the FTIR spectra was as high as 95%. The UV spectra of all the samples had five characteristic absorption peaks, and the absorption peaks absorbance and wavelength of the position were same. The FTIR spectrum had 13 characteristic absorption peaks, and the absorbance and wave number of the position of the absorption

peak between different samples were same; preliminary analysis of Hb ultraviolet absorption spectrum showed that healthy human Hb had the same tertiary structure. The characteristic absorption band of FTIR spectrum Amide I band had second derivative spectrum matching degree of up to 99%, and its secondary structure was composed of 11 sub-peaks, and the composition was mainly  $\alpha$ -helix. The UV-Vis absorption spectroscopy and FTIR spectroscopy of the structurally stable solid human Hb were obtained. The spectroscopy and structural characteristics of Hb were obtained through preliminary analysis, which was helpful to study related diseases.

**Keywords** Healthy people; Hemoglobin; UV spectrum; FTIR; Standard spectrum

(Received Nov. 30, 2018; accepted Mar. 2, 2019)

\* Corresponding author

## 《光谱学与光谱分析》期刊社决定采用 ScholarOne Manuscripts 在线投稿审稿系统

《光谱学与光谱分析》期刊社与汤森路透集团签约,自 2010 年 12 月 1 日起《光谱学与光谱分析》决定采用 Thomson Reuters 旗下的 ScholarOne Manuscripts 在线投稿审稿系统。

- ScholarOne Manuscripts, 该系统不仅能轻松处理稿件,而且能提速科技交流。
- 全球已有 360 多家学会和出版社的 3 800 多种期刊选用了 ScholarOne Manuscripts 系统作为在线投稿、审稿平台,全球拥有超过 1 350 万的注册用户,代表着全球学术期刊在线投审稿的一流水平。
- ScholarOne Manuscripts 与 EndNote, Web of Science 无缝链接和整合;使科研探索、论文评阅和信息传播效率大为提高。
- ScholarOne Manuscripts 是汤森路透科技集团的一个业务部门,拥有丰富的学术期刊业务经验,为学术期刊提供综合管理工作流程系统,使期刊更有效管理投稿、同行评审、加工和发表过程,提高作者心中的专业形象,缩短论文发表时间,削减管理成本,帮助期刊提高科研绩效和实现学术创新。

《光谱学与光谱分析》采用“全球学术期刊首选的在线投稿审稿系统—ScholarOne Manuscripts”,势必对 2010 年 11 月 30 日以前向本刊投稿的作者在查阅稿件信息时,会带来某些不便,在此深表歉意!为了推进本刊的网络化、数字化、国际化进程,以实现与国际先进出版系统对接;为了不断提高期刊质量,加快网络化、数字化建设,加快与国际接轨的进程,希望能得到广大作者、读者们的支持与理解,对您的理解和配合深表感激。这是一件新事物,肯定有不周全、不完善的地方,让我们共同努力,不断改进和完善起来。

《光谱学与光谱分析》期刊社

2010 年 12 月 1 日