

水稻种子内生细菌多样性及其分泌植物生长素能力的测定

姜晓宇¹, 高菊生³, 徐凤花^{1*}, 曹艳花¹, 唐雪², 张晓霞^{2*}

¹东北农业大学资源与环境学院, 哈尔滨 150030

²中国农业科学院农业资源与农业区划研究所, 中国农业微生物菌种保藏管理中心, 北京 100081

³中国农业科学院红壤实验站, 祁阳 426182

摘要: 【目的】探讨水稻种子内生细菌的多样性并测定其分泌 IAA 能力。【方法】采用传统的可培养方法分离水稻种子内生细菌, 并通过 16S rRNA 基因序列分析初步确定分离菌株的系统发育地位, 利用比色法进一步对不同种类菌株产植物生长素 (IAA) 能力进行定性、定量检测。【结果】共分离纯化获得 66 株内生细菌菌株, 分属于 5 个类群的 15 个属 26 个种。以 26 株细菌为代表对其进行分泌生长素 (IAA) 能力的定性及定量测定, 共发现 19 株细菌可分泌生长素或其类似物, 其中 Z10、Z17、Z14 和 Z20 4 株内生细菌具有较强的分泌植物生长素能力。【讨论】分离得到的内生细菌表现了水稻种子内生细菌的多样性, 其中某些细菌对植物有一定的促生功能。

关键词: 水稻种子, 内生细菌, 多样性, IAA 产生

中图分类号: X172 **文献标识码:** A **文章编号:** 0001-6209 (2013) 03-0269-07

植物内生细菌 (Endophytic bacteria) 是指能够定植于植物各种组织和器官的细胞间隙或细胞内, 并与植物建立了和谐联合关系的一类微生物, 其中许多细菌对宿主植物有许多有益作用, 如促生作用、降解有毒物质、抗逆境、抗动物 (昆虫、线虫、食草哺乳动物等) 摄食、抗病原真菌和细菌以及他感作用等, 因此备受学者关注。目前, 国内外主要集中于水稻根际或茎叶内生微生物群落结构的研究, 而对水稻种子内生微生物的研究较少^[1]。

植物内生细菌中许多细菌能够促进植物生长^[7], 被称作植物促生细菌 (plant growth-promoting bacteria, PGPB)。植物促生细菌可通过固氮作用、

分泌植物生长素 (IAA)、合成铁载体及抑制疾病的发生等方式促进植物生长, 在农业生产中具有很大的应用潜力^[1,3-6]。本研究采用传统的分离方法从水稻种子中分离内生细菌, 并对其分泌生长素即吲哚乙酸 (IAA) 进行定性、定量测定, 以期发现更多有益的微生物菌种资源, 以及能够为农业水稻增产提供更多有效的“绿色”方法。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 供试植物: 水稻种子取材于湖南祁阳官山

基金项目: 国家自然科学基金 (30900001, 41271273); 公益性行业 (农业) 科研专项经费 (201103005-01) 农业部“引进国际先进农业科学技术”重点项目 (2011-G25)

* 通信作者。徐凤花, Tel/Fax: +86-451-55190951, E-mail: xfh00001@126.com; 张晓霞, Tel: +86-40-82108636, E-mail: xxzhang@caas.ac.cn

作者简介: 姜晓宇 (1987-), 女, 辽宁丹东人, 硕士研究生, 主要从事植物内生细菌多样性及其分类研究。E-mail: jiangxiaoyu5241@126.com

收稿日期: 2012-07-09; **修回日期:** 2012-10-25

坪中国农业科学院红壤实验站, 所处位置 111°52′32″E, 26°45′42″N, 海拔 150–170 m, 年平均温度为 17.8℃, 年降雨量 1290 mm, 年日照时间 1613 h, 年平均总辐射为 4549 MJ/m², 无霜期 293 d, 灾害性天气主要是 4–6 月的暴雨和 8–10 月的季节性干旱。

1.1.2 培养基: TSA 合成培养基 (Difco); 1/4 R₂A 合成培养基 (Difco)^[14]; 阿须贝无氮培养基; 大米汤培养基: 大米 200 g, 1000 ml 水煮沸 1 h, 用双层纱布过滤, 加水补足蒸发而减少的水分。加琼脂 20 g^[9]; 分泌 IAA 菌株测定培养基为含有 L-色氨酸的液体 R₂A 培养基: 0.5 g 酵母浸粉, 0.5 g 胰蛋白胨, 0.5 g 酪蛋白氨基酸, 0.5 g 葡萄糖, 0.5 g 可溶性淀粉, 0.3 g 丙酮酸钠, 0.3 g K₂HPO₄, 0.05 g MgSO₄·7H₂O, 0.5 g L-色氨酸, 蒸馏水定容至 1000 mL, pH 为 7.2 ± 0.2。

