

张萍,马鑫,王涛,等.油樟、油樟寄生植物及桂花内生菌区系分布差异研究[J].江苏农业科学,2018,46(16):214-219.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.16.053

# 油樟、油樟寄生植物及桂花内生菌区系分布差异研究

张萍<sup>1</sup>,马鑫<sup>1</sup>,王涛<sup>1</sup>,游玲<sup>1,2</sup>,魏琴<sup>1,2</sup>

(1.宜宾学院生命科学与食品工程学院,四川宜宾 644000; 2.香料植物资源开发与利用四川省高校重点实验室,四川宜宾 644000)

**摘要:**为比较植物生长环境及遗传特性对内生菌分布的影响,以油樟、油樟的寄生植物桑寄生及同一环境生长的桂花叶内生菌为研究对象,提取叶片总DNA并对细菌16S rDNA及真菌ITS序列分别进行特异性扩增,采用高通量测序技术分析三者内生细菌和内生真菌的多样性。结果发现,3种植物叶内共有的内生细菌、真菌属远高于独有属,但其共有属的丰度有明显差异。总体上,油樟和桑寄生的内生真菌区系更为相似,桑寄生与桂花叶内生细菌区系更为相似。结果证实,不能脱离植物的生长环境来研究植物内生菌,但在完全相同的环境、营养条件下,植物遗传特性仍对内生菌的分布特别是丰度有明显影响。

**关键词:**油樟;桂花;桑寄生;内生菌;区系分布;差异

**中图分类号:** S182 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)16-0214-05

植物生长的生态环境为内生菌的主要来源,已有大量研究揭示了其对植物内生菌的重要影响,如汪立群等用分离培养的方法,发现安徽的紫娟、云抗10号2种茶树的内生菌优势种属与季爱兵采用云南生长的同一品种样品得到的优势种属不一致<sup>[1-2]</sup>,说明不同生态环境中的同种植物内生菌构成存在明显差异。王海采用PCR-DGGE和DNA测序技术发现相同产地川芎的内生真菌群落结构相似程度较高,不同产地间的相似程度较低<sup>[3]</sup>。近年来,高通量测序技术成为微生物区系研究的主要方法<sup>[4]</sup>,在植物内生菌研究领域也得到了广泛应用,证实环境对植物内生菌区系分布的影响比我们认识的更加重要。如Hong等发现九龙河口的多种湿地植物有着相似的优势内生菌<sup>[5]</sup>。马昭采用高通量测序及纯培养相结合的方法发现野生铁皮石斛内生菌的生物多样性和群落结构有别于人工栽培种,且各产地野生种铁皮石斛表现出各自独特的内生菌群分布和群落结构特征<sup>[6]</sup>。赵维妥等也发现不同产地鱼腥草内生细菌的群落结构间有着明显的差异<sup>[7]</sup>。

油樟 [*Cinnamomum longepaniculatum* (Gamble) N. Chao ex H. W. Li.] 属樟科(Lauraceae),为国家Ⅱ级重点保护野生植物,主要用于樟油生产,四川宜宾为油樟的主产区,其枝叶中所含挥发油成分与其他产地的油樟有明显差异<sup>[8]</sup>,已经证实这些挥发性代谢产物的形成与其内生真菌有关<sup>[9]</sup>,表明油樟内生菌与宿主之间存在紧密联系。在野外调查中,笔者发现四川省宜宾县隆兴乡的油樟母本园的部分植株上着生有寄生植物,其枝叶完全没有油樟特有的气味,由于该寄生植物

与油樟生长环境、营养条件完全相同,仅植物基因型不一致,可作为研究宿主遗传特性(及其表型)对内生菌分布的影响的一种模型。因此本研究以油樟、油樟寄生植物及同一生长环境的乔木桂花为研究对象,探讨植物生长环境及遗传特性对内生菌区系分布的影响。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料及来源

油樟、油樟寄生植物和桂花叶片均采自四川省宜宾县隆兴乡油樟母树繁育基地,基地地形为丘陵山地,面积21.67 hm<sup>2</sup>,林内均为胸径10~20 cm的油樟树,林下环境潮湿荫蔽,地面苔藓密集,植物种属较少,无其他乔木,仅边缘有桂花零星分布。林中部分油樟树冠上着生有乔木类寄生植物,经查阅《中国植物志》<sup>[10]</sup>,并与四川大学植物标本馆中的相关植物标本比较,将油樟的寄生植物鉴定为桑寄生 [*Taxillus sutchuenensis* (Lecomte) Danser]。

