

黄瓜初花期与结瓜期叶片可培养内生细菌多样性研究

孙占斌¹ 袁行方¹ 王音娴¹ 张辉² 张文会² 冯永君^{1*}

(1. 北京理工大学生命学院 北京 100081)

(2. 聊城大学生命科学学院 山东 聊城 252059)

摘要:【目的】研究黄瓜初花和结瓜两个生长期叶片可培养内生细菌的多样性。【方法】采用叶片表面消毒、菌种分离、16S rDNA 序列扩增和系统发育分析进行了系统研究。

【结果】两时期黄瓜内生细菌的种类、数量及优势菌的种类都有明显差异。初花期叶片含菌量为 $(2.6\pm 0.18)\times 10^6$ CFU/g 鲜重, 分离出的 38 株内生细菌分别属于短小杆菌属(*Curtobacterium* sp.)、节杆菌属(*Arthrobacter* sp.)、微杆菌属(*Microbacterium* sp.)等 14 个已知属, 其中优势种类为短小杆菌属菌株; 结瓜期叶片含菌量为 $(5.2\pm 0.42)\times 10^5$ CFU/g 鲜重, 分离出的 43 株内生菌分别属于泛菌属(*Pantoea* sp.)、假单胞菌属(*Pseudomonas* sp.)、芽孢杆菌属(*Bacillus* sp.)等 11 个已知属, 其中优势种类为泛菌属菌株。【结论】初花期内生菌含量是结瓜期的 5 倍, 两时期内生菌的种类表现出很强的差异, 体现出黄瓜不同生育期可培养内生菌数量和种类的多样性, 相关研究为黄瓜促生内生细菌的理论探索和生产应用提供一定的研究基础。

关键词: 黄瓜, 内生细菌, 初花期, 结瓜期, 多样性

Diversity of culturable entophytic bacteria in cucumber leaves at blossoming and fruiting stages

SUN Zhan-Bin¹ YUAN Xing-Fang¹ WANG Yin-Xian¹ ZHANG Hui²
ZHANG Wen-Hui² FENG Yong-Jun^{1*}

(1. School of Life Science, Beijing Institute of Technology, Beijing 100081, China)

基金项目: 国家自然科学基金(No. 30870055, 30871464, 31170035); 山东省自然科学基金(No. ZR2010CQ042)

*通讯作者: Tel: 86-10-68914495; ✉: fengyj@bit.edu.cn

收稿日期: 2011-10-09; 接受日期: 2011-12-19

(2. School of Life Science, Liaocheng University, Liaocheng, Shandong 252059, China)

Abstract: [Objective] The aim of this study is to explore the quantity and diversity of culturable endophytic bacteria in cucumber leaves sampled at blossoming and fruiting stages. **[Methods]** Leaf surface disinfection, strain isolation, 16S rDNA amplification and phylogenetic analysis were used in this study. **[Results]** It is found that there is a significant difference in the bacterial quantity and species at two stages. At blossoming stage, the isolated bacteria belong to 14 genera, including *Curtobacterium* sp., *Arthrobacter* sp., *Microbacterium* sp., etc. The isolating quantity is $(2.6 \pm 0.18) \times 10^6$ CFU/g fw, with *Curtobacterium* sp. being the dominant strain. However, at fruiting stage, the isolated bacteria belong to 11 genera, including *Pantoea* sp., *Pseudomonas* sp., *Bacillus* sp., etc. The isolating quantity is $(5.2 \pm 0.42) \times 10^5$ CFU/g fw, with *Pantoea* sp. being the dominant strain. **[Conclusion]** The species of endophytic bacteria at these two stages were quite different. The quantity of endophytic bacteria at fruiting stage was examined to be four-fold higher than that at blooming stage. These data indicate a significant diversity in culturable bacterial species at two different growth stages. Some strains obtained from this work provide possibility for further endophyte-cucumber association mechanism study and even field application perspectives.

Keywords: Cucumber, Endophytic bacteria, Blossoming stage, Fruiting stage, Diversity

植物内生菌能定殖在健康植物组织内并与植物建立和谐联合关系, 它们能通过产生 IAA、细胞激动素等物质, 促进植物生长发育; 还可通过产生抗生素、生物碱类物质与病原菌竞争生态位等起到对植物的保护作用^[1], 甚至能够诱导植物产生系统抗性来增强宿主的生存适应性^[2]。植物-内生菌这种和谐共生、互利共栖的生命形式, 是“资源节约型、环境友好型”生态型农业发展的一条重要思路。