1.1.3 PCR 扩增所用试剂: PCR 反应体系购自 Fermentas 公司, 引物 27f、1492r 由英潍捷基 (上海) 贸易有限公司合成。

1.2 细菌的分离与纯化

将 5 g 水稻种子用无菌水冲洗干净^[1], 洗去表面灰尘等, 依次在 70% 乙醇中浸泡 3 min, 5% 次氯酸钠中浸泡 5 min, 70% 乙醇清洗 30 s, 最后用无菌水冲洗 5–7 次, 同时取灭菌后的水稻种子于 TSA 平板上轻压涂抹 1 次, 28℃ 培养 72 h, 以检查表面灭菌效果。将表面灭菌后的种子于无菌研钵中研磨至粉末^[3], 然后将粉末转移至盛有玻璃珠的 45 mL 无菌水中, 28℃ 震荡 30 min 后, 按 1:9 比例稀释, 分别从 10⁻³、10⁻⁴ 及 10⁻⁵ 稀释液中取 0.1 mL 涂布于平板上, 每浓度重复 3 次, 28℃ 培养 3–5 d 后, 计数, 挑取不同形态的菌落平板划线纯化。

1.3 16 S rRNA 菌落 PCR 扩增

利用细菌通用引物 27F (5′-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3′)^[10] 和 1492R (5′-GGTTACCTTGTTACGACTT-3′)^[11-12] 扩增分离得到的水稻种子内生细菌的 16S rRNA 片段, 扩增片段约 1400 bp。PCR 反应体系 (25 μL): Mix 12.5 μL, 27F 0.1 μL, 1492R 0.1 μL, 菌体的粗裂解液 3.0 μL, ddH₂O 至 25 μL。PCR 反应条件: 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 45 s, 52℃ 1 min, 72℃ 1 min, 30 个循环; 72℃ 延伸 8 min。反应结束后, 取 3 μL PCR 产物 1% 琼脂糖凝胶电泳检测^[13]。

1.4 测序

将凝胶检测合格后的细菌 PCR 产物送至北京宝瑞通公司进行测序。序列用 Eztaxon 比对寻找具有较高同源性的 16S rRNA 序列, 初步确定其分类发育地位, 并通过 Clustal X1.83 程序多重比对, 用 Mega 4.0 软件采用邻接法 (Neighbor-joining) 进行聚类分析, 并构建系统进化树^[8]。

1.5 分泌植物生长素性能测定

将种子内分离的不同种属菌株接种于 50 mL 液体 R₂A 培养基的三角瓶中, 每一菌株 3 个重复。将三角瓶置于 28℃ 摇床, 转速为 180 r/min, 培养 4 d 后, 取其菌悬液 50 μL 滴置于白色陶瓷板上, 同时加 50 μL 比色液^[15] (Salkowski 比色液: 50 mL 35% HClO₄ + 1 mL 0.5 mol/L FeCl₃), 只在比色液中加入 50 μL 50 mg/L 的植物生长激素 (IAA) 作为对照。将白色陶瓷板置室温下避光放置 30 min 后观察其颜色变化。颜色变粉红者为阳性, 表示能够分泌 IAA, 颜色越深表示分泌的强度越大, 不变色为阴性, 表示不能分泌 IAA。

1.6 分泌生长素定量测定

对初筛获得都能够分泌 IAA 的内生细菌进行定量测定, 培养条件同上。首先用分光光度法测定菌悬液的 OD₆₀₀ 值, 然后将菌悬液 10000 × g 离心 10 min, 取上清液加入等体积 Salkowski 比色液, 避光静置 30 min, 采用分光光度法测定其 OD₅₃₀ 值。计算菌浓度 OD₆₀₀ 值为 1 时, 单位体积菌悬液中细菌分泌 IAA 的量。标准曲线的绘制采用分析纯的 IAA 梯度稀释制备。