采样地点海拔358.3 m,经度104.45°,纬度20.02°,时间为2016年1月下旬,采样时叶片处于生长完全阶段,少幼叶,按照多点采样方式,在油樟母本园方圆约200 m<sup>2</sup>范围内,分别选取3株有桑寄生、无明显病虫害、胸径约15 cm油樟树及相邻50 m左右的3株桂花树,采集3种植物不同朝向、不同高度的叶片,分别混匀,马上送回实验室进行后续处理。

### 1.2 方法

**1.2.1 叶片表面消毒** 将刚刚采集的叶片用清水冲洗1 min使泥土洗净后,自然风干。75%乙醇浸泡60 s,后用无菌水冲洗叶片表面至少6次,最后1次无菌水取200 μL涂布PDA固体培养基,于28℃下培养,3~5 d内每天定时查看是否长菌。

**1.2.2 提取叶片总DNA** 采用Omega试剂盒提取叶片总DNA,按照试剂盒说明书操作。

**1.2.3 PCR扩增** 内生细菌扩增引物为338F(CTCCTA-CGGGAGCAGCAG)和806R(GGACTACHVGGGTWCTAA-T)<sup>[11]</sup>,内生真菌引物为ITS1F(CTTGGTCATTTAGAGGACT-

收稿日期:2017-03-07

基金项目:香料植物资源开发与利用四川省高校重点实验室项目(编号:2015XLY005);香源生物及产香生物技术四川高校科研创新团队建设计划(编号:14TD0031)。

作者简介:张萍(1977—),女,四川成都人,硕士,讲师,主要从事香料植物资源开发利用研究。Tel:(0831)3545069;E-mail:404132279@qq.com。

通信作者:魏琴,博士,教授,主要从事香料植物资源开发利用研究。Tel:(0831)3547707;E-mail:weiqin2001-67@163.com。

AA) 和 2043R (GCTGCGTTCATCGATGC)<sup>[12]</sup>。PCR 反应体系为 25  $\mu$ L, PCR 反应条件为 95  $^{\circ}$ C 3 min; 95  $^{\circ}$ C 30 s, 55  $^{\circ}$ C 30 s, 72  $^{\circ}$ C 45 s, 27 个循环; 72  $^{\circ}$ C 10 min。用 3  $\mu$ L 上样, 2% 琼脂糖凝胶电泳检测产物, PCR 扩增产物由上海美吉生物医药科技有限公司采用 Illumina 平台测序。

1.2.4 数据分析 过滤尾部质量值 20 以下的碱基及质控后 50 bp 以下的序列, 再拼接, 按最大错配比率为 0.2, 筛选不符合序列, 对优化后的序列提取非重复序列, 利用 Usearch (vsesion 7.1 <http://drive5.com/uparse/>) 软件平台, 按照 97% 相似性对非重复序列 (不含单序列) 进行 OTU 聚类, 在聚类过程中去除嵌合体, 得到 OTU 的代表序列, 并绘制热图。利用 silva 数据库鉴定细菌种属<sup>[13]</sup>, 利用 Unite 数据库鉴定真菌种属<sup>[14]</sup>, 利用 Mothur 软件进行 Alpha 多样性分析, 分别计算香农指数 (Shannon)、Chao1 指数、辛普森指数 (Simpson) 和物种丰富度指数 (ACE)<sup>[15]</sup>, 利用 R 软件制作 Venn 图。

## 2 结果与分析

### 2.1 序列质量分析

对细菌 3 个样品共测得序列 120 401 条, 其平均序列长

度为 429 bp, 其中 420 ~ 460 bp 的序列占 99.97%, 真菌 131 058 条, 其平均序列长度为 278 bp, 其序列长度分布如图 1 所示。

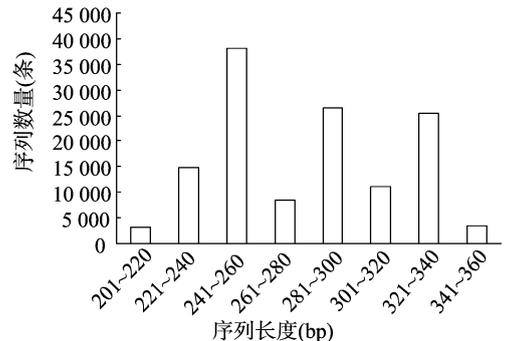


图1 内生真菌序列长度分布

### 2.2 内生细菌区系分布差异

从表 1 可以看出, 油樟叶内生细菌的多样性最大, 桑寄生次之, 桂花最少。总体上, 油樟叶片中内生细菌种类丰富, 菌群结构较稳定, 桂花叶片中虽有效序列条数最多, 但菌群种类单一, 菌群稳定性较差。

