

# 内生真菌发酵提取物和植物生长调节剂对大豆根际细菌多样性的影响

李冰宇<sup>1</sup> 肖军<sup>2</sup> 王红<sup>2</sup> 李旭<sup>3</sup> 马晓颖<sup>1</sup> 贾东贝<sup>1</sup> 杨涛<sup>2\*</sup>

(1. 沈阳农业大学土地与环境学院 辽宁 沈阳 110161)

(2. 辽宁省农业科学院创新中心 辽宁 沈阳 110161)

(3. 中科院沈阳应用生态研究所 分子生物学实验室 辽宁 沈阳 110016)

**摘要:** 为了研究内生真菌发酵提取物和植物生长调节剂对大豆根际细菌多样性的影响, 采用 PCR-DGGE 技术分析了各处理中不同发育期的大豆根际细菌群落变化。结果发现发酵提取液和植物生长调节剂能增加部分优势菌群的数量, 但对根际细菌类群结构影响并不明显; 生育周期也是影响根际细菌数量的重要因素。另外割胶测序发现优势菌群主要是 *Proteobacteria* (变形菌门)、*Acidobacteria* (酸杆菌纲)、*Nitrospira* (硝化螺旋菌属)、*Bradyrhizobium* (慢生根瘤菌属)等, 这些也都是大豆根际比较常见的细菌类群。

**关键词:** PCR-DGGE, 内生真菌, 植物生长调节剂, 根际细菌

## Effects of endophytically fungal extracts and plant growth regulators on soybean rhizosphere bacterial diversity

LI Bing-Yu<sup>1</sup> XIAO Jun<sup>2</sup> WANG Hong<sup>2</sup> LI Xu<sup>3</sup> MA Xiao-Ying<sup>1</sup> JIA Dong-Bei<sup>1</sup>  
YANG Tao<sup>2\*</sup>

(1. College of Land and Environmental, Shenyang Agricultural University, Shenyang, Liaoning 110161, China)

(2. Liaoning Academy of Agricultural Science, Shenyang, Liaoning 110161, China)

(3. Institute of Applied Ecology, Chinese Academy of Sciences, Shenyang, Liaoning 110016, China)

**Abstract:** In order to study the effects of endophytically fungal extracts and plant growth regulators on soybean rhizosphere bacterial diversity, the dynamics of rhizosphere bacterial community in different developmental stages was studied based on PCR-DGGE approach. The results showed that they could increase some bacteria in populations, but the variation of rhizosphere bacterial diversity by fermentation extracts and plant growth regulator was no obvious, and the growth stages as an important factor that affects the rhizosphere bacteria. In addition, we found that the advantage bacteria mainly is Pro-

teobacteria, Acidobacteria, *Nitrospira*, *Bradyrhizobium*, etc. These are the common bacterial species in the root of soybean.

**Keywords:** PCR-DGGE, Endophytically fungal extracs, Plant growth regulators, Rhizosphere bacteria

从植物内生真菌发酵产物中提取的各种生理活性物质能促进植物种子萌发、生长和开花, 提高作物产量。张集慧等<sup>[1]</sup>从天麻、石斛等兰科药用植物中分离出内生真菌, 并在其发酵液及菌丝体中提取出 5 种植物激素: 赤霉素、吲哚乙酸、脱落酸、玉米素和玉米核苷。梁志怀等<sup>[2]</sup>报道哈茨木霉发酵液中存在对豆科植物有显著促生作用的活性成分。

虽然有关内生真菌发酵产物促进作物生长的研究报道较多, 但大都局限于对高活性菌株的筛选、促进作物生长机制及作用效果的比较上, 对其在作物根际微生物影响上还缺乏深入研究, 国内外尚未见此报道。目前对于根际微生物影响研究多见于农药、种衣剂、除草剂以及转基因作物等因素<sup>[3-4]</sup>。前期试验表明(拟另文发表), 本实验室筛选的 2 株内生真菌(RS-1 和 SJ-1)的发酵液以及 Emistim C (一种植物生长调节剂, 乌克兰生产, 主要成分为微生物源提取产物)对大豆具有明显的促生长作用, 但是否对其根际微生物群落结构产生影响还未知, 为此, 本文以不同处理生长时期的大豆根际土壤细菌为研究对象, 采用聚合酶链式反应/变性梯度凝胶电泳技术(PCR-DGGE)研究其土壤细菌群落多样性, 旨在明确内生真菌发酵产物以及植物生长调节剂的最适药剂浓度施用后, 整个生育期间大豆根际微生物的动态变化。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