2 结果和分析

2.1 可培养细菌 16 S rRNA PCR 扩增与测序

通过平板培养方法共分离纯化到不同形态内生细菌 66 株, 以 27f-1492r 为引物进行 16 S rRNA 片段扩增, 得到长度约 1400 bp 的扩增片段。将 PCR 产物进行测序, 将得到的序列与 Eztaxon 中的序列进行比对, 利用邻接法对所分离的水稻内生细菌 16S rRNA 基因进行系统发育分析 (图 1), 序列信息查询号为: JX311350 至 JX311415。结果发现, 试验菌株分布于细菌域 5 个纲、15 个属 26 个种。其中 γ-变形菌门 (γ-Proteobacteria) 最多, 占 50%, 为最优势类群, 共有 19 株细菌与泛菌属 (*Pantoea*) 的相似

性高达 99% - 100%, 为分离到的优势菌属; 其次有 10 株细菌与假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 相似性为 99%, 为次优势菌属; 其余 4 株细菌与黄单胞菌属 (*Xanthomonas*) 的相似性为 99% - 100%。厚壁菌门 (Firmicutes) 占 22.24%, 为次优势类群, 其中 9 株细菌与其中的类芽胞杆菌属 (*Paenibacillus*) 相似度

也高达 99%, 5 株细菌与芽胞杆菌属 (*Bacillus*) 的相似性为 99% 以上, 1 株细菌与 *Staphylococcus warneri* 序列的相似性为 100%。放线菌门 (Actinobacteria) α -变形菌门 (α -Proteobacteria) 菌株分别占总菌数的 15.16% 和 9.09%, 而 β -变形菌门 (β -Proteobacteria) 仅为 4.55%。