表 1 3 种植物叶内生细菌多样性比较

样品名称	序列数	OTU 数	ACE	Chao1 指数	覆盖度	Shannon 指数	Simpson 指数
GH	44 025	25	30	28	0.999 8	0.25	0.906 6
YZJS	37 097	35	37	38	0.999 9	1.33	0.461 9
JS	35 734	31	37	35	0.999 8	0.61	0.726 0

注: “GH”表示桂花, “JS”表示桑寄生, “YZJS”表示长有桑寄生的油樟。下同。

排除线粒体 DNA, 在属一级水平上, 桂花内生细菌丰度大于 1% 的属有芽孢杆菌属 (*Bacillus*)、肠球菌属 (*Enterococcus*)、*Faecalibacterium*、乳球菌属 (*Lactococcus*)、嗜碱菌属 (*Alkaliphilus*)、假丁酸弧菌属 (*Pseudobutyribrio*), 其丰度分别为 8.02%、3.37%、3.37%、2.03%、1.39%、1.09%, 其他丰度小于 1% 的种属合计共占 3.17%。油樟内生细菌丰度大于 1% 的属有 *Bacillus*、*Enterococcus*、*Lactococcus*、*Alkaliphilus*、肠杆菌科 (*Enterobacteriaceae*) 下一个未鉴定属、类芽孢杆菌属 (*Paenibacillus*)、海洋杆菌属 (*Oceanobacillus*), 其丰度分布为 40.19%、16.20%、11.89%、5.68%、4.42%、1.54%、1.38%, 其他丰度小于 1% 的种属合计共占 3.37%。桑寄生内生细菌丰度大于 1% 的属有 *Bacillus*、*Enterococcus*、*Lactococcus*、*Alkaliphilus*、*Enterobacteriaceae* 科下一个未鉴定属, 其丰度分别为 14.72%、5.46%、3.81%、1.72%、1.61%, 其他相对丰度小于 1% 的种属合计共占 1.8%。

从图 2 可以看出, 油樟、桑寄生、桂花 3 种植物共有的细菌属有 17 个, 独有的属分别仅有 7 个、1 个、4 个, 表明 3 种植物的内生菌主要来源于环境, 独有的这些属与这 3 种植物的遗传特性有关。有 2 个属仅在油樟、桑寄生中分布, 表明这 2 个属与油樟、桑寄生相同的营养环境有关。

从图 3 可以看出, 生长环境相同的桂花、油樟和桑寄生叶内生细菌的优势种属 (相对丰度 > 1%) 的构成及丰度不完全相同。与寄生植物油樟相比, 桑寄生叶及桂花叶内生细菌的种属构成更为相似, 除 *Pseudobutyribrio*、*Faecalibacterium*、念珠菌属 (*Candidatus*) 仅在桂花叶内分布, 莫拉氏菌属 (*Moraxella*) 仅在桑寄生叶内分布外, 其余各属在 2 种植物内

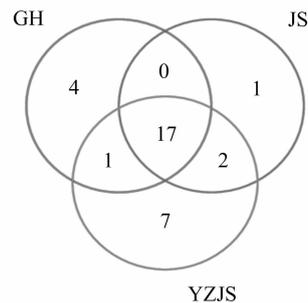


图2 3 种植物叶内生细菌区系分布差异比较

的分布差异仅体现在丰度上, 且梭菌属 (*Clostridium*)、土芽孢杆菌属 (*Geobacillus*)、*Bacillus* 等优势属在桑寄生叶及桂花叶内的分布及丰度相似, 但与桑寄生叶内生细菌相比, *Candidatus* 仅分布于油樟叶内, *Bacillus*、*Clostridium*、*Geobacillus*、*Lactococcus*、*Enterococcus* 在油樟叶内生细菌中的丰度也明显高于桑寄生, 桑寄生与油樟叶内生细菌区系构成差异明显高于桑寄生与桂花。说明在相同环境背景下, 植物内生细菌种属构成非常相似, 但植物遗传特性对不同植物内生细菌的分布仍有 2 个方面的主要影响, 一是不同植物内生细菌各种属的相对丰度不同, 二是不同植物对某些种属细菌具有选择性。并且, 相同的大环境及营养环境不能使油樟及其寄生植物拥有完全相同的内生细菌。考虑到寄生及寄生植物结构相互联通, 内生细菌可自由迁移, 有差异的种属来自种子垂直传播的可能性较小, 更主要的原因可能在于植物遗传特性导致的叶内代谢产物不同, 而这些代谢产物在不同程度上调控着各种属内生细菌的生长。