试验设于辽宁省农科院作物试验场内, 大豆品种为辽豆 20, 盆栽方式, 供试土壤类型为沙壤土, 按照鲍士旦的方法测定<sup>[5]</sup>: 有机质含量 50.3 g/kg、速效磷 22.6  $\mu\text{g/g}$ 、速效钾 93.6  $\mu\text{g/g}$ 、碱解氮 30.9  $\mu\text{g/g}$ , 土壤 pH 5.77。

### 1.2 实验设计

内生真菌发酵液用 1/4 体积的乙酸乙酯反复萃取 5 次, 乙酸乙酯萃取液经过抽滤, 温度 42 °C, 压强

30 kPa 真空干燥蒸发后得到粉末状粗提取物, 4 °C 低温保存备用。

处理分别为 Emistim C (EM), 内生真菌 RS-01 和 SJ-01 的发酵粗提液(RS、SJ), 以及两者的混合液(RS+SJ, 比例为 1:1), 加上去离子水对照, 共 5 个处理。粗提取物均先用少量无水乙醇溶解, 后加去离子水配制为 20  $\mu\text{g/L}$  处理液, EM 和对照也同样处理。各处理种子浸种于 250 mL 三角瓶中, 20 min 后播种。每处理 15 盆重复。待出苗后, 每盆定植 3 株, 常规管理。于大豆苗期, 盛花期, 成熟期采集根际土壤样品, 采用抖落法<sup>[6]</sup>收集, 土样存放于-80 °C 冰箱中, 待分析。

### 1.3 主要实验仪器及材料

高速离心机 5415 C (德国 Eppendorf 公司); PTC-100TM PCR 仪(M J 公司, Waltham, MA, USA); 电泳仪 DYY-6B (北京市六一仪器厂); DGGE 电泳仪 (Bio-Rad DCode Universal Detection Mutation system, Bio-Rad; USA); 凝胶成像系统(Bio-Rad, Hercules, CA, USA); pMD18-T 载体(TaKaRa 公司); DH5 $\alpha$  感受态细胞(TaKaRa); 胶回收试剂盒 Kit Ver 2.0 (TaKaRa 公司)

### 1.4 实验样品处理

**1.4.1 土壤 DNA 提取与纯化:** 各处理分别取土样 5 g, 参考 Zhou 等<sup>[7]</sup>的方法提取微生物总 DNA。粗 DNA 采用 DNA 胶纯化试剂盒 Kit Ver 2.0 (TaKaRa) 进行纯化, 纯化方法参考操作说明书进行。

**1.4.2 PCR 扩增 (采用 Touch-down PCR<sup>[8]</sup> 和 Re-conditioning PCR<sup>[9]</sup>):** PCR 反应采用细菌 16S rRNA 的 V3 区通用引物 318F (GC)和 534R<sup>[10]</sup>。50  $\mu\text{L}$  反应体系包括: 5  $\mu\text{L}$  的 10 $\times$ PCR buffer (含  $\text{Mg}^{2+}$ ), 4  $\mu\text{L}$  dNTPs 引物各 1  $\mu\text{L}$  (10 pmol/L), 0.2 U Taq DNA 聚合酶, DNA 模板约 10 ng。

Touch-down PCR 反应条件为: 95 °C 5 min; 94 °C 1 min, 65 °C 1 min (每 1 个循环降低 2 °C), 72 °C 1 min, 5 个循环; 94 °C 1 min, 55 °C 1 min,

72 °C 1 min, 25 个循环; 72 °C 10 min。

为了去除单链和异源双链的污染, 分别将以上第一轮 PCR 扩增产物作为模板进行 re-conditioning PCR。PCR 反应条件为: 95 °C 5 min; 94 °C 1 min, 55 °C 1 min, 72 °C 1 min, 5 个循环; 72 °C 10 min。取 5  $\mu$ L 的 PCR 产物 2% 琼脂糖电泳检测。

**1.4.3 DGGE 电泳:** 在变性梯度凝胶电泳(DGGE)仪上进行。凝胶浓度为 8%, 变性剂梯度为 45%–70%, 不同浓度的变性剂用尿素和去离子甲酰胺配制(100%变性剂相当于 7 mol/L 尿素和 40%去离子甲酰胺)。放入含有 1 $\times$ TAE 的电泳槽中, 预热至 60 °C, 加样。每个点样孔加入 45  $\mu$ L 的 PCR 产物和 5  $\mu$ L 的 10 $\times$ loading dye, 加样后, 接通电泳电源, 200 V、60 °C 条件下电泳 6 h。电泳结束, 取出凝胶, 用 0.01% 的 Gene finder 核酸染料避光染色 30 min, 然后采用 Bio-Rad 凝胶成像分析系统观察样品的电泳条带并拍照。