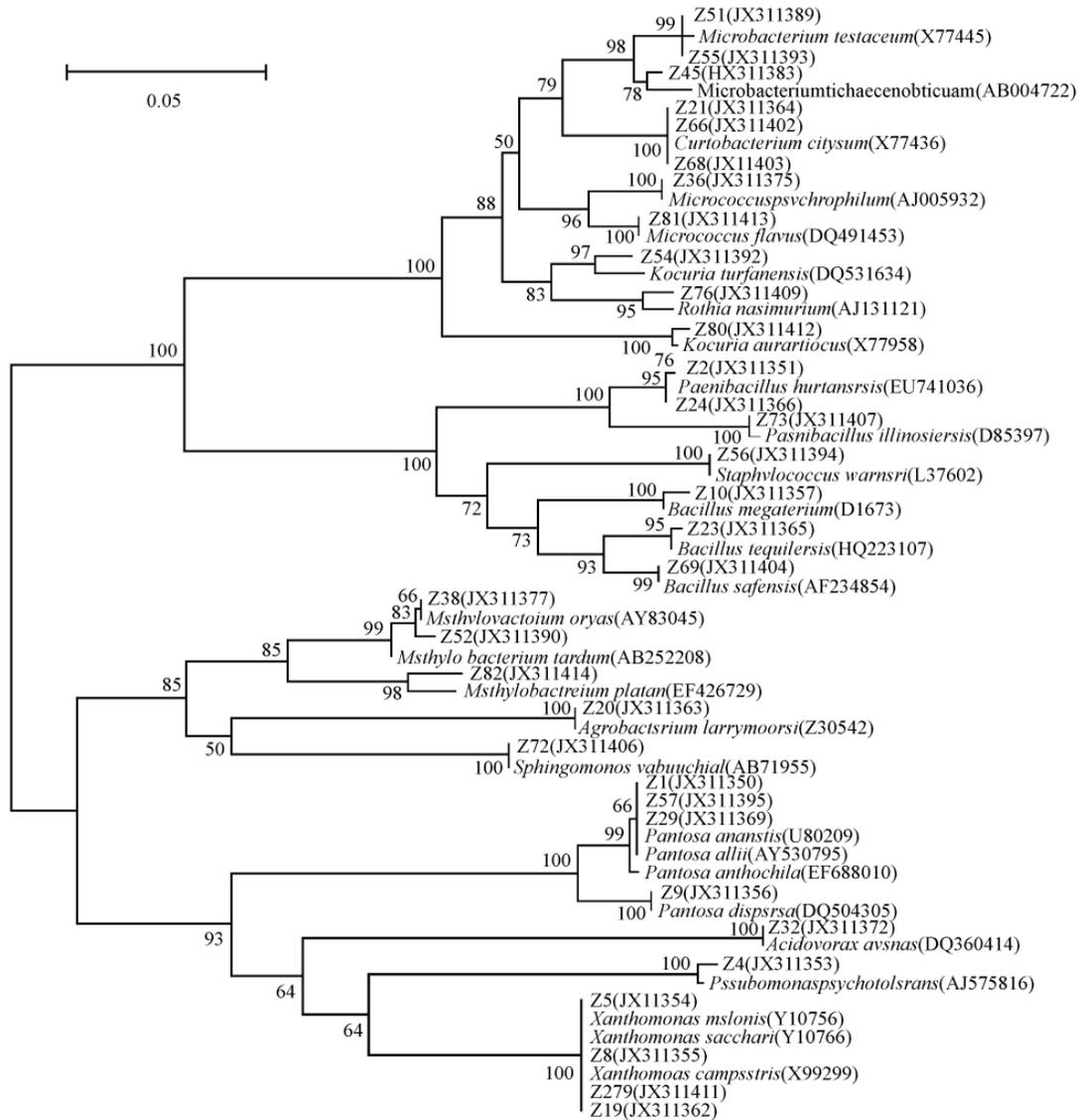


图 1 邻接法构建的水稻种子内生细菌 16 S rRNA 序列系统发育树

Fig.1 Phylogenetic tree based on 16 S rRNA sequences of endophytic bacteria from rice seed. Numbers in the parentheses indicate the GenBank accession numbers; Numbers at branch points are percentage bootstrap (values based on 1 000 replicates); Bar 0.05 corresponds to 5% levels of the sequence divergence.

2.2 分泌 IAA 定性测定

根据分离纯化结果, 以 26 株不同种属水稻种子内生细菌为代表进行分泌 IAA 性能测定, 测定结果表明, 26 株内生细菌中共 19 株具有分泌 IAA 的能

力, 但存在差异。结果如表 1 所示, 4 株为深粉色, 4 株为粉色, 11 株为浅粉色, 颜色越深, 表明分泌 IAA 能力越强。

表 1 水稻种子不同种属内生细菌分泌 IAA 性能情况

Table 1 The ability of the different endophytic bacteria for secreting IAA

Strain	Ability to secrete IAA	Strain	Ability to secrete IAA
Z01	+	Z14	+++
Z02	++	Z15	++
Z03	+	Z16	+
Z04	—	Z17	+++
Z05	++	Z18	—
Z06	+	Z19	—
Z07	+	Z20	+++
Z08	—	Z21	—
Z09	+	Z22	—
Z10	+++	Z23	+
Z11	+	Z24	+
Z12	+	Z25	—
Z13	++	Z26	+

Note : — : discolouring, + : light pink, ++ : pink, +++ : deeppink

2.3 分泌 IAA 定量分析

将初筛测定具有分泌 IAA 能力的菌株进行定量测定,如图 2 所示,根据标准曲线计算分泌 IAA 量,计算结果如图 3 所示。结果显示,分离出水稻种子中的 5 个纲内生细菌均有可分泌 IAA 的能力,但分泌能力有差异。其中显色为深粉色的四株细菌为厚壁菌门中的 Z10 (*Staphylococcus warneri*) 分泌 IAA 能力最强,为 269.83 mg/L,其次是 α -变形菌门的 Z17 (*Rhizobium larrymoorei*),分泌量为 219.62 mg/L,放线菌门类群中的 Z14 (*Microbacterium trichothecenoly*) 位居第三,为 136.24 mg/L,第四株菌是 α -变形菌门的 Z20 (*Methylobacterium radiotolerans*),分泌 IAA 量是 114.27 mg/L。

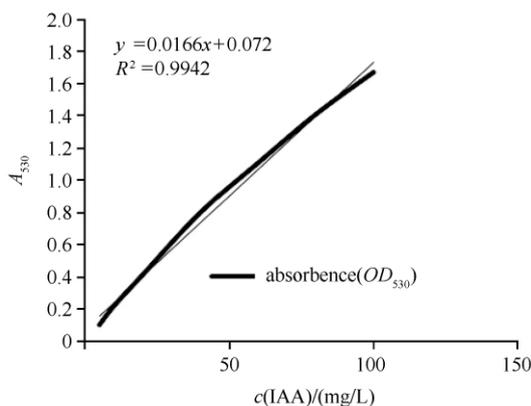


图 2 IAA 标准曲线

Fig.2 Standard curve of IAA.

