

木霉属 2 中国新记录种

孙瑞艳 刘志诚* 陈捷

(上海交通大学 农业与生物学院/农业部都市农业(南方)重点开放实验室 上海 200240)

摘要: 【目的】明确我国南部地区土壤中分离得到的 2 株木霉菌的分类地位。【方法】采用 PDAm 培养基分离木霉菌菌株, 通过形态学鉴定和内转录间隔区(ITS)序列、翻译延长因子 1-alpha (*Tef1- α*)部分序列相似性分析对菌株进行初步鉴定; 选取 MEGA 4.0 软件用 Bootstrap 最大简约法、水平 3、重复 1 000 次来构建 ITS、*Tef1- α* 序列系统进化树并分析其亲缘关系。【结果】菌株 CM01 的 ITS 序列与 GenBank 基因库中 *Trichoderma intricatum* strain GJS 02-78 ITS 序列同源性高达 99%, 在 ITS 序列系统进化树中与模式菌株 *T. intricatum* GJS 02-78、*Trichoderma atroviride* DAOM 179514 亲缘关系最近; 其 *Tef1- α* 序列与 GenBank 基因库中 *Hypocrea intricata* strain GJS 02-78 *Tef1- α* 序列同源性高达 99%, 在 *Tef1- α* 序列系统进化树中与模式菌株 *H. intricata* GJS 02-78 亲缘关系最近; 其形态描述和模式菌株一致。菌株 SCGA5003 的 ITS 序列与 GenBank 基因库中 *Trichoderma stromaticum* strain GJS 97-181 ITS 序列同源性高达 99%, 在 ITS 序列系统进化树中与模式菌株 *T. stromaticum* GJS 97-179、GJS 97-180、GJS 97-181、GJS 97-182、GJS 97-183 亲缘关系最近; 其 *Tef1- α* 序列与 GenBank 基因库中 *T. stromaticum* strain GJS 97-183 *Tef1- α* 序列同源性高达 94%, 在 *Tef1- α* 序列系统进化树中与模式菌株 *T. stromaticum* CQSQ1032、GXNN7006 亲缘关系最近; 其形态描述和模式菌株一致。【结论】结合形态学特征与分子鉴定结果, 判定菌株 CM01 为交织木霉(*Trichoderma intricatum* Samuels & Dodd/*Hypocrea intricata* Samuels et Dodd)、SCGA5003 为子座木霉(*Trichoderma stromaticum* Samuels & Pardo-Schulth/*Hypocrea stromatica* Bezerra, Costa & Bastos), 即发现木霉属 2 个中国新记录种。

关键词: 交织木霉, 子座木霉, 分生孢子, ITS 序列分析, *Tef1- α* 序列分析

基金项目: 国家公益性行业(农业)科研专项经费项目(No. 200903052); 国家农业科技成果转化资金项目(No. 2010GB2C00146); 上海市科委重大科技攻关项目(No. 09dz1900103)

*通讯作者: Tel: 86-21-34206141; 信箱: zhchl@sjtu.edu.cn

收稿日期: 2012-05-28; 接受日期: 2012-09-13

Two new Chinese record species of the genus *Trichoderma*

SUN Rui-Yan LIU Zhi-Cheng* CHEN Jie

(School of Agriculture and Biology, Shanghai Jiao Tong University, Shanghai 200240, China)