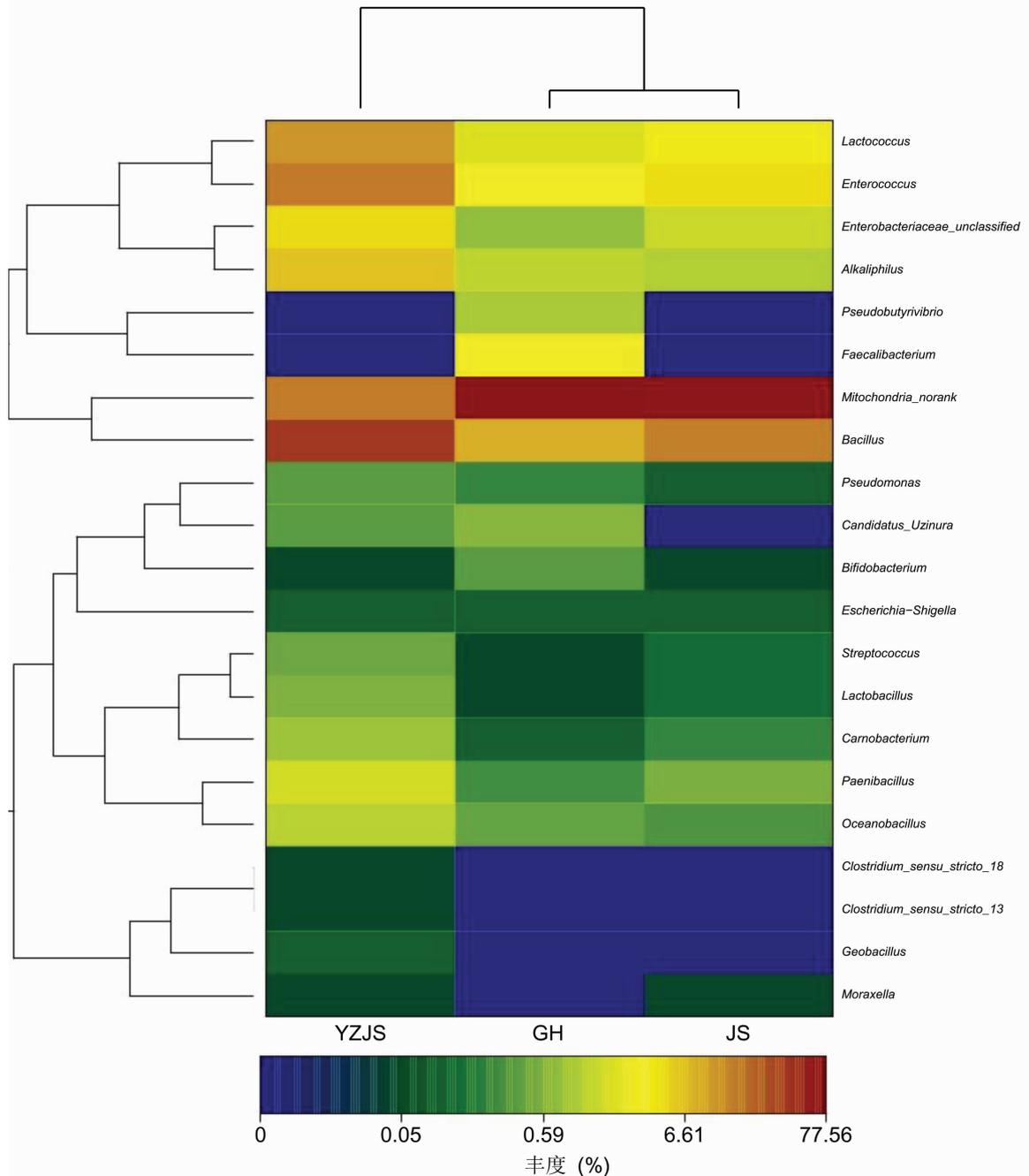


图3 属一级水平下3种植物叶内生细菌聚类热图

## 2.2 内生真菌区系分布差异

从表2可以看出,油樟及桑寄生内生真菌的多样性明显高于桂花,其群落结构也更稳定。在属一级分类水平上,桂花内生真菌测得序列数量超过500条的属有未鉴定的子囊真菌属、未鉴定属、煤炱目(Capnodiales)下一个未鉴定属、镰刀霉属(*Fusarium*)、类担子菌酵母属(*Dexomyces*)、球腔菌科(Mycosphaerellaceae)下一个未鉴定属、瓶霉属(*Phialophora*),其丰度分别为68.83%、6.61%、5.50%、5.48%、2.66%、2.24%、1.38%,测得序列条数少于500条的其他种属合计共占7.3%。油樟内生真菌测得序列数量超过500条的属有未鉴定的子囊真菌属、Mycosphaerellaceae科下一个未鉴定属、未鉴定属、平脐疣孢属(*Zasmidium*)、Capnodiales目下一个未