**1.4.4 DGGE 图谱分析:** 采用 Quantity One 软件 (Version 4.5) 对 DGGE 条带进行数字化分析, DGGE 条带中 DNA 含量与其灰度呈比例关系<sup>[11]</sup>, 利用数字化结果计算土壤样品细菌群落结构的 Shannon-Wiener 多样性指数  $H$  ( $H = -\sum P_i \ln P_i$ , 其中  $P_i = n_i/N$ ,  $n_i$  为某个带的灰度值,  $N$  为该带所在泳道所有灰度值之和) 和均匀度  $E$  ( $E = H/\ln S$ ,  $H$  为 Shannon-Wiener 指数,  $S$  为丰富度指数即某个样品中所有条带数目总和), 最后用 Quantity One 软件对样品进行聚类分析 (UPGMA)。采用 SigmaPlot 10.0 进行多样性指数和均匀度指数绘图。

**1.4.5 DGGE 条带克隆与序列分析:** 用 Schwieger F 等<sup>[12]</sup>的方法对 DGGE 胶上特异性条带回收, 之后以相同的引物再扩增, 并用 DGGE 确认扩增结果与切胶迁移位置是否一致。确认后用不带夹引物重新进行扩增, 所得 PCR 产物用胶回收试剂盒回收, 后将目的片段与 pMD18-T 载体连接, 并转化入 DH5 $\alpha$  感受态细胞中, 涂平板, 蓝白斑筛选, 然后菌落 PCR 法排除假阳性克隆子。菌样送至上海生物工程技术服务有限公司测序。所得序列登录 GenBank, 应用 BLAST 进行同源性比较。用 ClustalW1.83 对相似序列进行比对, 然后用 MEGA4.1 构建系统发育树。

DGGE 条带克隆序列均已经递交至 GenBank 中, 登录号为: HM371404–HM371412。

## 2 结果与分析

### 2.1 盆栽试验大豆根际细菌群落结构的 DGGE 图谱

如 DGGE 图谱所示 (图 1), 电泳条带越多说明微生物种类越丰富, 条带信号越强说明该微生物数量越多<sup>[13]</sup>。分析表明, 各处理间部分条带亮度有明显差异, 我们发现条带 A 到 I 所代表的细菌群落数量受影响显著: (1) 从 R1 时期开始, 泳道 2、3、4、5 与 1 相比条带要亮一些, 可见这些处理在苗期就对根际微生物有所影响。到 R2 时期, 泳道 7、8、9 分别代表的 EM、RS、SJ 处理跟 CK 相比, 则显著增加了条带亮度, 尤其是泳道 7 中的条带 D。泳道 8、9 中的条带亮度要强于泳道 7, 说明这 3 个处理此时对根际微生物已有显著影响, 但 RS、SJ 处理的效果优于 EM 处理。而其中泳道 10 代表的 RS+SJ 处理没有效果, 与对照 CK 相似, 也许是两者发酵提取物中有相互抑制的活性成分, 在前期田间试验 (数据未发表) 中也发现 RS+SJ 处理促生效果并不理想, 可见促生效果与根际细菌影响有一定关联。R3 时期各

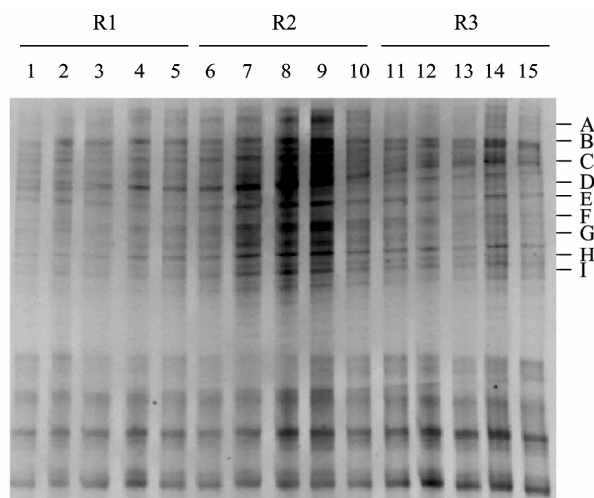


图 1 各处理根际土壤细菌 DGGE 指纹图谱

**Fig. 1 DGGE fingerprinting of bacteria in rhizospheric soil by each treatment**

Note: From left to right represent CK, EM, RS, SJ, RS+SJ treatment; R1, R2, R3 represent seedling stage, bloom stage, maturity stage.