Abstract: [Objective] The objective of this study was to examine taxonomic position of two *Trichoderma* strains which were isolated from soil in southern China. [Methods] PDAm was used as a selective medium for isolating *Trichoderma*, then two strain was indentified by analysis of internal transcribed spacer regions of the rRNA gene cluster (ITS), partial sequences of transcription extensions factor 1-alpha (*tef1- α*) and observation of morphological characters. For phylogenetic analyses in MEGA 4.0, both ITS and *tef1- α* gene sequences were analyzed using the maximum parsimony approach of close-neighbor-interchange algorithm with search level 3, in which the initial trees were obtained with the random addition of sequences (1 000 replicates). [Results] The ITS gene sequences of the strain CM01 were naturally clustered with ITS gene sequences of *Trichoderma intricatum* strain GJS 02-78 in GenBank with 99% of homology, and had the closest phylogenetic relationship with *T. intricatum* GJS 02-78, *Trichoderma atroviride* DAOM 179514 in phylogenetic tree which based on ITS sequences of strains; the *tef1- α* gene sequence of the strain CM01 were naturally clustered with *Hypocrea intricata* strain GJS 02-78 are the closest phylogenetic relatives with 99% of homology, and had the closest phylogenetic relationship with *H. intricata* GJS 02-78 in phylogenetic tree which based on *tef1- α* sequences of strains; its morphological description accorded with type strain's. Meantime, the ITS gene sequences of the strain SCGA5003 were naturally clustered with ITS gene sequences of *Trichoderma stromaticum* strain GJS 97-181 in GenBank with 99% of homology, and had the closest phylogenetic relationship with *T. stromaticum* GJS 97-179, GJS 97-180, GJS 97-181, GJS 97-182, GJS 97-183 in phylogenetic tree which based on ITS sequences of strains; the *tef1- α* gene sequence of the strain SCGA5003 were naturally clustered with *T. stromaticum* strain GJS 97-183 in GenBank with 94% of homology, and had closest relationship with *T. stromaticum* CQSQ1032, GXNN7006 in phylogenetic tree which based on *tef1- α* sequences of strains; its morphological description were consistent with type strain's. [Conclusion] Utilizing a comprehensive approaches of morphological characters and molecular identification, we concluded that we found two new Chinese record species of the genus *Trichoderma*, strain CM01 was identified as *Trichoderma intricatum* Samuels & Dodd/*Hypocrea intricata* Samuels et Dodd, strain SCGA5003 was identified as *Trichoderma stromaticum* Samuels & Pado-Schulth/*Hypocrea stromatica* Bezerra, Costa & Bastos.

Keywords: *Trichoderma intricatum*, *Trichoderma stromaticum*, Conidia, ITS, *Tef1- α*

木霉属(*Trichoderma* Pers.)真菌属于子囊菌 菌纲 (Sordariomycetes) 肉座菌亚纲
门(Ascomycota)子囊菌亚门(Pezizomycotina)粪壳 (Hypocreomycetidae)肉座菌目(Hypocreales)的肉

座菌科(Hypocreaceae)。该属由 Persoon 于 1794 年建立。目前全世界已知木霉属 141 种,其中包括已发现其肉座菌有性世代的有 98 种(<http://www.isth.info/>),在我国共报道三十余种。该属广泛分布于全球,在土壤及有机质上均可发现^[1]。

本研究在我国南部地区木霉菌资源调查中,随机采集样品 205 份,用选择性培养基分离木霉。分离到 2 株木霉菌,利用内转录间隔区(ITS)序列、翻译延长因子 1-alpha (*Tef1-α*)部分序列分析以及形态学鉴定方法,对从土壤中分离到的木霉菌进行鉴定,发现两个中国新记录种,即交织木霉(*Trichoderma intricatum* Samuels & Dodd/*Hypocrea intricata* Samuels et Dodd)和子座木霉(*Trichoderma stromaticum* Samuels & Pardo-Schulth/*Hypocrea stromatica* Bezerra, Costa & Bastos)。交织木霉属于 Section *Trichoderma* 中的 Clade Viride 进化支^[2-4],首次发现于 *Rosellinia* sp. 子囊菌生长的剥皮木材上;子座木霉属于 Section *Trichoderma* 中的 *Pachybasium*-like 进化支^[2],首次从巴西的巴海牙州(Bahia)可可树的丛枝上分离得到。

1 材料与方法

1.1 标本采集

2010 年 9-11 月和 2011 年 2-4 月,在中国南部境内 17 个省(自治区、直辖市)选择不同类型的土壤。在各采样点植被群落 10 m² 样方内,选用五点对角线取样法进行土壤采集。采样法:除去 1 cm-2 cm 的表层土后,采集植物根系周围的土壤,做好标记;再在该样方内采用多点取样,取 2 cm-25 cm 深的寄主植物根际土壤,混匀后取 200 g 装入已灭菌的自封袋中带回实验室,4 °C 保存。

