

# 盐地碱蓬内生中度嗜盐菌的分离 与系统发育多样性分析

崔春晓 戴美学 夏志洁\*

(山东师范大学生命科学学院 山东 济南 250014)

**摘要:** 为了了解东营滨海盐地碱蓬植株内生中度嗜盐菌的多样性, 采用传统分离鉴定技术和基于 16S rRNA 序列分析对样品中可培养细菌的多样性进行研究。根据其生理生化特征、16S rRNA 序列测定和系统发育分析, 分离获得的 15 株内生菌可分为 4 个类群, 涉及 Halomonadaceae 科的 *Chromohalobacter* 属、*Kushneria* 属、*Halomonas* 属以及 Bacillaceae 科的 *Bacillus* 属。类群 I 中 4 菌株的 16S rRNA 序列与 *Chromohalobacter israelensis* 的最高相似性为 95%。类群 II 共 7 株菌, 归属于 *Kushneria* 属, 是碱蓬内生中度嗜盐菌中的优势类群。类群 III 菌株的 16S rRNA 序列与一株尚无明确分类地位的 Gammaproteobacteria 亚门耐盐固氮细菌 *Haererehalobacter* sp. JG 11 的相似性为 99%。类群 IV 中的芽孢杆菌的 16S rRNA 序列与已知细菌的相似性为 96%, 很可能代表了 *Bacillus* 属的新种。各种水解酶类的分析表明, 在分离的 15 株菌中有 3 株菌产蛋白酶, 14 株产酯酶, 8 株产 DNA 酶, 11 株产半乳糖苷酶, 14 株产脲酶。研究结果揭示, 盐地碱蓬中存在较为丰富的中度嗜盐菌多样性和系统发育多样性, 并且潜藏着较多的新的微生物类群。

**关键词:** 中度嗜盐菌, 盐地碱蓬, 系统发育分析

## Phylogenetic Diversity of Endophytic Moderately Halophilic Bacteria Isolated from *Suaeda salsa* L.

CUI Chun-Xiao DAI Mei-Xue XIA Zhi-Jie\*

(College of Life Science, Shandong Normal University, Jinan, Shandong 250014, China)

**Abstract:** The traditional isolation and identification method and analysis based on 16S rRNA sequences were used to investigate the phylogenetic diversity of endophytic moderately halophilic bacteria of *Suaeda salsa* L. in Dongying. According to physiological and biochemical characteristics, 16S rRNA sequences and phylogenetic analysis, 15 isolated endophytic bacterial strains were classified into four groups, belonging to genera *Chromohalobacter*, *Kushneria*, *Halomonas* or *Bacillus* separately. 16S rRNA sequences of 4 strains in Group I had the highest similarity to *Chromohalobacter israelensis* (95%). Group II which contained 7 strains of the genus *Kushneria* is the dominant group in *Suaeda salsa* L.. The strains in Group III bear the closest affiliation to *Haererehalobacter* sp. JG 11 (99%), which is not classified definitely. The only en-

基金项目: 山东省自然科学基金项目(No. Y2007D40); 山东大学微生物技术国家重点实验室开放课题基金项目

\* 通讯作者: Tel: 86-531-86182573; E-mail: zhijie08@163.com

收稿日期: 2009-07-29; 接受日期: 2009-09-21

© 中国科学院微生物研究所期刊联合编辑部 <http://journals.im.ac.cn>

dospore-forming bacterium was classified into group IV. Its 16S rRNA sequence similarities with respect to the known *Bacillus* species were  $\leq 96\%$ , which was presumed to be potential novel species. Among these isolated strains, 3 strains produced proteinase; 14 strains produced esterase; 8 strains produced DNase; 11 strains produced galactosidase; 14 strains produced urease. The research results indicated that there was not only abundant phylogenetic diversity of moderately halophilic bacteria, but also some unknown bacteria groups existed in *Suaeda salsa* L..