泳道条带亮度则出现一致性。(2) R2 时期各泳道中条带明显亮度增加, 可见盛花期时, 大豆根际菌群数量会增加。同时也发现大豆生长不同时期存在许多共有条带, 表明这些条带代表的土壤细菌不受采样时期和药剂处理的影响。

总体来看, 条带 B、C 在 DGGE 图谱中表现较稳定, 而条带 E、H 在 R1 期亮度低, 后期亮度高, D、F、G、I 则只是在 R2 期亮度增高, 到 R3 时期恢复最初水平。这些反映了各处理中根际细菌的动态变化。

2.2 DGGE 图谱聚类分析

通过软件分析不同处理的 DGGE 图谱数字化结果, 并进行泳道相似性聚类分析。发现图谱被聚为 3 类(I、II、III): I 类代表了 R1 时期的各处理, III类代表了 R2 时期, II 类则代表了 R3 时期(图 2)。其中只有 1 和 11 处理被归到了其他类别中, 可见 R1 期 5 个处理中, 药剂处理与 CK 相比均有所变化。但是大体上聚类分析的三大类结果很明显, 与 CK 相比, 不同处理间对大豆根际细菌群落的影响不如生育周

期所引起的影响大。可见生育周期也是影响大豆根际微生物的重要因子。

植物根系分泌物作为根际微生物的主要营养来源, 决定了根际微生物的数量和种类。据文献报道<sup>[14]</sup>, 植物生长调节剂可以提高豆科植物根系分泌可溶性糖含量和硝态氮含量, 并且能有效提高根系活力。内生真菌发酵产物中通常也有一定比例的植物激素成分, 可以促进根系同化物质的分泌<sup>[15]</sup>。而且根系分泌物也会随作物生育周期发生变化<sup>[16]</sup>, 在大豆初花期、盛花期到结荚期, 大豆生长旺盛, 根系分泌物也相应较多, 营养丰富, 因而微生物数量也较多。而到生育后期, 随着根系衰老, 呼吸作用减弱, 代谢缓慢, 根系分泌物减少, 进而细菌数量及结构都恢复原有水平<sup>[17]</sup>。