1.2 菌种分离

取 10 g 风干土,用稀释平板法稀释土样(称

取土样 10 g,放入装有 90 mL 灭菌蒸馏水及小玻璃珠的 250 mL 三角瓶中,在摇床上以 180 r/min 振荡 30 min,使土样充分分散,依次制成 10⁻³ 倍稀释液),用无菌吸管按无菌操作过程分别吸取土样的 10⁻³ 倍稀释液 0.1 mL,于 PDAm 培养基^[5]平板上,再用无菌涂布器将稀释液涂匀后培养,重复 3 次。在相对湿度(Relative humidity,缩写为 RH)60%、温度 28 °C 的光照培养箱中培养,第 3 天观察菌落,选定特征菌落,挑菌丝于新 PDA 培养平板上培养,菌落形成后立即纯化。

1.3 ITS、*Tef1-α* 序列分析

采用改良版的 SDS 法^[6]提取 DNA,分别以木霉菌基因组 DNA 为模板,扩增 ITS 区的 rDNA-ITS 以及翻译延长因子的部分序列(*Tef1-α*),参照 White 等^[7]的方法扩增 rDNA-ITS 选用通用引物 ITS4 和 ITS5,参照 Samuels 等^[8-10]的方法扩增 *Tef1-α* 选用通用引物 Ef728M 和 tef1R;目的片段用捷瑞 GENECLAN 柱式胶回收试剂盒回收纯化,将回收的 PCR 产物连接到 M13-T 载体上。重组质粒转化至大肠杆菌 DH5α 宿主细胞中,使用含 Amp 的 LB 琼脂平板筛选含重组质粒的白色克隆,通过菌落 PCR 验证后利用 PCR 产物纯化试剂盒纯化 PCR 产物, DNA 样品 100 μL 送上海 MAP 生物有限公司测序。

测序结果经 BioEdit 等软件分析和手工校正后,用 NCBI 的 BLAST (2.2.12 version)程序将测出的序列分别与在 GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST>)中已知菌种的 ITS、*Tef1-α* 序列进行同源性比较分析。

选取 MEGA 4.0 软件用 Bootstrap 构建 ITS、*Tef1-α* 序列系统进化树,条件设置如下:最大简约法(MP)、重复次数(Replications) 1 000,水平(Level) 3。

2 结果与分析

2.1 形态描述

2.1.1 交织木霉 中国新记录种(图 1): *Trichoderma intricatum* Samuels & Dodd/*Hypocrea intricata* Samuels et Dodd, in Samuels, Dodd, Lu, Petrini, Schroers & Druzhinina, *Studies in Mycol* 56: 67–133, 2006.

25 °C 黑暗或者光照培养在 PDA 上生长 8 h 即可产孢, 培养 96 h 后气生菌丝上大量分生孢子

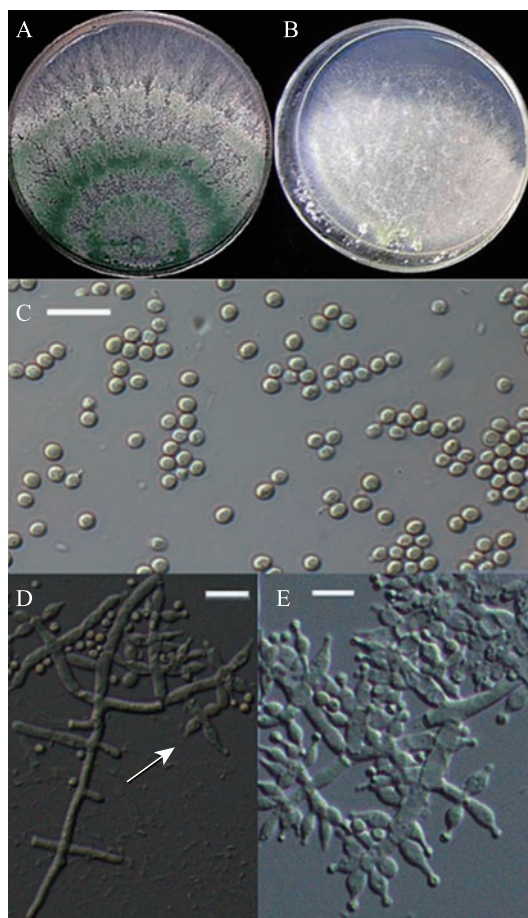


图 1 交织木霉

Fig. 1 *Trichoderma intricatum*

注: A: PDA 上的菌落形态; B: CMD 上的菌落形态; C: 分生孢子; D: CMD 上的分生孢子梗和层生瓶梗(箭头所指方向); E: PDA 上分生孢子梗和层生瓶梗。标尺: C, 5 μm ; D 和 E, 10 μm 。

Note: A: Colony on PDA; B: Colony on CMD; C: Conidia; D: Conidiophores on CMD; E: Conidiophores on PDA. Bars: C, 0.5 μm ; D and E, 10 μm .