**Keywords:** Moderately halophilic bacteria, *Suaeda salsa* L., Phylogenetic analysis

中度嗜盐菌(Moderately halophilic bacteria)是不同于古生菌的, 在NaCl浓度为3%–15%之间有最佳生长的一类细菌, 广泛存在于盐湖、盐场、沙漠、高盐土壤和盐渍食物等各种环境<sup>[1–3]</sup>。广义的中度嗜盐菌也包括细菌中一些极端耐盐的种类<sup>[4]</sup>。自1988年提出Halomonadaceae科分类单元以来<sup>[5]</sup>, 该科已经成为中度嗜盐菌最主要的科, 目前Halomonadaceae科包含7个属共74个种(但本科中属、种的变动很大, 其中50%以上的种至少被重新分类和命名过一次)。中度嗜盐菌属极端微生物, 具有许多其他生物所没有的生理特性, 有重要的研究和利用价值。同时大量中度嗜盐菌新属及新种的发现<sup>[6–8]</sup>, 极大地丰富了微生物资源。在我国新疆盐湖、四川盐井以及工业废水的活性污泥中也陆续报道分离了大量中度嗜盐菌。

盐地碱蓬(*Suaeda salsa* L.)普遍生于盐土或盐渍化土壤、湖滨、河岸和沿海地带, 是典型的盐碱地指示植物, 是一种可做饲料、医药、食品等的极好的野生植物资源, 蕴涵着巨大的生态、经济和社会效益。盐地碱蓬属于真盐生植物, 叶内的最高Na<sup>+</sup>浓度可达到3.3%<sup>[9]</sup>, 是继盐芥之后又一植物耐盐基因研究的重要模式材料<sup>[10]</sup>, 也是尚未探索的适合中度嗜盐菌生长的天然内环境。国内外尚没有对盐地碱蓬内生菌研究的报道。目前, 植物内生菌已经成为我国微生物领域研究的热点之一<sup>[11]</sup>, 在对几百种植物内生细菌的研究中, 不仅探索了内生微生物的生理类群及数量, 同时也发现了一些新分类地位的菌株。有些情况下内生微生物还能增加出苗率、加强植物在恶劣条件下的定植能力, 并且能够促进植物的生长<sup>[12–13]</sup>。目前, 关于植物内生极端微生物的研究很少, 本文根据盐地碱蓬内生境高盐的特点, 从中分离嗜盐菌以研究其生理生化特性和系统发育多样性, 为该类环境中的中度嗜盐菌资源的研究和合理开发利用提供了一定的理论依据与参考。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

分离样品为东营滨海118.9° E、7.4° N 位置的盐地碱蓬植株。*Taq* 酶购自TaKaRa公司, 细菌基因组DNA提取试剂盒购自北京百泰克生物技术有限公司, PCR引物由上海生物工程有限公司合成, 参照菌株 *Chromohalobacter marismortui* ATCC 17056<sup>T</sup> 购自中国微生物菌种保藏管理委员会普通微生物中心(CGMCC)。

### 1.2 盐地碱蓬内生菌的分离纯化及培养

碱蓬株先用无菌水冲洗2遍, 再用75%酒精浸泡3–5 min, 无菌水冲洗2遍, 0.1%升汞浸泡5 min<sup>[14]</sup>, 无菌水冲洗8遍。取最后一遍冲洗后无菌水100  $\mu$ L涂布平板做为对照。取2段大约5 cm消毒好的碱蓬株放入研钵中, 加入2 mL无菌水, 研磨后取上清液, 倍比稀释。分别取100  $\mu$ L涂布NaCl浓度为0.5%、3%和5%的MH平板<sup>[15]</sup>和高氏一号平板, 35°C培养48 h或30°C培养7 d。采用划线法及稀释涂布平板法纯化分离菌株。

### 1.3 生理生化特征测试

挑取纯化后各菌株单菌落接种NaCl浓度为3%的液体MH培养基, 过夜振荡培养后按5%接种量将菌株分别接种至NaCl浓度为0、1%、2%、3%、4%、5%、6%、7%、8%、9%和10%的液体MH培养基, 35°C、190 r/min振荡培养2 h后测量OD<sub>600</sub><sup>[8]</sup>, 取OD<sub>600</sub>最大值对应的盐浓度作为菌体生长的最适盐浓度。耐盐范围的测定及其他生理生化指标的测试均参考Quesada<sup>[15]</sup>或Mata<sup>[16]</sup>的方法。