2.3 各处理根际细菌群落多样性指数和均匀度指数

如图 3A 所示, 各处理以及各生育期的香农指数变化并不大, 但是从图 3B 中看出均匀度变化相当

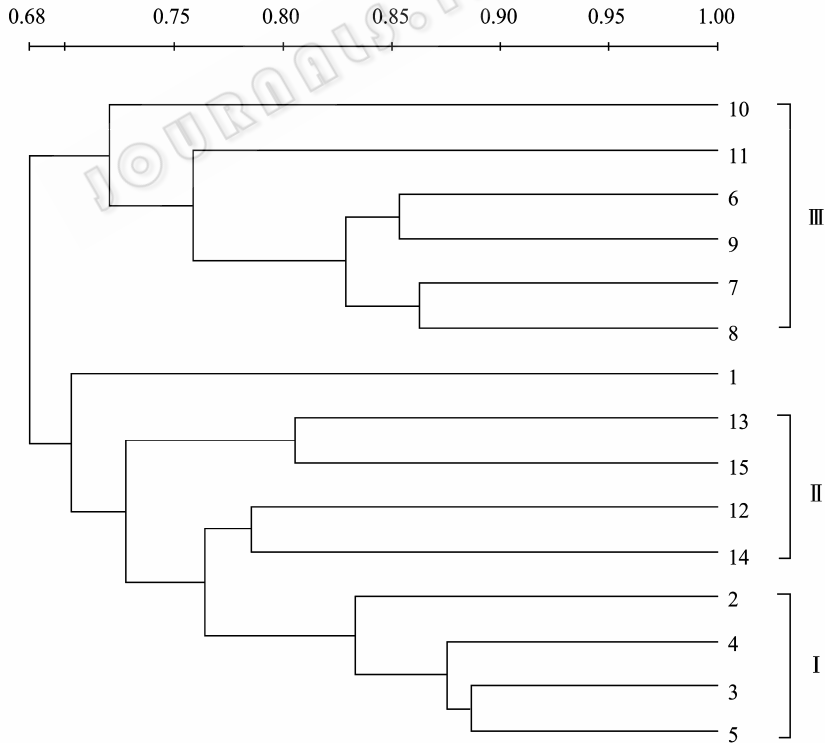


图 2 DGGE 图谱聚类分析  
Fig. 2 Cluster analysis of the DGGE fingerprinting

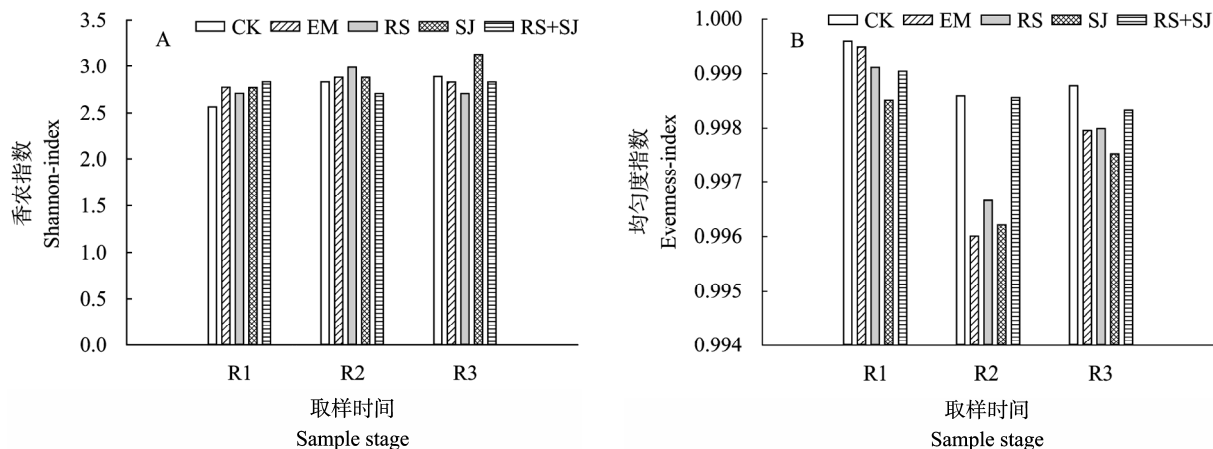


图3 各处理中根际细菌多样性指数(A)和均匀度指数(B)  
Fig. 3 Shannon-index (A) and Evenness-index (B) of rhizosphere bacteria in each treatment

剧烈,从R1时期开始,各处理就开始有差异,而且都比对照处理低,这是由于内生真菌发酵提取物和植物生长调节剂处理促使部分优势菌群大量繁殖,使均匀度降低,到了R2时期,根分泌物分泌最旺盛,EM、RS、SJ处理的作用更明显,均匀度急剧降低,尤其是EM处理,唯独RS+SJ处理跟对照相当。在R3时期,发现EM、RS、SJ处理的均匀度有所恢复,这是由于大豆到成熟期,根系衰亡,菌群结构愈趋于稳定。

#### 2.4 DGGE 条带克隆测序以及进化树构建

对DGGE图谱分析表明,不同处理间有许多共同条带,反映了这些土壤细菌结构比较稳定,但在R2时期一些条带亮度增加,明显看出处理组有许多条带亮度强于CK,为了探求其代表的哪些菌群数量增加了,我们从图谱上选择性切取9条带进行克隆测序。并构建了系统发育树(图4)。

通过对DGGE图谱(图1)和系统发育树(图4)分析,比较稳定的条带B和C归于 $\alpha$ -Proteobacteria( $\alpha$ 变形菌纲)和*Arthrobacter*(节杆菌属)。可见这两种菌群结构在大豆发育期都较稳定。这与Smit等<sup>[18]</sup>的报道比较接近,他指出变形杆菌Proteobacteria是农业生态系统中常见的细菌类群,作物根际中约

35%的细菌属于变形杆菌。节杆菌属是一类在土壤中广泛存在的革兰氏阳性细菌,能够分解有机质,如糖类、氨基酸、纤维素等<sup>[19]</sup>。R2时期泳道7、8、9中开始增亮的条带E和H分别代表了 $\gamma$ -Proteobacteria( $\gamma$ 变形菌纲)、*Bradyrhizobium*(慢生根瘤菌属),分析原因,可能是R2时期根瘤从根系上逐渐脱落,根瘤菌弥漫根系周围,进而在大豆生育后期表现出逐渐增加的趋势,成为土壤中优势菌群。可见处理EM、RS和SJ有促进根瘤菌繁殖的作用,这也许是其促进作物生长的原因之一。其余的条带则属于*Nitrospira*(硝化螺旋菌属)和*Acidobacteria*(酸杆菌纲)。文献报道酸杆菌在作物根际有抑制病原真菌的作用<sup>[20]</sup>,硝化螺旋菌可将土壤中的亚硝酸盐转化成硝酸盐<sup>[21]</sup>,这几类菌属也基本代表了大豆根际细菌的优势群落。