产生, 分生孢子黑绿色形成明显的同心轮纹; 没有扩散性色素和明显气味; 在 CMD 上菌落具有宽的不规则形状产孢簇呈棉絮状, 内部可见整枝可育的分生孢子梗。分生孢子梗具有明显的主轴, 近似对称, 通常在一个节上向两边产生两个分枝, 一级分枝与主轴夹角为近似 90°, 向基部分枝长度逐渐增加, 二级分枝常为单细胞结构。瓶梗直接产生于主轴和一级分枝上, 在二级分枝上则位于顶端, 3–5 个排列为漩涡状; 瓶梗烧瓶形, 中间稍微膨大, 或者圆柱形, 直; 支撑细胞的宽度与瓶梗最宽处相似。分生孢子宽椭圆形至卵圆形, 光滑。没有发现厚垣孢子。

研究标本: 菌株 CM01 采自上海市崇明县盐碱地土壤。

2.1.2 子座木霉 中国新记录种(图 2): *Trichoderma stromaticum* Samuels & Pardo-Schulth/*Hypocrea stromatica* Bezerra, Costa & Bastos, in Samuels, Pardo-Schultheiss, Hebbar, Lumsden, Bastos, Costa & Bezerra. *Mycol. Res* 104: 762, 2000.

PDA 上产生同心轮纹状排列的分生孢子, 没有扩散性色素, 没有明显气味; 菌丝致密, 紧贴在一起, 白色, 围绕菌落中心部位形成板结状菌苔, 菌苔上生分生孢子, 在菌落边缘部位形成致密的宽阔带状结构。在 PDA 及 CMD 上, 分生孢子堆离散分布, 相互邻近的分生孢子堆也不汇合在一起, 形状为疣状或者为亚球形, 直径为 1 mm–2 mm, 布满整个菌落, 缓慢地从白色逐渐变橙黄色, 最后为灰绿色, 但 PDA 上仍然有许多白色或者黄色的部分。在 CMD 培养基上, 分生孢子梗产生于分生孢子堆的拟薄壁组织状细胞上, 由近似方形细胞组成的链构成, 分生孢子梗上部为其延伸物; 延伸物僵直, 有分隔, 壁薄, 分枝少或者不分枝, 长度为 50 μm –140 μm , 可育或者不育; 可育分枝产生于延伸物基部短的侧生分枝上, 侧生分枝由能够产生瓶梗的细胞组成,