黄瓜是世界上分布最广泛、最重要的蔬菜栽培作物之一, 在我国蔬菜周年供应中同样占有极其重要的地位。据联合国粮农组织统计, 2004 年我国黄瓜栽培面积已达 1 502 900 hm², 产量达到 25 558 000 Mt^[3]。黄瓜生长周期主要包括营养和生殖生长两个阶段。前者包括发芽和幼苗期; 后者包括初花和结瓜期, 该阶段占据了大部分生育期且与产量形成密切相关。影响初花和结瓜期的因素除了环境因素(如温度、光照、水分), 还有生物因素如植物自身分泌的激素及内生菌的影响等^[4]。由于植物与内生菌的作用是相互的, 因此

由于植物生长发育阶段更替带来的生理生化变化, 必然会影响到定殖微生物的种群与数量等^[5], 相关研究对从微生态角度研究作物生长、产量形成具有重要意义, 备受关注。目前国内外关于黄瓜内生菌的研究相对较少, 且主要集中在内生真菌和放线菌方面, 其研究目的也主要是在抗病与促生方面^[6], 关于黄瓜内生细菌的多样性研究尚未见到。本文则主要探索黄瓜初花和结瓜期内叶片可培养内生细菌的种类、数量及优势菌的种类变化, 为黄瓜促生内生细菌的理论探索和生产应用提供一定的研究基础。

1 材料和方法

1.1 黄瓜品种与植株

黄瓜为“中农 16”品种, 由中国农业科学院蔬菜花卉研究所研制, 抗多种病害, 为目前华北地区瓜农种植主栽品种。黄瓜植株, 于 2010 年 4 月中旬至 5 月中旬分 3 次采自北京市平谷区农业推广学校蔬菜大棚。取样阶段为初花期和结瓜期, 试验对象为植株叶片。

1.2 内生菌的分离与培养

分别取初花和结瓜期的黄瓜植株叶片各 1 g, 用无菌水冲洗干净, 无菌滤纸吸干后, 分别用 75% 酒精浸泡 2 min, 2.6% NaClO 浸泡 5 min, 75% 酒精浸泡 1 min 进行表面消毒, 再用无菌水冲 6 次, 将最后一次冲洗液涂营养琼脂(NA)培养基(g/L): 牛肉膏 3, 蛋白胨 10, 氯化钠 5, 琼脂 18–20, pH 6.8–7.0, 1×10^5 Pa 高压蒸汽灭菌 20 min。平板检查表面消毒效果, 要求对照平板无菌落生长, 确保表面消毒彻底。将消毒后的样品放在加有 9 mL 无菌水的无菌研钵充分研磨, 静置 20 min, 再稀释 3 个浓度梯度, 各取 0.1 mL 涂布到 NA 培养基中, 每个梯度 3 个重复, 置于恒温培养箱中 30 °C 培养 1–3 d。每个叶片样品做 3 个重复。

1.3 内生菌的纯化与保存

细菌培养 1–3 d 后分别记录各平板的菌落数量, 根据菌落形态(大小、形状、颜色、表面光泽度、边缘整齐度、透明度和质地等), 镜检菌体形态(形状、革兰氏染色反应、排列方式和有无芽孢等); 分别挑取有差异的菌落, 在 NA 平板上划线纯化 3 次, 将纯化后的内生细菌编号后接种到相应培养基斜面上 4 °C 冰箱保存, 同时采用–80 °C 甘油管冻存。

1.4 内生细菌 DNA 模板的提取与 16S rDNA 片段扩增

将内生细菌培养至指数期, 取 1.5 mL 菌液用基因组 DNA 提取试剂盒(北京百泰克生物技术有限公司)提取基因组 DNA, 进行 16S rDNA 序列扩增。扩增选用通用引物^[7], 由上海生工生物工程技术服务有限公司合成: P1: 27f (5'-AGAGTTT GATCCTGGCTCAG-3'), P2: 1492r (5'-TACGG CTACCTTGTTACGACTT-3')。PCR 扩增时, 94 °C 4 min; 94 °C 1 min, 55 °C 1 min, 72 °C 2 min, 共 30 个循环; 72 °C 10 min。PCR 扩增产物通过 1% 琼脂糖凝胶电泳检测。

1.5 细菌 16S rDNA 序列测定与同源性比对

PCR 扩增产物由上海生工生物工程技术服务有限公司测序后, 用 CHECK-CHIMERA 进行嵌合体序列的鉴定, 除去嵌合体及怪异序列, 再与 GenBank 数据库中的已知序列进行 NCBI BLAST (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) 比对分析, 寻找具有较高同源性的 16S rDNA 序列。确定各菌株有效序列后用 Clustal X 进行多序列比对^[8], 再用 Mega version 4.1 进行系统发育分析, 其中系统进化矩阵按 Kimura 2-Parameter 模型估计^[9], 采用邻接法(Neighbor-Joining)聚类分析^[10], 构建系统发育树。重复取样 1 000 次进行自展值(Bootstrap value) 分析评估系统进化树的拓扑结构的稳定。根据文献, 定义 16S rDNA 序列相似性大于 98% 归于同一个物种^[11]。