### 3 讨论

通过DGGE及割胶测序技术检测出EM、RS和SJ处理能促进大豆根际一些优势菌群繁殖,特别是根瘤菌,这个现象在后期培养计数实验中亦得到验证(待另文发表),与CK相比,还能增加大豆根瘤数量。

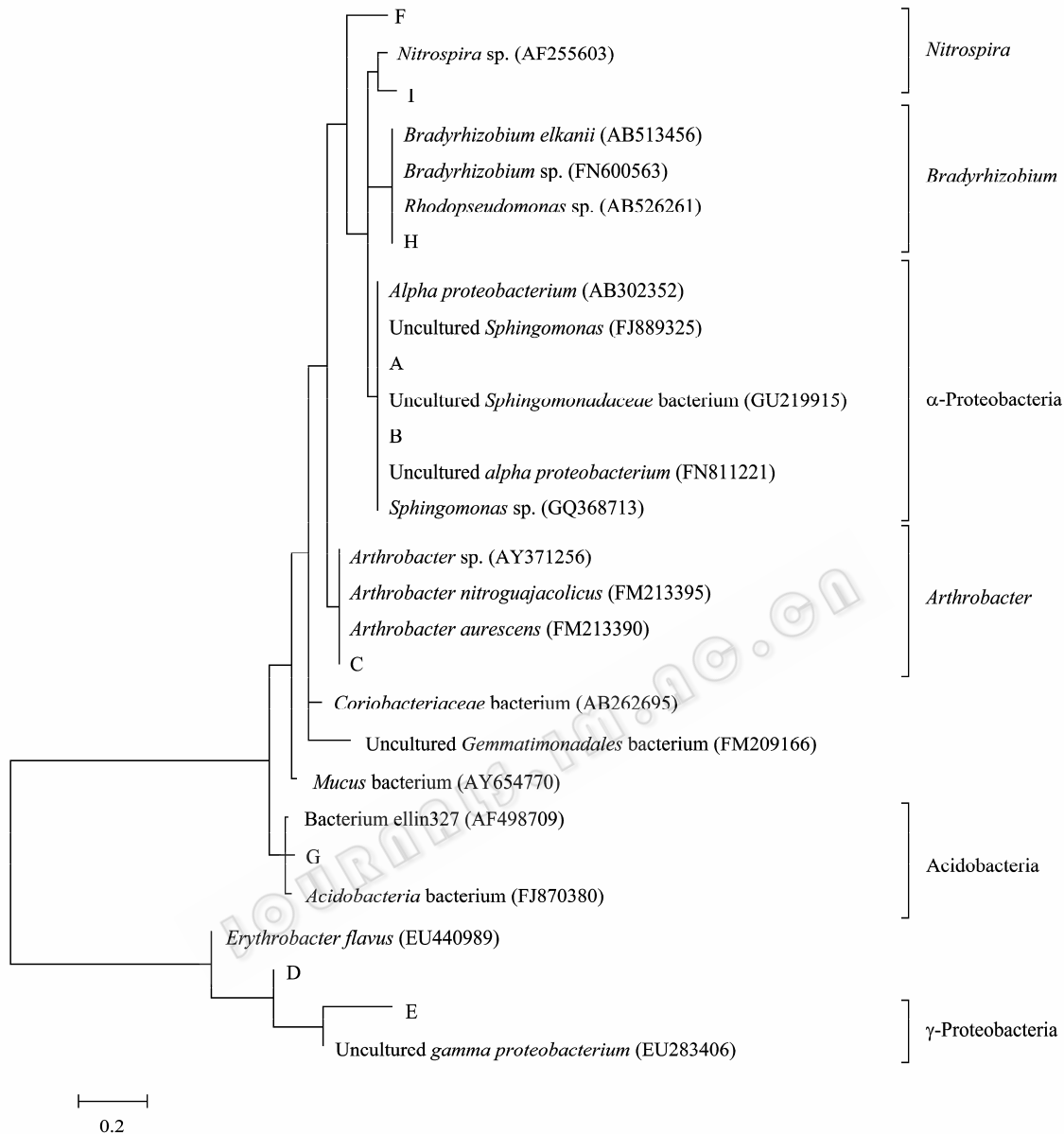


图 4 基于遗传距离的邻位法构建细菌系统发育树  
Fig. 4 Neighbour-joining phylogenetic tree of bacteria based on the genetic distance