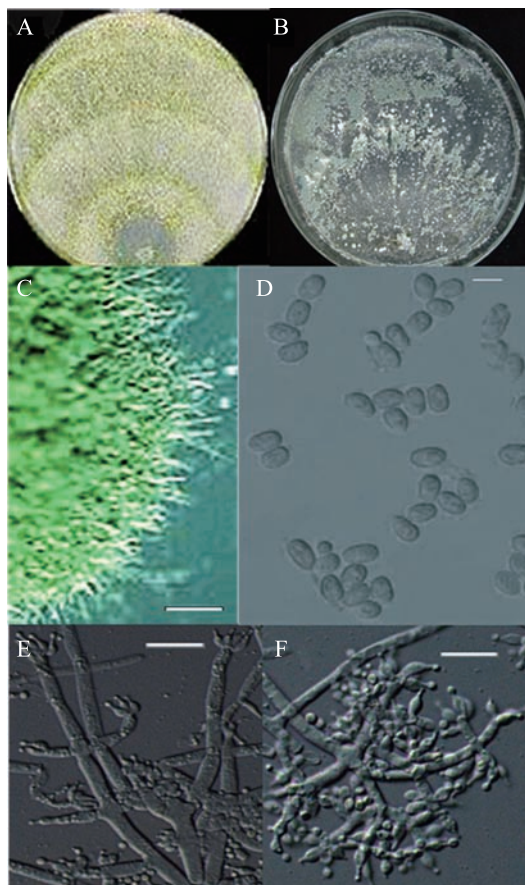


图2 子座木霉

Fig. 2 *Trichoderma stromaticum*

注: A: PDA上的菌落形态; B: CMD上的菌落形态; C: PDA上培养6 d的产孢簇; D: 分生孢子; E: CMD上的分生孢子梗和层生瓶梗; F: PDA上分生孢子梗和层生瓶梗. 标尺: C, 0.5 mm; D, 5 μm ; E和F, 10 μm .

Note: A: Colony on PDA; B: Colony on CMD; C: Compact conidiogenous pustules; D: Conidia; E: Conidiophores on CMD; F: Conidiophores on PDA. Bars: C, 0.5 mm; D, 5 μm ; E and F, 10 μm .

2-3个分枝排列为漩涡状。典型的分生孢子梗可育延伸物长度为80 μm -140 μm ,基部宽度为6 μm -7 μm ,壁薄,有分隔,光滑,顶端为一个瓶梗,瓶梗从基部向顶部逐渐均匀地变细。瓶梗位于分枝顶端,单生或者成对,排列紧密,安瓿形,在尖端下面突然缢缩,长度为5.5 μm -7.5 μm ,长宽比例为(0.9-1.3)-(2.3-4.2),不产生间生瓶梗。分生孢子白色或黄色,有的最终变为绿色,长圆

形或者圆形,大小为(4.0-4.5) μm ×(2.5-3.0) μm ,长宽比例为(1.1-1.3)-(1.7-2.0),光滑。

研究标本:菌株 SCGA5003 采自四川省广安市可可树林地土壤。

2.2 分子鉴定

考虑到木霉属真菌各种间的 rRNA-ITS 序列遗传进化非常相近,不能对木霉属种间提供明确的鉴别^[11],故在形态学鉴定的基础上,进一步采取 ITS、*Tef1- α* 综合鉴定的方法,分析该菌株 ITS 序列、*Tef1- α* 序列与形态类似的木霉菌的 ITS、*Tef1- α* 的相似度。

菌株 CM01 的 ITS 序列长度为 636 bp (GenBank 登录号 JQ040362),经 NCBI BLASTn 比对后发现该菌株与已知种 *Trichoderma intricatum* strain GJS 02-78 (GenBank 登录号 EU264002)的一致性高达 99%,相差 2 个碱基;其 *Tef1- α* 序列长度为 364 bp (GenBank 登录号 JQ040445),经 NCBI BLASTn 比对后发现该菌株与已知种 *Hypocrea intricata* strain GJS 02-78 (GenBank 登录号 EU248630)的一致性高达 99%,相差 6 个碱基,形态上和模式菌株的描述一致^[12]。

菌株 SCGA5003 ITS 序列长度为 616 bp (GenBank 登录号 JQ040387),经 NCBI BLASTn 比对后发现该菌株与已知种 *Trichoderma stromaticum* strain GJS 97-181 (GenBank 登录号 AF097910)的一致性高达 99%,相差 4 个碱基;其 *Tef1- α* 序列长度为 582 bp (GenBank 登录号 JQ040407),经 NCBI BLASTn 比对后发现该菌株与已知种 *Trichoderma stromaticum* strain GJS 97-183 (GenBank 登录号 AY937418)的一致性高达 94%,相差 11 个碱基。

ITS 序列系统进化树(图3)表明菌株 CM01 ITS 序列和处于同一分支上的模式菌株 *Trichoderma intricatum* strain GJS 02-78、*Trichoderma atroviride* strain DAOM 179514 的 ITS 序列亲缘关系最近,Bootstrap 值为 69%,其次是与 *Trichoderma*