### 1.4 细菌16S rRNA序列的PCR扩增与测序

使用细菌基因组DNA提取试剂盒提取各菌株的基因组DNA作为PCR模版。以16S-F1: 5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3'和16S-R6: 5'-GGCTGGATCACCTCCTTTCT-3'为引物进行扩增。产物由上海

生工生物工程技术服务有限公司纯化和测序。

1.5 16S rRNA 序列的系统进化树分析

将测得的 16S rRNA 序列在 GenBank 中进行 BLAST 分析。使用 MEGA4.0 软件中的 Neighbor-joining 法构建系统进化树。同时, 重复取样 1000 次进行自展值 (Bootstrap value) 分析来评估系统进化树的拓扑结构的稳定性。

2 结果

2.1 碱蓬内生中度嗜盐菌的分离

对秋季的碱蓬植株进行内生菌的分离, 在含有 3%及5% NaCl的MH平板上分离到存在菌落形态差

异的15株菌, 分别标为菌株ST303、ST305、ST306、ST307、ST501、ST504、ST505、B01、B02、B03、B04、D01、D02、D03和D04。含有0.5% NaCl的MH平板上菌落数目及种类都较少, 且与含有3% 及5% NaCl MH 平板上的菌落形态基本一致。高氏I号平板上没有长菌。菌株ST306 为革兰氏阳性芽孢杆菌, 其他均为革兰氏阴性杆状菌。另外, 碱蓬种子中分离到一株芽孢杆菌。

2.2 分离菌株的生理生化特征

本实验所分离的碱蓬内生菌中, 有10株革兰氏阴性杆菌的NaCl耐受度能达到或超过19%, 有4株达到14%, 而且其最适生长NaCl 浓度均在3%–7%之间,

表1 中度嗜盐菌株及参考菌株的部分生理生化特征  
Table 1 Physiological characteristics of isolates and their reference

表形特征 Characteristics	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
NaCl range for growth (%, W/V)	3–20	0–20	0–19	0.6–20	0.1–19	0.5–20	0.5–19	2–14	0.7–17	0.7–14	0.7–17	0.5–19	0.5–19	0.5–19	0.5–19
Optimum NaCl concentration (%, W/V)	10	3	4	5	4	5	5	5	5	6	7	5	5	5	5
Acid production from:															
Sucrose	—	—	—	+	—	—	—	+	+	—	+	—	—	—	+
Lactose	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Trehalose	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Catalase	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Urease	+	+	+	+	+	+	+	—	+	+	+	+	+	+	+
Simmons' citrate	—	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Nitrate reduction	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
H <sub>2</sub> S production	—	+	+	—	+	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Hydrolysis of:															
Casein	—	—	—	—	—	+	+	+	—	—	—	—	—	—	—
Gelatin	—	—	—	—	—	+	+	+	+	+	+	+	+	+	—
Starch	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
Tween 20	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
Tween 80	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
DNA	—	+	+	—	+	+	+	—	+	—	+	—	—	—	—
M. R	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
V. P	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
ONPG test	—	—	—	+	—	+	+	+	+	+	+	+	+	+	—
Phenylalanine deaminase	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—

Note: Stain: 1: *Chromohalobacter marismortui* ATCC 17056<sup>T</sup>; 2: ST303; 3: ST305; 4: ST307; 5: ST501; 6: ST504; 7: ST505; 8: B01; 9: B02; 10: B03; 11: B04; 12: D01; 13: D02; 14: D03; 15: D04.

符合中度嗜盐菌的定义, 同时与碱蓬中的 NaCl 浓度相对应。另外, 革兰氏阳性芽孢杆菌 ST306 的耐盐度能达到 13%。从生理生化实验结果(表 1)中可以看出, 所分离的 14 株革兰氏阴性中度嗜盐菌在硝酸盐还原、乳糖和海藻糖发酵产酸、淀粉水解、M. R、V. P 和苯丙氨酸脱氨酶项目中结果均为阴性, 而在 H<sub>2</sub>S 还原、酪素水解、DNA 水解和明胶水解等方面表现出显著差异。同时, 酪素、Tween 20、DNA、ONPG 及尿素的水解实验表明, 在分离的 15 株菌中, 3 株菌能够产蛋白酶, 14 株菌能够产酯酶, 8 株菌能够产 DNA 酶, 11 株菌能够产半乳糖苷酶, 14 株菌能够产脲酶, 而且菌株 ST504、ST505 可以同时产这 5 种酶。