2 结果与分析

2.1 初花期和结瓜期黄瓜叶片内生菌的分离

将初花和结瓜期两时期的黄瓜叶片表面消毒后, 进行组织内生细菌的分离培养, 结果表明, 在 NA 平板上长出大量菌落, 菌落形态存在明显差异, 说明黄瓜叶片中不仅存在大量内生细菌, 且种类丰富。菌落计数得到两时期内生菌数量分别为: 初花期为 $(2.6 \pm 0.18) \times 10^6$ CFU/g 鲜重, 结瓜期为 $(5.2 \pm 0.42) \times 10^5$ CFU/g 鲜重(显著性水平 $P < 0.05$), 前者是后者的 5 倍。选择差异明显的菌落进行平板划线纯化, 共得到 81 株内生菌; 其中, 初花期 38 株, 结瓜期 43 株。

2.2 16S rDNA 序列扩增及菌种鉴定

将两个时期分离的 81 株内生细菌成功提取基因组 DNA, 对其 16S rDNA 序列进行 PCR 扩增均得到片段约 1.5 kb 的单一一条带(图 1, 图中仅列出两个时期部分内生菌的电泳条带, 其它菌的条带位置与图中一致)。将 PCR 产物测序并将测得的序列提交登陆 GenBank 并获得登录号 (JN084129–JN084164, HQ874629)。

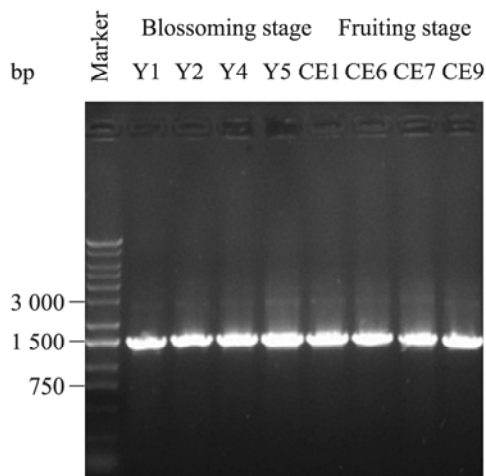


图1 内生细菌 16S rDNA 的 PCR 扩增片段的琼脂糖凝胶电泳

Fig. 1 Agarose gel electrophoresis of 16S rDNA fragments amplified by PCR

2.3 系统发育分析

对上述初花期的 38 株和结瓜期的 43 株内生细菌的 16S rDNA 序列进行比对分析, 结果见表 1 和 2 以及图 2 和 4。从分析结果(表 1 和图 2)看, 初花期的 38 株内生细菌分别属于 4 个细菌类群中的 14 个已知属。其中放线菌类(Actinobacteria)最多, 占 60.5%, 为优势菌群, 包含 7 属。其次是厚壁菌类(Firmicutes), 占 28.9%, 包含 2 属。剩余的两类: 伽马变形杆菌类(Gammaproteobacteria)和阿尔法变形杆菌类(Alphaproteobacteria)各占 7.9%和 2.7%, 分别包含 2 属和 1 属(图 3A)。其中, 短小杆菌属(*Curtobacterium*)含有 7 株细菌, 在初花期为优势属, 其次是芽孢杆菌属(*Bacillus*), 含有 6 株细菌。其中, 隶属于短小杆菌属的菌株 Y1

表 1 初花期黄瓜叶片内生菌 16S rDNA 序列相似性分析

Table 1 16S rDNA sequence analysis of endophytes from cucumber leaves sampled at blossoming stage