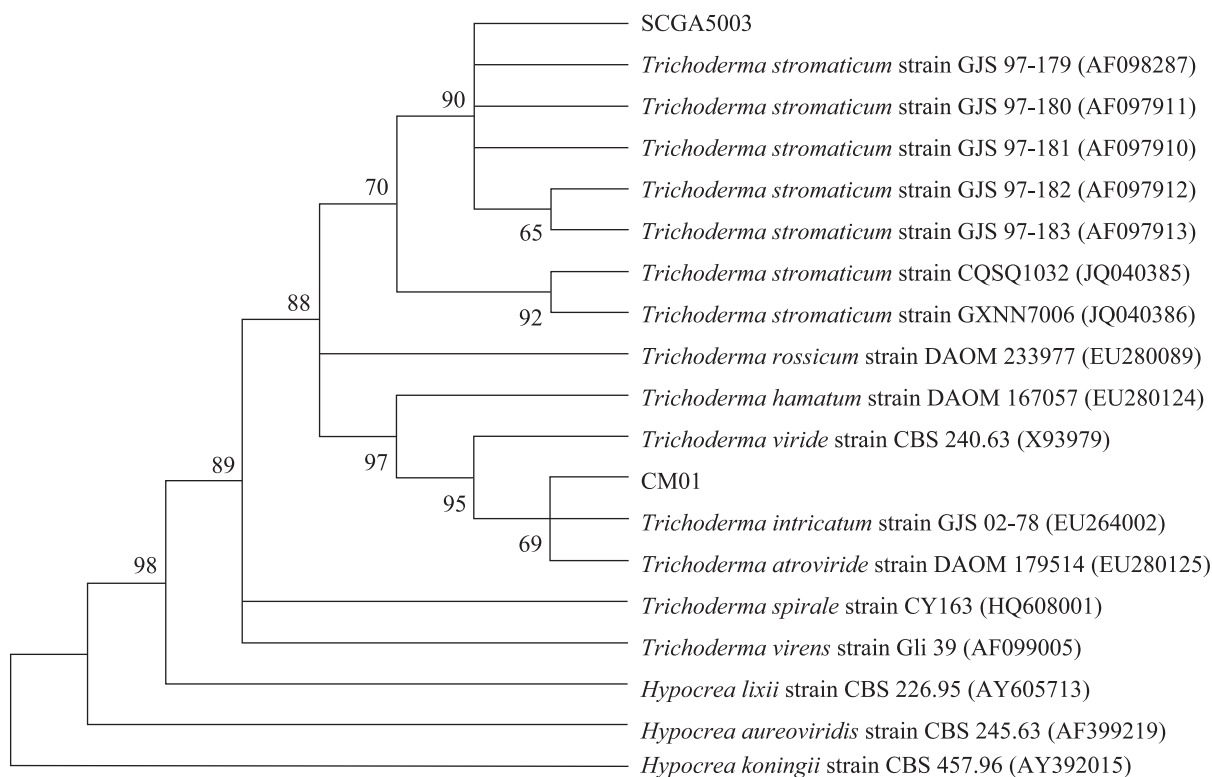


图 3 基于菌株 ITS 序列构建的系统发育树

Fig. 3 Phylogenetic tree based on ITS sequences of strains

注: 分支点上的数字表示 1 000 次 Bootstrap 重抽样分析的支持百分比; 括号中的序号表示 GenBank 数据库中的登录号。

Note: The number at each branch points is percentage supported by bootstrap for 1 000 times. Date in parenthesis is GenBank accession number.

viride strain CBS457.96 较近; 而 SCGA5003 ITS 序列与模式菌株 *Trichoderma stromaticum* strain GJS 97-179、GJS 97-180、GJS 97-181、GJS 97-182、GJS 97-183 ITS 序列亲缘关系最近, 它们处于同一分支上, Bootstrap 值为 90%, 其次是与 *Trichoderma stromaticum* strain CQSQ1032、GXNN7006 较近, Bootstrap 值为 70%, 与其他模式菌株的 ITS 序列均相对比较远。*Tef1- α* 序列系统进化树(图 4)表明菌株 CM01 *Tef1- α* 序列与模式菌株 *Hypocrea intricata* strain GJS 02-78 的亲缘关系最近, 它们处于同一分支上, Bootstrap 值为 99%, 与其他模式菌株的 *Tef1- α* 序列均相对较远; 而菌株 SCGA5003 *Tef1- α* 序列与处于同一分支上