鉴定属、散囊菌目(Eurotiomycetes)下一个未鉴定属、银耳目(Tremellales)下一个未鉴定属、考克娃酵母属(*Kockovaella*),其丰度分别为42.18%、16.31%、13.25%、9.82%、7.97%、1.31%、1.15%、1.13%,测得序列条数少于500条的其他种属合计共占6.88%。油樟的寄生植物桑寄生测得序列数量超过500条的属有未鉴定的子囊真菌属、未鉴定属、Capnodiales目下一个未鉴定属、*Dexomyces*、*Zasmidium*、Mycosphaerellaceae科下一个未鉴定属、新拟盘乡毛孢属(*Neopestalotiopsis*)、假小尾孢属(*Pseudocercospora*)、*Phialophora*,其丰度分别为50.43%、11.09%、9.92%、4.30%、4.27%、3.98%、2.52%、1.64%、1.39%,测得序列条数少于500条的其他种属合计共占10.46%。

从图4可以看出,桂花、油樟和桑寄生的共有属达188个,独有属分别仅有53、31、88个,且油樟及其寄生植物内生真菌共有属的数量不超过桂花与桑寄生内生真菌共有属的数量,表明在相同环境背景下,不同植物的内生真菌种属非常相似,完全相同的环境及营养条件并不能增加共有属的数量,造成不同植物内生真菌种属差异的主要原因仍是植物遗传特性。

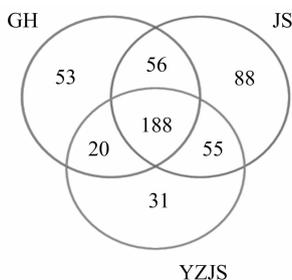


图4 3种植物叶内生真菌区系分布差异比较

从图5可以看出,同一环境中的桂花、油樟及其寄生植物的内生真菌主要优势种属均包括未鉴定的子囊真菌、未鉴定属、Teratosphaeriaceae科下一个未鉴定属、Capnodiales目下一个未鉴定属,表明这4个属的真菌主要来自其生长环境。

从聚类分析来看,与桂花相比,油樟和桑寄生的内生真菌区系构成更接近,体现在油樟及桑寄生内生真菌的主要优势属,包括未鉴定的子囊真菌属、Tremellales目下一个未鉴定属、Teratosphaeriaceae科下一个未鉴定属、Capnodiales目下一个未鉴定属及毛孢子菌属(*Trichosporon*),其次,裂褶菌属(*Schizophyllum*)、长蠕孢属(*Helminthosporium*)、*Kockovaella*及1个未鉴定属的丰度均较为相近,但两者仍有22个属的内生真菌丰度差异较大,如青霉素(*Penicillium*)、掷孢酵母属(*Sporobolomyces*)只在油樟中分布,这些属可能与樟油的形成有关<sup>[7]</sup>,布勒掷孢酵母属(*Bullera*)、绿霉菌属(*Metarhizium*)、被孢霉属(*Mortierella*)只在桑寄生中分布,由于油樟及其寄生植物桑寄生除植物遗传特性不同外,生长环境及营养条件完全一样,因此,两者对上述种属内生真菌的选择性可能主要源于植物遗传特性。

### 3 讨论

从研究方法来看,本课题组曾采用培养法发现油樟优势真菌为组丝核菌属(*Phacodium* Pers.)和痂圆孢属(*Sphaceloma* de Bary)<sup>[8]</sup>,与本研究采用高通量测序发现的油樟优势内生真菌明显不同,且由于避免了培养条件的选择性,使用该方法揭示的内生菌数量、种属都远远超过传统的纯培养方法<sup>[16-17]</sup>,表明在内生菌的多样性研究方面,高通量测序法能更加真实地反映植物内生菌的实际区系构成,但植物内生菌资源的开发利用仍需要结合传统的纯培养方法,以获得纯培养菌株或某种富集条件下的菌群。

从植物内生菌与环境的关系来看,同一环境的不同植物拥有高度相似的内生细菌及内生真菌种属,不同来源植物内生真菌区系构成差异较大,以桂花为例,卢东升等采用平板培养基诱导产孢分离得到桂花叶片4种优势种属大茎点霉属(*Macrophoma*)、链格孢属(*Alternaria*)、刺盘孢霉属(*Colletotrichum*)、拟茎点霉属(*Phomopsis*)<sup>[18]</sup>,而本研究中桂花优势种属则为未鉴定的子囊真菌、Tremellales目下一个未