研究中发现, 最适施用浓度的内生真菌 RS-01 和 SJ-01 的发酵产物以及植物生长调节剂与对照相比, 对根际微生物影响显著, 而且两个内生真菌发酵物处理的效果要优于植物生长调节剂, 分析其原因可能是这些促生物质能够诱导调控大豆根系分泌物的基因表达, 从而促进根系分泌物的量, 或者其中某些特殊成分的比例增加, 引起优势根际微生物

数量的增加<sup>[22]</sup>; 内生真菌发酵物处理的效果优于植物生长调节剂, 可能与内生真菌发酵物成分较复杂, 或其中存在一些未知的高效促生效应物有关。同时发现生育周期也是大豆根际细菌的一个影响因素, 而研究中细菌群落结构没有明显改变, 可见根际土壤微生态系统是比较稳定的。

对 9 条优势 DGGE 条带克隆测序, 在进化树中

归为这几类: *Proteobacteria* ( $\alpha$  和  $\gamma$  变形菌纲)、*Acidobacteria* (酸杆菌纲)、*Nitrospira* (硝化螺旋菌属)、*Bradyrhizobium* (慢生根瘤菌属)、*Arthrobacter* (节杆菌属)这些细菌都是大豆根际比较常见的细菌类群,在根际生态系统中都发挥着各自的作用。

PCR-DGGE 技术有着传统培养法不可比拟的优点,缺点是只能检测到占微生物约 1%或以上的类群<sup>[23]</sup>,而且割胶测序后鉴定细菌种群落结构很难达到种水平,而且只能检测到土壤细菌种群中的优势菌群,土壤中那些也起重要作用的弱势菌群则不能被检测到<sup>[24]</sup>。因此必须与其它技术相结合才能弥补不足,如荧光原位杂交技术、16S rDNA 基因文库、Real time PCR、生物芯片等等。这样就能在微生物分子生态研究中进一步发挥分子技术的高效、灵敏、准确的特点。

## 参 考 文 献

- [1] 张集慧,王春兰,郭顺星,等. 兰科药用植物的 5 种内生真菌产生的植物激素[J]. 中国医学科学院学报, 1999, 21(6): 460-465.
- [2] 魏林. 哈茨木霉 TZ-1 发酵产物对豌豆种子胚根组织的影响[J]. 湖南农业科学, 2004, 192(4): 23-24.
- [3] Martensson AM. Use of heterotrophic and cyanobacterial nitrogen fixation to study the impact of anthropogenic substances on soil biological Processes[J]. Bull Environ Contam Toxicol, 1993, 50(3): 466-473.
- [4] Li N, Wang HY. Effect of RRS on nitrogen transition and related bacteria in rhizosphere soil[J]. Northeast Agricultural University (English Edition), 2007, 14(4): 333-336.
- [5] 鲍士旦. 土壤农化分析[M]. 中国农业出版社, 第 3 版. 2005: 29.
- [6] Van Elsas JD, Dijkstra AF, Govaert JM, et al. Survival of *Pseudomonas fluorescens* and *Bacillus subtilis* introduced into two soils of different texture in field microplots[J]. FEMS Microb Ecol, 1986(38): 151-160.
- [7] Zhou J, Bruns MA, Tiedje JM. DNA recovery from soil of diverse composition[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1996(62): 316-322.
- [8] 刘丽, 段争虎, 汪思龙, 等. 不同发育阶段杉木人工林对土壤微生物群落结构的影响[J]. 生态学杂志, 2009, 28(12): 2417-2423.
- [9] Thompson JR, Marcelino LA, Polz MF. Heteroduplexes in mixed template amplifications: formation, consequence and elimination by 'reconditioning PCR' [J]. Nucleic Acids Res, 2002(30): 2083-2088.
- [10] Muyzer G, Brinkhoff T, Nubel U, et al. Denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) in microbial ecology[J]. Molecular Microbial Ecology Manual, 1998, 3(4): 1-27.
- [11] Yang C, Crowley DE. Rhizosphere microbial community structure in relation to root location and plant iron nutritional status[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2000(66): 345-351.
- [12] Schwieger F, Tebbe CC. A new approach to utilize PCR single strand conformation polymorphism for 16S rRNA Gene-based microbial community analysis[J]. Applied and Environmental Microbiology, 1998(64): 4870-4876.
- [13] Hu Y S, Wu K, Liu N, et al. Dynamics of microbial communities in bulk and developing cucumber rhizosphere soil[J]. Agricultural Sciences in China, 2004, 3(5): 376-383.
- [14] 刘冰, 翟瑞常, 郑殿峰, 等. 植物生长调节剂对大豆根建成期部分根系特性及同化物的影响[J]. 大豆科学, 2008, 28(5): 824-827.
- [15] 李海燕, 刘丽. 产生物活性物质植物内生菌的研究进展[J]. 天然产物研究与开发, 2004, 16(15): 482-485.
- [16] Garbeva P, Veen J AV, Elsas JDV. Microbial diversity in soil: selection of microbial populations by plant and soil type and implications for disease suppressiveness[J]. Annu Rev Phytopathol, 2004(42): 243-270.
- [17] Marschner P, Yang CH, Lieberei R, et al. Soil and plant specific effects on bacterial community composition in the rhizosphere[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2001(33): 1437-1445.
- [18] Smit E, Leeflang P, Gommans S, et al. Diversity and seasonal fluctuations of the dominant members of the bacterial soil community in a wheat field as determined by cultivation and molecular methods[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2001(67): 2284-2291.
- [19] Aislabie JN, Chhour K, Saul DJ, et al. Dominant bacteria in soils of Marble point and Wright valley, Victoria land, Antarctica[J]. Soil Biology and Biochemistry, 2006, 38(10): 3041-3056.
- [20] Hunter PJ, Petch GM, Calvo Bado LA, et al. Differences in microbial activity and microbial populations of peat associated with suppression of damping-off disease caused by *Pythium sylvaticum*[J]. Appl Environ Microbiol, 2006, 72(10): 6452-6460.