2.3 中度嗜盐菌 16S rRNA 序列的相似性比较和系统进化分析

使用 16S-F1 引物对获得的 15 株中度嗜盐菌的 16S rRNA 基因进行测序, 共获得 15 条有效序列, 长度均大于 700 碱基, 在 GenBank 数据库中使用 BLAST 进行同源性比较, 调出相似性最高相关菌株的 16S rRNA 基因序列(表 2), 对其中最高同源性低于 98% 的 16S rRNA 基因进行了全长测序以增加比对的可靠性。将所测序列与相近中度嗜盐菌已知种及 Halomonadaceae 科中部分相关种的模式菌株进行系统进化树估算, 得到以 16S rRNA 序列为

基础的系统发育树(图 1)。

16S rRNA 序列系统发育分析表明, 实验所分离的 15 株中度嗜盐菌可以分为 4 类, 其中 2 个类群可归于 Halomonadaceae 科, 分别是类群 I 和类群 II。类群 I 以菌株 ST307 为代表, 包括菌株 B02、B03 和 B04, 它们的 16S rRNA 序列与 *Chromohalobacter israelensis* 模式菌株 ATCC 43985<sup>T</sup>(AJ295144) 的相似性最高仅有 95%。菌株 ST307 已经作为新种 *Chromohalobacter tuncyngensis* sp. nov. 的模式菌株在 CGMCC 进行了保藏, 保藏号为 1.8902 (其鉴定的相关数据另投稿至 IJSEM)。类群 II 以菌株 ST504 为代表, 包括菌株 ST505、B01、D01、D02、D03 和 D04, 共 7 株菌, 是碱蓬内生中度嗜盐菌中的优势类群, 其 16S rRNA 序列与菌株 *Halomonas* sp. KY-Sp2-1 (AB305229) 或 *Kushneria marisflavi* strain SW32 (AF251143) 的相似性均达到 98%以上。*K. marisflavi* 是 2009 年 2 月由 *H. marisflavi* 变更而来<sup>[17]</sup>, 因此该类群的上述 7 株菌应该归属于 *Kushneria* 属。值得一提的该类群中各分离菌株虽然同属于 *Kushneria* 属, 但它们之间的同源性在 96%–99%之间, 而且该类群的部分菌株在系统进化树中以较高的自展值形成了新的分支, 丰富了 *Kushneria* 属中种级分类单元的多样性, 暗示了新分类单元的存在。类群 III 以菌株 ST303 为代表, 包括

表2 分离菌株同最近菌株的系统发育关系 Table 2 Phylogenetic relation to nearest neighbors of isolated strains		
菌株号 No. of Strain (Accession No.)	最近的菌株 Closest match (GenBank accession No.)	与最近菌株的相似性 Similarity to closest match (%)
ST303 (GQ386943)	<i>Haererehalobacter</i> sp. JG 11 (EU937754)	99
ST305 (GQ375770)	<i>Haererehalobacter</i> sp. JG 11 (EU937754)	99
ST306 (GQ375782)	<i>Bacillus licheniformis</i> (AY859478)	96
ST307 (FJ463811)	<i>Chromohalobacter israelensis</i> strain Ba1 (AJ295144)	95
ST501 (GQ375771)	<i>Haererehalobacter</i> sp. JG 11 (EU937754)	99
ST504 (GQ375772)	<i>Halomonas</i> sp. KY-Sp2-1 (AB305229)	99
ST505 (GQ375773)	<i>Halomonas</i> sp. KY-Sp2-1 (AB305229)	99
B01 (GQ375774)	<i>Kushneria marisflavi</i> strain SW32 (AF251143)	98
B02 (GQ375775)	<i>Chromohalobacter israelensis</i> strain Ba1 (AJ295144)	94
B03 (GQ375776)	<i>Chromohalobacter israelensis</i> strain Ba1 (AJ295144)	94
B04 (GQ375777)	<i>Chromohalobacter israelensis</i> strain Ba1 (AJ295144)	94
D01 (GQ375778)	<i>Halomonas</i> sp. KY-Sp2-1 (AB305229)	99
D02 (GQ375779)	<i>Kushneria marisflavi</i> strain SW32 (AF251143)	98
D03 (GQ375780)	<i>Halomonas</i> sp. KY-Sp2-1 (AB305229)	99
D04 (GQ375781)	<i>Halomonas</i> sp. KY-Sp2-1 (AB305229)	99