类群 Class	属 Genus	代表菌株 Number	最相近菌株(登录号) Closest related strain	同源性 Homology (%)	GenBank 登录号 Accession number		
Actinobacteria	<i>Curtobacterium</i>	Y1	<i>C. oceanosedimentum</i> (EF592577)	99.7	JN084144		
		Y2	<i>A. crystallopoietes</i> (GQ213998)	100.0	JN084131		
	<i>Arthrobacter</i>	Y34	<i>A. subterraneus</i> (DQ097525)	99.6	JN084164		
		<i>Microbacterium</i>	Y10	<i>M. testaceum</i> (X77445)	99.8	JN084147	
			Y14	<i>M. terricola</i> (AB234025)	98.6	JN084156	
	<i>M. hydrocarbonoxydans</i>	Y20	<i>M. hydrocarbonoxydans</i> (EU714352)	99.2	JN084159		
		Y29	<i>M. flavescens</i> (EU714363)	98.9	JN084162		
		<i>Kocuria</i>	Y16	<i>K. rosea</i> (Y11330)	99.8	JN084149	
	Y35		<i>K. palustris</i> (Y16263)	100.0	JN084163		
	Firmicutes	<i>Janibacter</i>	Y17	<i>J. melonis</i> (EU333885)	99.7	JN084150	
			<i>Kytococcus</i>	Y31	<i>K. sedentarius</i> (AY881239)	99.3	JN084152
		<i>Agromyces</i>		Y33	<i>A. fucosus</i> (AY158025)	99.5	JN084153
				Y37	<i>M. luteus</i> (AM237392)	99.3	JN084154
		Firmicutes	<i>Staphylococcus</i>	Y5	<i>S. epidermidis</i> (L37605)	100.0	JN084145
Y23	<i>S. haemolyticus</i> (EU379304)			99.7	JN084161		
<i>Bacillus</i>	Y6		<i>B. megaterium</i> (GQ181059)	99.9	JN084146		
	Y8		<i>B. aryabhatai</i> (EF114313)	100.0	JN084155		
	Y19		<i>B. simplex</i> (AJ628745)	99.8	JN084158		
	Y22		<i>B. thuringiensis</i> (AM747223)	99.8	JN084160		
Gammaproteobacteria	<i>Lysobacter</i>	Y15	<i>L. soil</i> (EF623862)	99.1	JN084149		
		<i>Luteimonas</i>	Y4	<i>L. aquatica</i> (EF626688)	96.8	HQ874629	
	<i>Stenotrophomonas</i>		Y28	<i>S. maltophilia</i> (AJ131117)	99.8	JN084157	
Alphaproteobacteria	<i>Agrobacterium</i>	Y18	<i>A. larrymoorei</i> (Z30542)	99.9	JN084151		