- [21] Bremner JM. Sources of nitrous oxide in soils[J]. Nutr Cycl Agroecosys, 1997(49): 7-16.
- [22] Ju Ding, Kai Shi, Yan Hong, et al. Microbial community responses associated with the development of *Fusarium oxysporum* sp. cucumerinum after 24-epibrassinolide application to shoots and roots in cucumber[J]. European Journal of Plant Pathology, 2009, 124(1): 141-150.
- [23] Zhanbei Liang, Rhae A Drijber. A DGGE-cloning method to characterize arbuscular mycorrhizal community structure in soil[J]. Soil Biology & Biochemistry, 2008(40): 956-966.
- [24] 孙晓棠, 王燕, 龙良鲲, 等. 番茄根际微生物种群动态变化及多样性[J]. 微生物学通报, 2008, 35(11): 1744-1749.

## 编辑部公告

### 中国科学院微生物研究所期刊广告部简介

中国科学院微生物研究所期刊广告部于 2007 年 3 月正式成立, 已取得北京市工商局正式批准的广告经营许可证(京海工商广字第 8107 号)。广告部代理《生物工程学报》、《微生物学报》、《微生物学通报》、《菌物学报》四个期刊的广告经营业务, 此四种期刊均为中国自然科学核心期刊, 国内外公开发行, 主要报道微生物学和生物技术领域的最新研究成果和研究动态, 已被美国化学文摘(CA)、生物学文摘(BA)、医学索引(MEDLINE)、俄罗斯文摘杂志(AJ)及《中国学术期刊文摘》、《生物学文摘》等国内外著名数据库和检索期刊收录, 是促进国内外学术交流的重要科技期刊。

广告刊登内容主要包括大型生化仪器(如显微镜、离心机、色谱仪、无菌操作台、大、中、小型发酵罐)、设备耗材(如 PCR 仪、细胞生物反应器、微量移液器、离心管、杂交膜)及生化试剂(如各种酶、载体、试剂盒)等的产品宣传信息, 也可以发布生物技术人才招聘信息、会议消息、以及与生命科学有关的各类服务信息。广告部以严谨、诚信为原则, 愿与从事生物技术产品生产与销售的各类厂商和公司精诚合作, 共同发展。如有刊登广告的需要, 欢迎与我们电话或 E-mail 联系获取各刊版位及报价信息! 也可以登陆各刊网站, 了解更多详情。

#### 提示:

收款单位: 中国科学院微生物研究所

开户银行: 中国工商银行北京分行海淀西区支行

帐号: 0200004509089117425

中国科学院微生物研究所·期刊广告部

联系电话: 010-64807336; 010-64806142

联系人: 武文 王闵

电子信箱: gg@im.ac.cn

网 址: <http://journals.im.ac.cn>