鉴定属、Teratosphaeriaceae科下一个未鉴定属、Capnodiales目下一个未鉴定属、*Fusarium*、*Derxomyces*,除研究方法的差异外,桂花来源的不同可能是造成其内生菌区系差异的主要原因,植物内生菌的区系构成与其生长环境具有非常密切的关系,脱离植物生长环境来研究某种植物的内生菌区系构成是不科学的,恰当的做法是将内生菌作为一个群体,研究其与宿主、环境的生态关系。在本研究中,3种具有迥异化学成分的植物,其内生菌区系构成却高度相似,可能是由于生长在相同环境的植物容易获得相似的内生菌,但这些内生菌中绝大多数与植物之间的联系较松散,无论是植物内部,还是外部的相邻环境,都仅仅是作为其适宜的居留地,仅有少数内生菌特别是内生真菌与植物之间存在不同程度的共代谢关系<sup>[19-20]</sup>。如诱导、激活植物形成某些活性代谢产物,同时这些代谢产物又反过来对内生菌的分布产生影响<sup>[21]</sup>,这在一定程度上解释了道地药材的部分成因<sup>[22]</sup>。本研究通过比较油樟、油樟寄生植物、油樟相邻乔木桂花内生菌区系差异,也从另一角度证实了生态环境对植物内生菌分布的重要影响,为植物生长的微生物生态环境保护提供了依据,也为植物内生菌资源的开发利用提供了重要参考。

### 参考文献:

- [1] 汪立群,颜小梅,郭小双,等. 紫娟、云抗10号两个茶树品种内生菌多样性研究[J]. 安徽农业大学学报,2016,43(1):1-5.
- [2] 季爱兵. 普洱茶叶片中内生菌的鉴定[D]. 长春:吉林大学,2013.
- [3] 王海. 川芎内生菌对品质影响的初步研究[D]. 成都:成都中医药大学,2012.
- [4] Zimmerman N, Izard J, Klatt C, et al. The unseen world: environmental microbial sequencing and identification methods for ecologists[J]. Current Obstetrics & Gynecology Reports, 2016, 12(4):1-10.
- [5] Hong Y W, Liao D, Hu A Y, et al. Diversity of endophytic and rhizoplane bacterial communities associated with exotic *Spartina alterniflora* and native mangrove using Illumina amplicon sequencing. [J]. Canadian Journal of Microbiology, 2015, 61(10):723-733.
- [6] 马昭. 基于高通量测序技术的不同产地铁皮石斛内生菌比较研究[D]. 上海:上海中医药大学,2015.
- [7] 赵维姝,张长悦. 不同产地鱼腥草主要药效组分和内生菌分布的相关性研究[C]//第四届全国大学生创新年会论文集. 2011:199-202.
- [8] 王涛,游玲,黄乃耀,等. 油樟内生真菌多样性与对植物病原菌的抑菌活性[J]. 江苏农业科学,2009(1):98-100.
- [9] 游玲,王涛,李兰,等. 78株油樟内生真菌发酵产物的挥发性组分分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版),2009,37(9):193-198.
- [10] 中国科学院中国植物志编辑委员会. 中国植物志[M]. 北京:科学出版社,1993.
- [11] Fan W, Tang Y, Yi Q, et al. Infant formula supplemented with low protein and high carbohydrate alters the intestinal microbiota in neonatal SD rats[J]. BMC Microbiology, 2014, 14(1):279.
- [12] Mukherjee P K, Chandra J, Retuerto M, et al. Oral mycobiome analysis of HIV-infected patients: identification of *Pichia* as an antagonist of opportunistic fungi[J]. Plos Pathogens, 2014, 10(3):