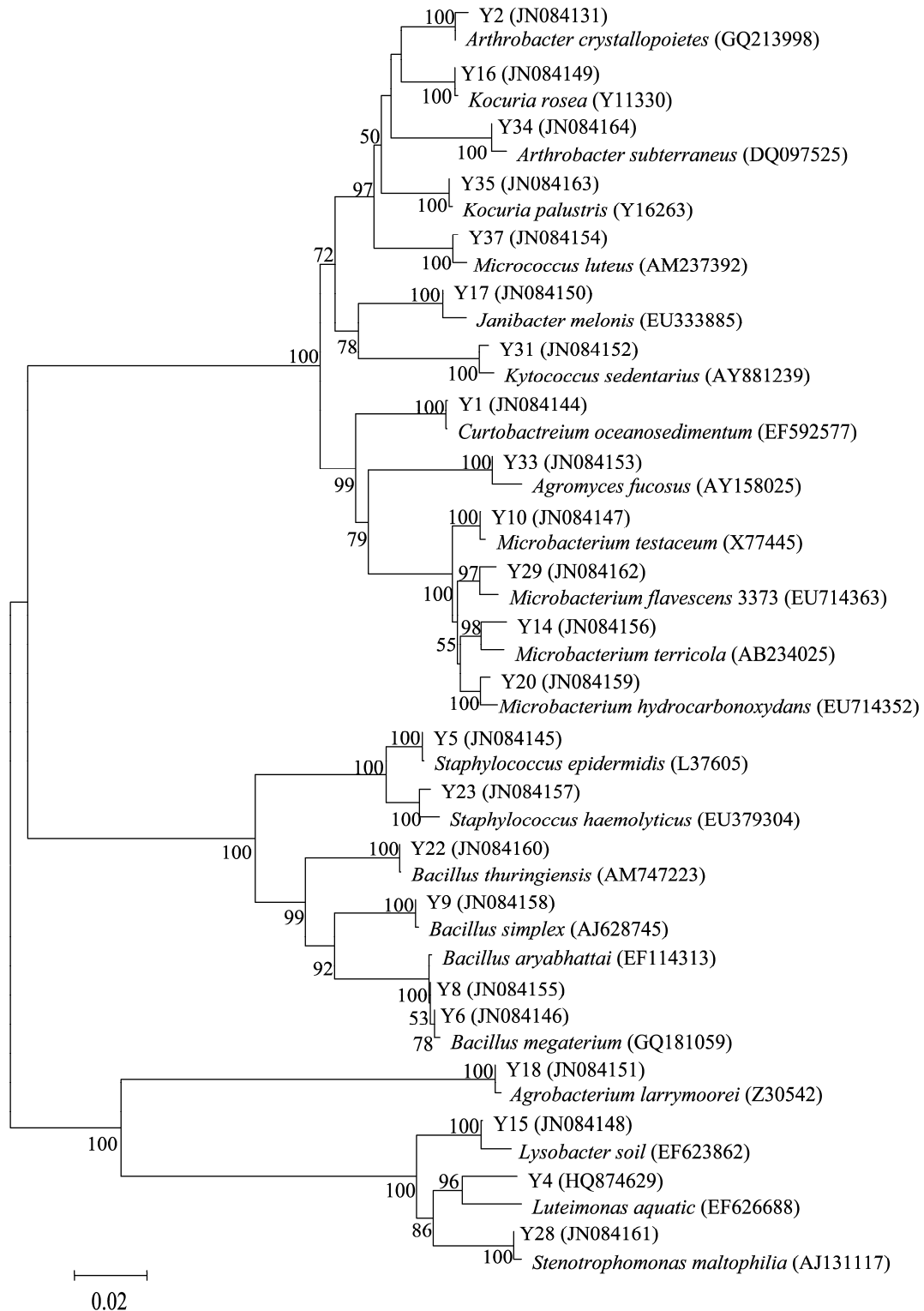


图 2 基于 16S rDNA 序列构建的初花期黄瓜叶片内生细菌系统发育树

Fig. 2 16S rDNA phylogenetic tree of endophytes from cucumber leaves sampled at blossoming stage

Note: Numbers in parentheses represent the sequences accession number in GenBank. Numbers at the nodes indicate the bootstrap values on neighbor-joining analysis of 1 000 resampled data sets. Bar (0.02) represents sequence divergence.

为最优势种, 占初花期分离内生菌总量(以 CFU 计)的 57.6%。此外, 隶属于藤黄单胞菌属 (*Luteimonas*)的一株编号 Y4 的内生菌与已知序列同源性为 96.8%, 通过分子生物学及生理生化指标测定确定其为一新种, 将在近期另文发表。需要指出的是, 鉴于优势种在所有分离菌的比例仅是依据形态学特征来区分和计算的, 其统计数量和比例仅供参考之用。

从表 2 和图 4 可以看出, 结瓜期的 43 株内生细菌分别属于 5 个细菌类群中的 11 个已知属。其

中伽马变形杆菌类细菌最多, 占 46.5%, 为优势菌群, 包含 3 属。其次是阿尔法变形杆菌类, 占 23.3%, 包含 2 属, 放线菌类和厚壁菌类占有相同的比例 13.9%, 分别包含 3 属和 2 属。异常球菌类(*Deinococci*)含量最少, 为 2.4%, 仅含有 1 属(图 3B)。其中, 泛菌属(*Pantoea*)含有 15 株细菌, 是结瓜期的优势菌属, 其次是农杆菌属(*Agrobacterium*), 含有 9 株细菌。其中, 隶属于泛菌属的菌株 CE1 为最优势种, 占结瓜期分离内生菌总量(以 CFU 计)的 65.0%。

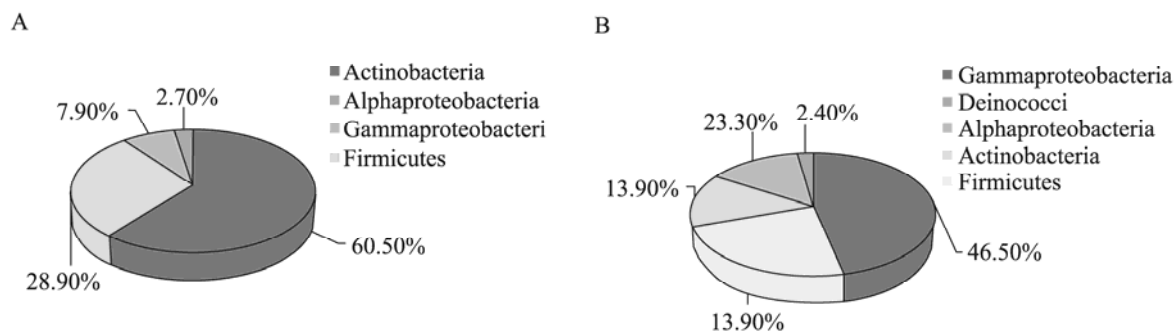


图 3 初花期(A)和结瓜期(B)叶片中各类群内生菌所占得比例

Fig. 3 Groups and their respective occupation of endophytes from cucumber leaves sampled at blossoming (A) and fruiting (B) stages

表 2 结瓜期黄瓜叶片内生菌 16S rDNA 序列相似性分析

Table 2 16S rDNA sequence analysis of endophytes from cucumber leaves sampled at fruiting stage