的模式菌株 *Trichoderma stromaticum* strain CQSQ1032、GXNN7006 *Tef1- α* 序列亲缘关系最近, Bootstrap 值为 98%; 其次是与相邻分支上的 *Trichoderma stromaticum* strain GJS 00-108、GJS 97-179、GJS 97-183 较近, 与其他菌株的 *Tef1- α* 序列均相对较远。由图 3 和图 4 可以看到, 遗传进化上与目的菌株 CM01 亲缘关系最近且高 Bootstrap 值的是处于同一分支上的 *T. intricatum*/*H. intricata* 菌株, 因此可推断 CM01 属于 *T. intricatum*; 而目的菌株 SCGA5003 亲缘关系最近的一个 Bootstrap 值最高的分支菌株是 *T. stromaticum* 菌株, 因此可推断 SCGA5003 属于 *T. stromaticum*。

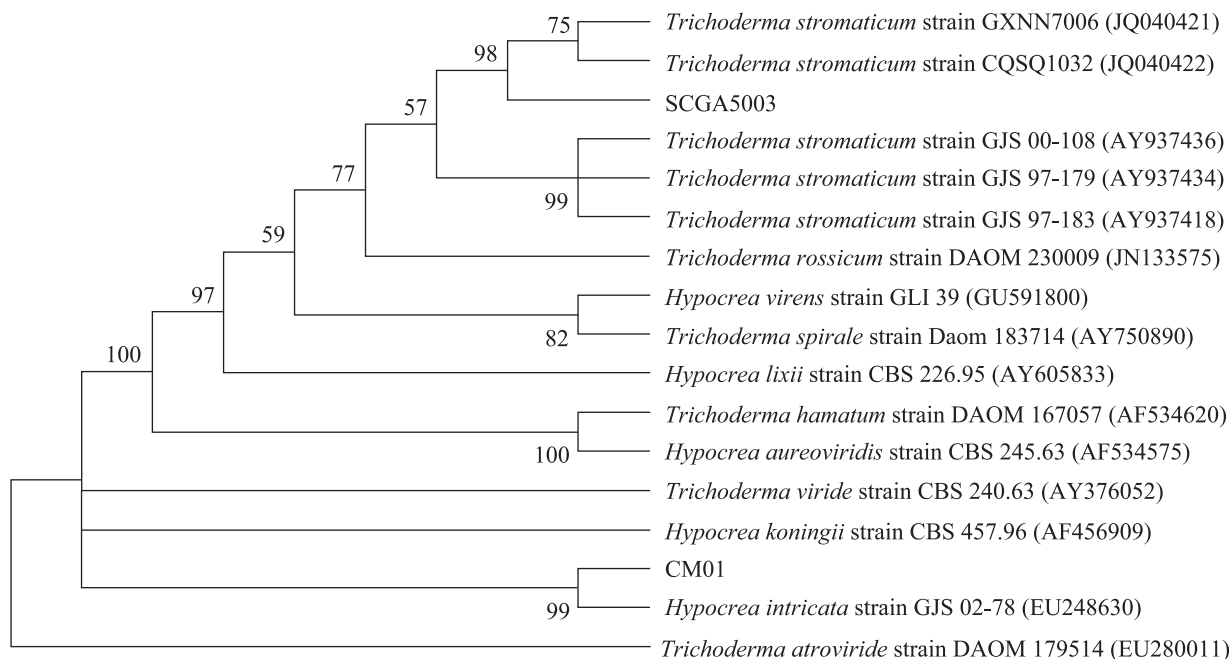


图 4 基于菌株 *Tef1-α* 序列构建的系统发育树

Fig. 4 Phylogenetic tree based on *Tef1-α* sequences of strains

注: 分支点上的数字表示 1 000 次 Bootstrap 重抽样分析的支持百分比; 括号中的序号表示 GenBank 数据库中的登录号。

Note: The number at each branch points is percentage supported by bootstrap for 1 000 times. Date in parenthesis is GenBank accession number.