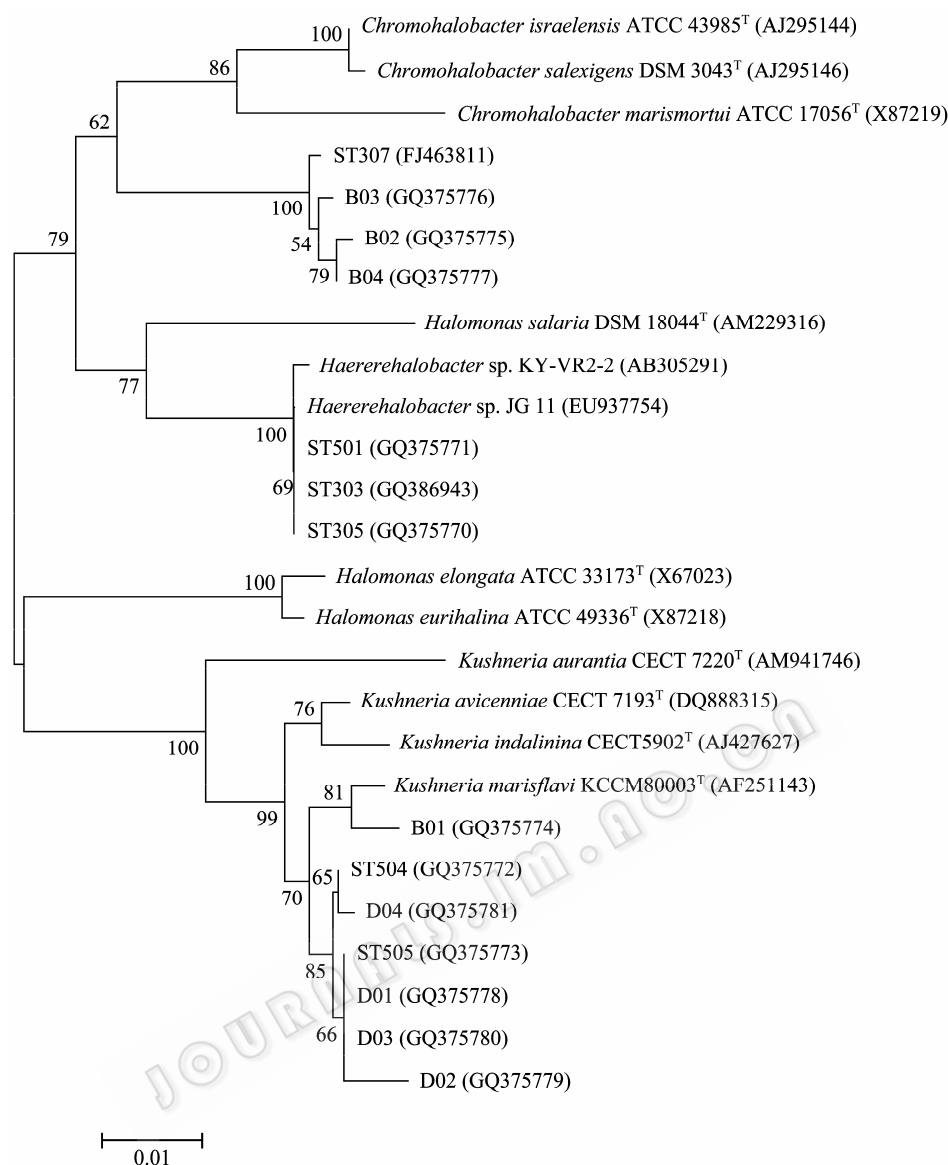


图1 盐地碱蓬内生中度嗜盐菌的16S rRNA序列的系统发育树

Fig. 1 Neighbor-joining tree constructed based on 16S rRNA sequences analysis showing the phylogenetic relationships among strains isolated from a *Suaeda salsa* and related taxa

Note: Numbers at nodes indicate the bootstrap values (> 50 %) based on neighbour-joining analyses of 1000 resampled datasets. Numbers in parentheses are GenBank accession numbers. Bar: 1 nucleotide substitution per 100 nucleotides.