类群 Class	属 Genus	代表菌株 Number	最相近菌株(登录号) Closest related strain	同源性 Homology (%)	GenBank 登录号 Accession number
Gammaproteobacteria	<i>Pantoea</i>	CE1	<i>P. agglomerans</i> (FJ756347)	99.8	JN084132
	<i>Pseudomonas</i>	CE9	<i>P. viridiflava</i> (HM190224)	100.0	JN084135
	<i>Moraxella</i>	CE12	<i>M. osloensis</i> (AF005190)	99.8	JN084136
Alphaproteobacteria	<i>Agrobacterium</i>	CE6	<i>A. larrymoorei</i> (EF178437)	99.6	JN084133
	<i>Brevundimonas</i>	CE39	<i>B. vesicularis</i> (AJ227780)	100.0	JN084130
Actinobacteria	<i>Kocuria</i>	CE7	<i>K. rosea</i> (Y11330)	99.8	JN084134
	<i>Microbacterium</i>	CE28	<i>M. testaceum</i> (X77445)	99.8	JN084138
	<i>Curtobacterium</i>	CE33	<i>C. oceanosedimentum</i> (EF592577)	99.7	JN084139
Firmicutes	<i>Bacillus</i>	CE27	<i>B. simplex</i> (GU201860)	100.0	JN084137
		CE8	<i>B. asahii</i> (AB109209)	98.9	JN084129
	<i>Paenibacillus</i>	CE42	<i>P. polymyxa</i> (EF474078)	99.6	JN084141
Deinococci	<i>Deinococci</i>	CE40	<i>D. grandis</i> (Y11329)	98.6	JN084140

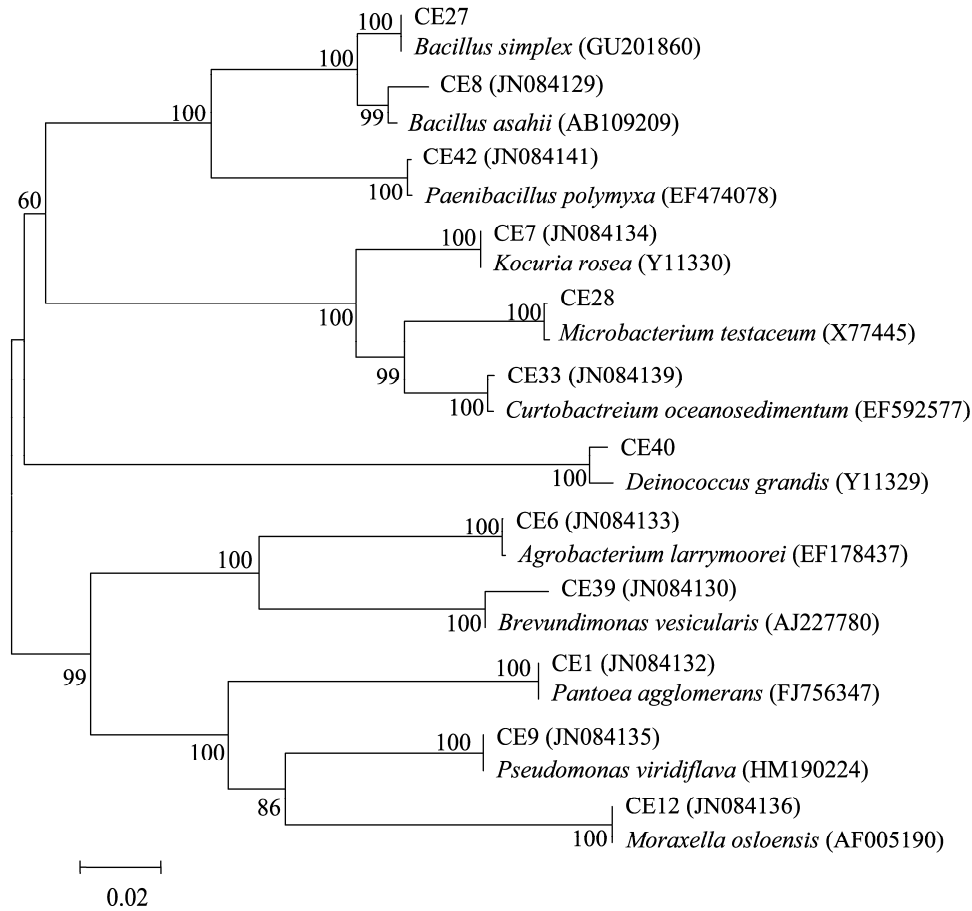


图 4 基于 16S rDNA 序列构建的结瓜期黄瓜叶片内生细菌系统发育树

Fig. 4 16S rDNA phylogenetic tree of endophytes from cucumber leaves sampled at fruiting stage

Note: Numbers in parentheses represent the sequences accession number in GenBank. Numbers at the nodes indicate the bootstrap values on neighbor-joining analysis of 1 000 resampled data sets. Bar (0.02) represents sequence divergence.