通过形态学研究, 我们初步鉴定出菌株 CM01 和 SCGA5003 分别属于 *T. intricatum* 和 *T. stromaticum*, 分子数据支持形态学鉴定结果, 由此确定结论: 菌株 CM01 和 SCGA5003 分别位于 *T. intricatum* 和 *T. stromaticum*。

3 讨论

T. intricatum 分生孢子宽且长与宽的比例小, 生长速度较慢, 菌落半径在 30 °C 培养时最大仅为 50 mm, 产孢速度慢, 而 *T. atroviride* 与 *T. viride* 产孢均较快, 且分生孢子长宽比例较大, *H. koningii* 和 *T. hamatum* 产孢较慢但分生孢子长宽比例比 *T. intricatum* 大。*T. stromaticum* 菌丝白色致密地围绕菌落中心部位形成板结状菌苔, 在菌落边缘部位形成致密的宽阔带状结构; 在培养皿中形成大量的细小子座孢; 与 *T. rossicum* 的区别是具有大的近长方形或柱形分生孢子; *T. stro-*

maticum 形态学上与 *T. viride* 最接近, 两者最明显的区别在于 *T. viride* 在 PDA 上的菌落是离散的、近似子座状结构的基质上产生光滑的分生孢子, 分生孢子梗分枝不规则; *T. stromaticum* 具有近似方形的分生孢子, 分生孢子梗几乎不分枝; *T. stromaticum* 具有典型的分生孢子梗可育延伸物, 壁薄, 有分隔, 光滑, 顶端为一个瓶梗, 瓶梗从基部向顶逐渐均匀地变细。此外, 我们对菌株 ITS1-5.8S rDNA-ITS2 区进行了测序, 所测结果支持形态学的鉴定结果, 这 2 种在我国均首次报道。

参 考 文 献

- [1] Webster J. Culture studies on *Hypocrea* and *Trichoderma* I. Comparison of the perfect states of *H. gelatinosa*, *H. rufa* and *Hypocrea* sp. 1[J]. Transactions of the British Mycological Society, 1964, 47(1): 75–96.
- [2] Samuels GJ, Pardo-Schultheiss R, Hebbar KP, et al.

- Trichoderma stromaticum* sp. nov., a parasite of the cacao witches broom pathogen[J]. *Mycological Research*, 2000, 104(6): 760–764.
- [3] 杨合同. 木霉分类与鉴定[M]. 北京: 中国大地出版社, 2009: 1–150.
- [4] Chaverri P, Samuels GJ. *Hypocrea/Trichoderma* (Ascomycota, Hypocreales, Hypocreaceae): species with green ascospores[J]. *Studies in Mycology*, 2003, 48: 1–114.
- [5] Vargas Gil S, Pastor S, March GJ. Quantitative isolation of biocontrol agents *Trichoderma* spp., *Gliocladium* spp. and actinomycetes from soil with culture media[J]. *Microbiological Research*, 2009, 164(2): 196–205.
- [6] 杨潇远, 王丽娅, 李振勇. 角膜炎常见致病真菌 DNA 快速提取方法的探索[J]. *中华检验医学杂志*, 2005, 28(9): 961.
- [7] White TJ, Brunns T, Lee S, et al. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetic analysis[A]//Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TJ. *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*[M]. San Diego: Academic Press, 1990: 315–322.
- [8] Samuels GJ, Dodd SL, Gams W, et al. *Trichoderma* species associated with the green mold epidemic of commercially grown *Agaricus bisporus*[J]. *Mycologia*, 2002, 94(1): 146–170.
- [9] Carbone I, Kohn LM. A method for designing primer sets for speciation studies in filamentous ascomycetes[J]. *Mycologia*, 1999, 91(3): 553–556.
- [10] Kullnig-Gmdinger CM, Szakacs G, Kubicek CP. Phylogeny and evolution of the genus *Trichoderma*: a multigene approach[J]. *Mycological Research*, 2002, 106(7): 757–767.
- [11] Blaszczyk L, Popiel D, Chełkowski J, et al. Species diversity of *Trichoderma* in Poland[J]. *Journal of Applied Genetics*, 2011, 52(2): 233–243.
- [12] Samuels GJ. *Trichoderma*: systematics, the sexual state, and ecology[J]. *Phytopathology*, 2006, 96(2): 195–206.

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, 国内外公开发行的, 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, 微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。

本刊为中国自然科学核心期刊。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, 2013 年每册定价 58 元, 全年 696 元, 我们将免邮费寄刊。

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