菌株 ST305 和 ST501, 它们的 16S rRNA 序列与一株 Gammaproteobacteria 亚门中尚无明确分类地位的耐盐固氮细菌 *Haererehalobacter* sp. JG 11 (EU937754) 的相似性达到 99%, 同时该类群菌株与 Halomonadaceae 科 *Halomonas salaria* DSM 18044<sup>T</sup>(AM229316)的相似性为 97%, 所以类群 III 的分类地位有待进一步确定。类群 IV 包括菌株 ST306, 为本实验所分离菌株中唯一的一株芽孢杆菌, 其 16S rRNA 序列与已发表菌株的相似性最高也只达到 96%, 它有可能代表了 *Bacillus* 属中的一

个新种甚至更高的分类单元。

总体来说, 碱蓬内生中度嗜盐菌涉及 Halomonadaceae 科的 *Chromohalobacter* 属、*Kushneria* 属、*Halomonas* 属以及 Bacillaceae 科的 *Bacillus* 属, 体现了较丰富的种属多样性, 更为重要的是分离获得了菌株 ST305、ST306、ST307、B01、D02 等新的菌种资源。大部分分离菌株与已知物种典型菌株之间的 16S rRNA 序列都有一定差异。这些结果揭示了盐地碱蓬内生中度嗜盐菌的稀有性及丰富的多样性。

### 3 讨论

1980年之前, 细菌名称核准名录(Approved lists of bacterial names)中符合中度嗜盐菌定义的只有6个种<sup>[2]</sup>。最近30年, 科研人员对各种地理条件下的高盐环境进行了广泛的研究, 从中分离并命名了大量中度嗜盐菌, 但由于人们对中度嗜盐菌没有统一的认识, 某些中度嗜盐菌的归类并不准确。随着分子生物学研究的进展, 以16S rRNA序列分析为主的多相分类在中度嗜盐菌分类地位的重新确定中起了重要的作用, 新种和新属不断被报道, 并对一部分中度嗜盐菌重新进行了归属, 也提出了一些中度嗜盐菌分类的标准<sup>[5]</sup>。本研究中分离到的中度嗜盐菌大部分属于Halomonadaceae科, 而且至少有4株菌是潜在的新的分类单元。近年来随着大量Halomonadaceae科中新属和新种的报道, 以及相当一部分种类的重新归属, Halomonadaceae科内细菌之间的分类关系在不断地修正与完善。本研究成果对于丰富Halomonadaceae科的菌种资源、进一步明确种属间的分类关系起到一定的推动作用。

植物内生菌 (Endophytes) 是指在其生活史的一定阶段或全部阶段生活于健康植物组织内部或细胞间隙、不引起植物明显病症的微生物。关于内生菌的起源有多种假说, 大致可以分为3类<sup>[18]</sup>。盐地碱蓬属一年生草本植物, 其种子中的微生物类群极少, 而成年植株的微生物多样性有了极大提高。同时, 多次分离实验证实盐地碱蓬不同植株内中度嗜盐菌的类群相对稳定。滨海碱蓬每天随着两次涨潮受到海水的浸灌, 因此, 我们推测盐地碱蓬中的中度嗜盐菌主要通过这种海水反复浸灌的方式, 而侵染了碱蓬幼苗, 并在其中定居下来。这也恰好符合内生菌可以通过浸种、浸根等方式入侵植株的理论<sup>[19]</sup>。由于盐地碱蓬体内一定的盐浓度, 相比较与其他非盐生植物, 内生菌的数量及种类受到了一定的限制。但是, 盐地碱蓬内环境对中度嗜盐菌而言却是良好的栖息地, 对海水中的中度嗜盐菌起到了一定的富集作用, 这为我们分离海洋环境中的中度嗜盐菌提供了可参考的方法。