3 讨论

植物内生菌的分离鉴定是内生菌研究的首要问题,是内生菌与植物的互作研究、发现重要功效内生菌的前提,一直受到高度重视。本文选用在我国蔬菜种植中占有重要地位的黄瓜“中农 16”品种为研究对象,探究初花期和结瓜期叶片内生菌的多样性,并对这些内生菌进行了 16S rDNA 鉴定。两时期共分离到内生菌 81 株,初花期 38 株,分属于 14 个已知属,其中隶属于短小杆菌属的菌株 Y1 为最优势种,占 57.6%,发现 Y4 菌株属于新种 *Luteimonas* sp.。结瓜期 43 株分属于 11

个已知属,其中隶属于泛菌属的菌株 CE1 为最优势种,占 65.0%。显示出两个时期黄瓜叶片组织内生菌的多样性。

内生菌数量方面,初花期内生菌含量是结瓜期的近 5 倍,体现出不同生育期内生菌数量的显著差异。这种变化可能与植物不同生长期的生理生化变化有关,或由于内生菌群之间出现竞争导致种类和数量发生变化。初花期的某些内生菌群可能与茎叶的形成、根系的发展和花的开放相关;结瓜期的某些内生菌群可能与结瓜期果实的发育成熟有关。因此,了解生殖生长期内生菌多样性及动态变化,对于研究内生菌群和产量的关系

十分重要。这种在不同生长时期, 植物内生菌的种类和数量会发生变化的现象也在其它一些植物中发现。McInroy 报道, 棉花内生菌数量在不同生育期存在明显差异: 从苗期开始增加, 到成株期达到最大, 然后到成熟期又开始下降^[12]。此外, 在水稻^[5]、番茄^[13]、豆科植物^[14]和花生^[15]中也发现此类现象。

本研究显示, 黄瓜叶片内生菌种类丰富, 表现出很强的多样性, 其中很多很可能具有一定的应用价值。结瓜期的优势菌株 CE1, 占分离内生菌数量的 65.0%, 与其同源性最高的成团泛菌具有潜在的促生作用, 例如我们前期研究发现与 CE1 同源性较高的成团泛菌 YS19 是水稻优势菌群, 它可以通过固氮或产生四种植物激素来促进水稻的生长^[16]。有些则与抗病相关, 与 Y22 菌株同源的苏云金芽孢杆菌有杀虫作用^[17]; 与 CE42 菌株同源的多粘类芽孢杆菌有很高的杀菌抗病活性^[18]。还有一些在环境治理修复方面具有重要的应用价值, 比如与 Y20 菌株同源的裂解烃微杆菌, 与 Y37 菌株同源的藤黄微球菌, 与 CE27 菌株同源的简单芽孢杆菌等^[19-20]。在初花期占分离菌总数的 57.6% 的优势种 Y1 菌株, 与其同源性最近的海洋短小杆菌在应用价值方面目前缺乏相关报道。本研究所获得的内生菌在与黄瓜互作中的生物学效应, 以及潜在的环境应用价值等都值得进一步研究。