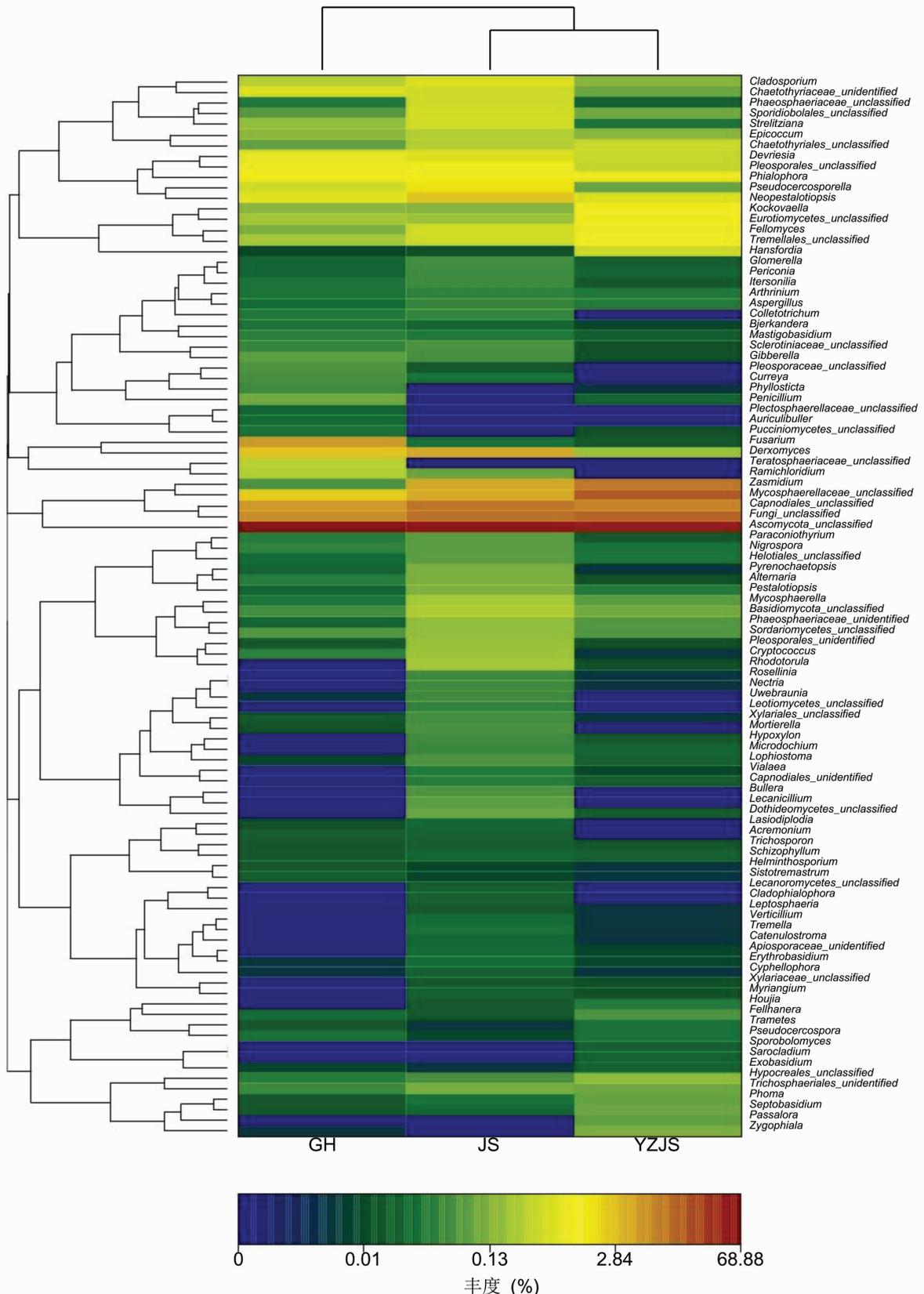


图5 属一级水平下3种植物叶内生真菌聚类热图

e1003996.

[13] Quast C, Pruesse E, Yilmaz P, et al. The SILVA ribosomal RNA

gene database project: improved data processing and web - based tools[J]. Nucleic Acids Research, 2013, 41:590 - 596.

胡中慧,丁金华. 乡村景观的弹性规划理论与应用初探——以苏南地区为例[J]. 江苏农业科学,2018,46(16):219-225.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.16.054

# 乡村景观的弹性规划理论与应用初探

## ——以苏南地区为例

胡中慧,丁金华

(苏州科技大学建筑与城市规划学院,江苏苏州 215011)

**摘要:**阐明了弹性规划的理论缘起、基本概念和相关应用进展,同时分析苏南地区乡村景观规划面临的主要困境。基于弹性规划理论多学科体系的基础,通过阐述乡村景观规划与弹性规划理论契合的潜力,进而提出将弹性规划理论引入到苏南乡村景观规划的可行性。具体从生态风险识别、综合现状评估、弹性策略制定、系统自适应反馈4步入手,对景观规划途径进行了初步探讨,旨在提升乡村的抗干扰力、自维持力、自组织力等复合应变能力,有效地抵御外界干扰,最终探索能够有效适应苏南乡村社会发展、经济发展的有机、动态、生长型的景观规划方法。