据估计, 人们所知道的微生物资源种类占实有总数的1%–10%, 对极端环境微生物资源更是知之甚少, 深入系统地研究极端环境下的微生物, 对保护、开发、利用我国极端环境中的微生物资源具有

重要的意义。盐地碱蓬在滨海的潮间带或者部分涝渍积水地生长, 长期受海水浸泡, 体内的Na<sup>+</sup>浓度超过海水, 是人类尚未探索过的中度嗜盐菌的栖息地。因此对盐地碱蓬内生中度嗜盐菌的研究, 有利于保护和利用我国中度嗜盐菌的生物多样性。同时, 中度嗜盐菌作为极端环境微生物, 还具有大量特殊功能基因及功能酶等产物, 其产生的功能酶在盐度变化较大的条件下仍能保持较高的催化活性<sup>[20]</sup>, 有重要的应用价值。本研究分离获得的中度嗜盐菌也展现了多样的蛋白酶、酯酶、DNA酶、半乳糖苷酶和脲酶活力, 为新型生物催化剂的研究提供了丰富多样的研究材料。

### 参考文献

- [1] Kushner DJ. Life in high salt and solute concentrations: halophilic bacteria//Kushner DJ. ed. Microbial Life in Extreme Environments. London: Academic Press, 1978: 317–368.
- [2] 任培根, 周培瑾. 中度嗜盐菌的研究进展. 微生物学报, 2003, 43(3): 427–431.
- [3] Ventosa A, Quesada E, Rodriguez-Valera, *et al.* Numerical taxonomy of moderately halophilic Gram-negative rods. *J Gen Microbiol*, 1982(128): 1959–1968.
- [4] 洪青. 中度嗜盐菌BYS-1 (*Halomonas* sp.)的生物学特性及其耐盐相关基因的克隆. 南京农业大学博士论文, 2003.
- [5] Franzmann PD, Wehmeyer U, Stackebrandt E. Halomonadaceae fam. nov., a new family of the class Proteobacteria to accommodate the genera *Halomonas* and *Deleya*. *Syst Appl Microbiol*, 1988(11): 16–19.
- [6] Arahal D, Vreeland H, Litchfield C, *et al.* Recommended minimal standards for describing new taxa of the family Halomonadaceae. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2007(57): 2436–2446.
- [7] González-Domenech CM, Martínez-Checa F, Quesada E, *et al.* *Halomonas fontilapidosi* sp. nov., a moderately halophilic, denitrifying bacterium. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2009(59): 1290–1296.
- [8] Sañchez-Porro C, Tokunaga H, Tokunaga M, *et al.* *Chromohalobacter japonicus* sp. nov., a moderately halophilic bacterium isolated from a Japanese salty food. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2007(57): 2262–2266.
- [9] 赵可夫, 李法曾. 中国盐生植物. 北京: 科学出版社, 1998: 60.
- [10] 陈国强, 王萍. 盐地碱蓬耐盐相关基因克隆研究进展. 生物技术通报, 2008(5): 18–21.
- [11] 赫荣乔. 植物内生菌成为我国当前微生物研究领域的