致谢: 感谢北京平谷区农业推广学校王云富老师提供样品来源以对本研究的大力支持。

参 考 文 献

- [1] 冯水君, 宋未. 植物内生细菌[J]. 自然杂志, 2001, 23(5): 249-252.
- [2] Van Wees SC, Pieterse CMJ, Trijssenaar A, et al. Differential induction of systemic resistance in *Arabidopsis* by biocontrol bacteria[J]. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 1997, 10(6): 716-724.
- [3] 顾兴芳, 张圣平, 王焯. 我国黄瓜育种研究进展[J]. 中国蔬菜, 2005(12): 1-7.
- [4] 王万清, 司龙亭, 高兴. 黄瓜不同组织中内源激素与单性结实的关系[J]. 江苏农业科学, 2009(2): 154-156.
- [5] 刘云霞, 张青文, 周明群. 水稻体内细菌的动态研究[J]. 应用生态学报, 1999, 10(6): 735-738.
- [6] El-Tarabily KA, Nassar AH, Hardy GE, et al. Plant growth promotion and biological control of *Pythium aphanidermatum*, a pathogen of cucumber, by endophytic actinomycetes[J]. *Journal of Applied Microbiology*, 2009, 106(1): 13-26.
- [7] 周焜. 16S rRNA 序列分析法在医学微生物鉴定中的应用[J]. 生物技术通讯, 1999, 10(4): 297-305.
- [8] Thompson JD, Gibson TJ, Plewniak F, et al. The clustal_x windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools[J]. *Nucleic Acids Research*, 1997, 25(24): 4876-4882.
- [9] Kumar S, Tamura K, Nei M. MEGA3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment[J]. *Briefings in Bioinformatics*, 2004, 5(2): 150-163.
- [10] Saitou N, Nei M. The neighbor joining method, a new method for reconstructing phylogenetic trees[J]. *Molecular Biology and Evolution*, 1987, 4(4): 406-425.
- [11] Devereux R, He SH, Doyle CL, et al. Diversity and origin of *Desulfovibrio* species: phylogenetic definition of a family[J]. *Journal of Bacteriology*, 1990, 172(7): 3609-3619.
- [12] McInroy JA, Klopper JW. Survey of indigenous bacterial endophytes from cotton and sweet corn[J]. *Plant and Soil*, 1995, 173(2): 337-342.
- [13] 黎起秦, 谢义灵, 林纬, 等. 广西番茄内生细菌的多样性和数量动态[J]. 生物多样性, 2006, 14(6): 534-540.
- [14] 林世利, 李真, 马玉红, 等. 阿拉尔地区几种豆科植物内生细菌种群动态研究[J]. 安徽农业科学, 2007, 35(33): 10822-10823.

- [15] 宋子红, 丁立孝, 马伯军, 等. 花生内生菌的种群及动态分析[J]. 植物保护学报, 1999, 26(4): 309-313.
- [16] Feng YJ, Shen DL, Song W. Rice endophyte *Pantoea agglomerans* YS19 promotes host plant growth and affects allocations of host photosynthates[J]. Journal of Applied Microbiology, 2006, 100(5): 938-945.
- [17] Ventura-Suárez A, Cruz-Camarillo R, Rampersad J, et al. Characterization of a novel *Bacillus thuringiensis* phenotype possessing multiple appendages attached to a parasporal body[J]. Current Microbiology, 2011, 62(1): 307-312.
- [18] Kajimura Y, Kaneda M. New depsipeptide antibiotics produced by *Bacillus polymyxa* KT-8: isolation, structure elucidation and biological activity[J]. The Journal of Antibiotics, 1997, 50(3): 220-228.
- [19] Schippers A, Bosecker K, Sproer C, et al. *Microbacterium oleivorans* sp. nov. and *Microbacterium hydrocarbonoxydans* sp. nov., novel crude-oil-degrading gram-positive bacteria[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2005, 55(Pt 2): 655-660.
- [20] Yuan LJ, Jang LC, Peng ZS, et al. Breeding of the high phenol-degraded bacterium JY01 and study on phenolic biodegradation[J]. Microbiology, 2009, 36(4): 587-592.

征订启事

欢迎订阅《微生物学通报》

《微生物学通报》创刊于 1974 年, 是中国科学院微生物研究所和中国微生物学会主办, 国内外公开发行人, 以微生物学应用基础研究及技术创新与应用为主的综合性学术期刊。刊登内容包括: 基础微生物学研究, 农业微生物学研究, 工业微生物学研究, 医学微生物学研究, 食品微生物学研究, 环境微生物学研究, 微生物功能基因组研究, 微生物蛋白组学研究, 微生物模式菌株研究, 生物工程与药物研究, 微生物技术成果产业化及微生物教学研究改革等。

本刊为中国生物科学类核心期刊。曾获国家级优秀科技期刊三等奖, 中国科学院优秀科技期刊三等奖, 北京优秀科技期刊奖, 被选入新闻出版总署设立的“中国期刊方阵”并被列为“双效”期刊。

自 2008 年本刊已经全新改版, 由双月刊改为月刊, 发表周期缩短, 内容更加丰富详实。欢迎广大读者到邮局订阅或直接与本刊编辑部联系购买, 2012 年每册定价 58 元, 全年 696 元, 我们将免邮费寄刊。

另, 本编辑部现存有少量过刊, 如有需要者可直接与编辑部联系。(请事先与编辑部联系, 获悉每册售价。敬请在汇款单上注明所购刊物的年代、卷、期和数量)

邮购地址: (100101)北京朝阳区北辰西路 1 号院 3 号中国科学院微生物研究所《微生物学通报》编辑部

Tel: 010-64807511; E-mail: bjb@im.ac.cn, tongbao@im.ac.cn

网址: <http://journals.im.ac.cn/wswxtbcn>

国内邮发代号: 2-817; 国外发行代号: BM413