**关键词:**弹性规划;苏南乡村;景观规划;途径;策略;自适应反馈

**中图分类号:** TU985.12<sup>+</sup>8 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)16-0219-07

进入快速城镇化时期以来,伴随着“美丽乡村”目标的提出<sup>[1]</sup>,乡村正面临结构转型、空间快速重构等调整与挑战,景观建设方面也呈现出复杂的动态发展特征。苏南地区乡村作为我国城乡一体化发展的先行区,综合政策导向、产业结构变化、内部需求等多方推动力研究发现(图1),现阶段乡村发展中对景观质量提升的要求更高,结构优化的需求更强。同时由于其水网地域独特的环境特征,保护与开发的矛盾更为显著,传统景观规划方式往往会忽视对灵活多变的社会经济环境以及日益增加的自然灾害威胁的适应性。弹性理念立足于干扰、变化的不可控性,为乡村景观规划提供了一个积极的应对思路,强调提高系统对不确定因素的适应调整能力。

弹性的英文“resilience”,来源于拉丁文“resilio”<sup>[2]</sup>,最早源于物理学,本意是指当物体所受的外力在弹性限度内,外力

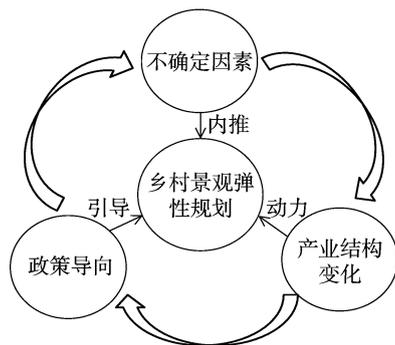


图1 乡村景观规划推动力分析

撤销后能恢复原来的大小和形状的性质<sup>[3]</sup>。在生态学领域,“弹性”概念最先被生态学家 Holling 引入<sup>[4]</sup>,定义为生态系统在外界干扰下仍能维持其主要功能、结构、特征的能力。随后,“弹性”概念不断发展,逐渐形成跨生态<sup>[5-7]</sup>、社会<sup>[8-9]</sup>、经济<sup>[10]</sup>、技术<sup>[11-13]</sup>等多学科研究的特点。在城市化风潮下,弹性理念开始被引入到城市规划<sup>[14-15]</sup>、土地规划<sup>[16]</sup>、景观规划<sup>[17-19]</sup>等规划领域中,并出现了“弹性城市”、“弹性规划”和“土地利用弹性”等概念<sup>[13]</sup>,内涵也得以丰富和发展。综上,目前国内对弹性规划方面的研究以城市居多,针对乡村地区的研究实践还处于起步阶段,滞后于经济社会发展的需要,需要在借鉴国内外弹性前沿理论相关研究与实践的基础上,深入、全面地开展有针对性的研究。

收稿日期:2017-03-13

基金项目:国家自然科学基金(编号:41301191);江苏省建设系统科技项目(编号:2016ZD06);江苏省研究生教育教学改革研究与实践项目(编号:JGLX15\_153);苏州科技大学研究生科研创新项目(编号:SKCX15\_014);苏州科技大学风景园林学学科项目。

作者简介:胡中慧(1993—),女,江苏泰州人,硕士研究生,主要从事风景园林规划设计与理论研究。E-mail:1549981827@qq.com。  
通信作者:丁金华,硕士,副教授,主要从事城乡生态环境规划与设计研究。E-mail:yzdingjh@163.com。

[14] Kõljalg U, Nilsson R H, Abarenkov K, et al. Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi[J]. Molecular Ecology, 2013, 22(21):5271-5277.

[15] Jami E, Israel A, Kotser A, et al. Exploring the bovine rumen bacterial community from birth to adulthood[J]. ISME J, 2013, 7(6):1069-1079.

[16] 陈泽斌,李冰,王定康,等. 白芨内生细菌组成及多样性分析[J]. 南方农业学报,2016,47(2):227-233.

[17] 丁雅迪,熊智,王明月,等. 文山石漠化地区豆科植物根瘤内生细菌多样性分析[J]. 南方农业学报,2015,46(4):602-608.

[18] 石晶盈,陈维信,刘爱媛. 植物内生菌及其防治植物病害的研究进展[J]. 生态学报,2006,26(7):2395-2401.

[19] 王志伟,纪燕玲,陈永敢. 植物内生菌研究及其科学意义[J]. 微生物学通报,2015,42(2):349-363.

[20] 卢东升,王明好,代兵,等. 桂花树叶内生真菌种类与分布[J]. 信阳师范学院学报(自然科学版),2011,24(4):483-486.

[21] 谢丽华,徐焰平,王国红,等. 茶树品种、叶片生育期和茶叶化学成分对内生真菌的影响[J]. 菌物研究,2006,4(3):35-41.

[22] 马广强,徐红波,朱金华,等. 植物内生菌对道地药材道地性的影响[J]. 江西中医药大学学报,2014(1):56-58.