- 热点. 微生物学通报, 2009, **36**(1): 1.
- [12] Chanway CP. Inoculation of tree roots with plant growth promoting soil bacteria: an emerging technology for reforestation. *Forest Sci*, 1997(43): 99–112.
- [13] Bent E, Chanway CP. The growth-promoting effects of a bacterial endophyte on lodgepole pine are partially inhibited by the presence of other rhizobacteria. *Can J Microbiol*, 1998(44): 980–988.
- [14] 宋素琴, 欧提库尔·玛合木提, 张志东, 等. 新疆胀果甘草内生菌的分离和鉴定. 微生物学通报, 2007, **34**(5): 867–870.
- [15] Quesada E, Ventosa A, Ruiz-Berraquero F, *et al.* *Deleya halophila*, a new species of moderately halophilic bacteria. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 1984, **34**(3): 287–292.
- [16] Mata JA, Martí'nez-Ca' novas J, Quesada E, *et al.* A detailed phenotypic characterisation of the type strains of *Halomonas* species. *Syst Appl Microbiol*, 2002, **25**: 360–375.
- [17] Sánchez-Porro C, Rafael R, de la Haba RR, *et al.* Description of *Kushneria aurantia* gen. nov., sp. nov., a novel member of the family *Halomonadaceae*, and a proposal for reclassification of *Halomonas marisflavi* as *Kushneria marisflavi* comb. nov., of *Halomonas indalini* as *Kushneria indalinina* comb. nov. and of *Halomonas avicenniae* as *Kushneria avicenniae* comb. nov.. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2009(59): 397–405.
- [18] 李强, 刘军, 周东坡, 等. 植物内生菌的开发与研究进展. 生物技术通报, 2006(3): 33–37.
- [19] Gough C, Galera C, Vasse J, *et al.* Specific flavonoids promote intercellular root colonization of *Arabidopsis thaliana* by *Azorhizobium caulinodans* ORS571. *J Plant-Microbe Interact*, 1997, **10**(5): 560–570.
- [20] Ventosa A, Nieto JJ, Oren A. Biology of moderately halophilic aerobic bacteria. *Microbiology Molecular Biology Review*, 1998, **62**(2): 504–544.

## 2010 年部分生物、农林类学术期刊联合征订表 (2-2)

刊物名称	邮发代号	刊 期	年价(元)	网 址	E-mail
微生物学通报	2-817	月刊	576	<a href="http://journals.im.ac.cn/wwxtbcn">http://journals.im.ac.cn/wwxtbcn</a>	tongbao@im.ac.cn
武汉植物学研究	38-103	双月刊	180	<a href="http://whzwxjy.cn">http://whzwxjy.cn</a>	editor@rose.whiob.ac.cn
畜牧兽医学报	82-453	月刊	240	<a href="http://www.xmsyxb.com">www.xmsyxb.com</a>	xmsyxb@263.net
遗传	2-810	月刊	600	<a href="http://www.chinagene.cn">www.chinagene.cn</a>	yczz@genetics.ac.cn
遗传学报	2-819	月刊	600	<a href="http://www.jgenetgenomics.org">www.jgenetgenomics.org</a>	jgg@genetics.ac.cn
营养学报	6-22	双月刊	108	<a href="http://yyxx.chinajournal.net.cn">http://yyxx.chinajournal.net.cn</a>	yyxx@chinajournal.net.cn
云南植物研究	64-11	双月刊	150	<a href="http://journal.kib.ac.cn">http://journal.kib.ac.cn</a>	bianji@mail.kib.ac.cn
植物遗传资源学报	82-643	双月刊	120	<a href="http://www.zwyczy.cn">www.zwyczy.cn</a>	Zwyczyxb2003@sina.com Zwyczyxb2003@163.com
中国农业科学 (中文版)	2-138	半月刊	1188	<a href="http://www.ChinaAgriSci.com">www.ChinaAgriSci.com</a>	zgnykx@mail.caas.net.cn
中国农业科学 (英文版)	2-851	月刊	432	<a href="http://www.ChinaAgriSci.com">www.ChinaAgriSci.com</a>	zgnykx@mail.caas.net.cn
中国实验动物学报	2-748	双月刊	120	<a href="http://www.calas.org.cn">www.calas.org.cn</a>	A67761337@126.com
中国生态农业学报	82-973	双月刊	210	<a href="http://www.ecoagri.ac.cn">www.ecoagri.ac.cn</a>	editor@sjziam.ac.cn
中国生物工程杂志	82-673	月刊	960	<a href="http://www.biotech.ac.cn">www.biotech.ac.cn</a>	biotech@mail.las.ac.cn
中国水产科学	18-250	双月刊	180	<a href="http://www.fishscichina.com">www.fishscichina.com</a>	zgscckx@cafs.ac.cn
中国水稻科学	32-94	双月刊	90	<a href="http://www.ricesci.cn">www.ricesci.cn</a>	cjrs@263.net
作物学报	82-336	月刊	600	<a href="http://www.chinacrops.org/zwxb">www.chinacrops.org/zwxb</a>	xbzw@chinajournal.net.cn