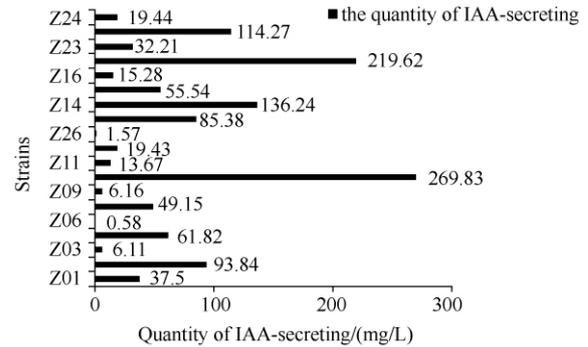


图 3 内生细菌分泌 IAA 定量测定结果

Fig.3 Quantitative detection of the ability to secrete IAA of endophytic bacteria.

3 讨论

植物促生细菌 (PGPR) 的种类繁多,主要集中在细菌的 20 多个属。本研究通过传统纯化培养方法分离出 66 株内生细菌,分属于 15 个属 26 个种,已有研究表明,泛菌属 (*Pantoea*)、假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、类芽胞杆菌属 (*Paenibacillus*)、黄单胞菌属 (*Xanthomonas*)、微杆菌属 (*Microbacterium*)、根瘤菌属 (*Rhizobium*)、短小杆菌属 (*Curtobacterium*)、葡萄球菌属 (*Staphylococcus*) 及醇单胞菌属 (*Sphingomonas*) 为已报道过的促生细菌 (PGPR) 或已研究证明可通过固氮、溶磷、产铁载体、分泌 IAA 及抗病原菌等途径对植物产生促生作用^[17]。其余 6 个属的内生细菌鲜有其促生功能方面的报道,应对其进行检测与研究,以探索其与农业生产的关系,为微生物资源提供更多有益菌种。

本研究以分离得到的 26 株不同种属细菌为代表,对其进行分泌 IAA 的定性、定量测定,检测结果显示,其中 19 株细菌可分泌 IAA,而 Z10、Z17、Z14 和 Z20 4 株细菌分泌量最高,分属于葡萄球菌属 (*Staphylococcus*)、根瘤菌属 (*Rhizobium*)、微杆菌属 (*Microbacterium*) 及甲基杆菌属 (*Methylobacterium*)。其中葡萄球菌已研究发现可通过解有机磷对植物有促生功能^[16], Z17、Z14 2 株菌所属的根瘤菌属 (*Rhizobium*) 及微杆菌属 (*Microbacterium*) 细菌已被大量研究报道可通过解磷、产 IAA 等多种途径对植物产生促生功能^[17],但是 Z20 菌株及其所在的甲基

杆菌属 (*Methylobacterium*) 细菌在其与植物生长及农业生产的关系方面几乎没有研究与报道, 应对其进行更深入的探讨。本研究采用常规的 Salkowski 比色法是基于氧化反应显色和比色反应分别对菌体发酵液中 IAA 进行定性、定量测定, 但由于本研究菌株类型跨 5 个纲, 其代谢途径多样, 因此存在 IAA 类似物的可能性, 由于 Salkowski 方法的局限性, IAA 类似物也可能显示阳性, 但目前尚未有相关研究的深入报道。细菌对植物的促生作用不仅通过分泌 IAA, 而是与解磷、产铁载体、固氮及拮抗等多种途径的共同作用, 因此进一步对分离获得的内生细菌所产生的相关产物进行鉴定并对其进行多种功能测定以确定其对植物生长的影响具有更好的科学价值与意义。

假单胞菌属 (*Pseudomonas*) 和芽胞杆菌属 (*Bacillus*) 等细菌为植物促生细菌的同时也为植物常见病原菌, 黄单胞菌属 (*Xanthomonas*) 中的 *Xanthomonas campestris*、*Xanthomonas arboricola* 等多种细菌是核桃、番茄等农作物的致病菌^[19], 以及泛菌属 (*Pantoea*) 中的成团泛菌 (*Pantoea agglomerans*) 除被报道可做生防制剂外, 还曾多次被报道可引起稻谷内颖褐变、洋葱腐烂病、棉花细菌性烂铃病、日本鸡血藤和锥花霞草肿瘤病及香蕉叶鞘腐败病等^[20], 这些菌对农作物生长是促生还是抑制, 取决于不同物种或品种作物以及菌种代谢产物等因素^[18], 就此而言, 对不同功能的 PGPR 菌株或具不同促生能力的菌株的复合应用能否对作物产生促生抗病的协同效应的研究, 是亟待解决的问题。

参考文献

- [1] Liu Lin, Liu Yang, Song Fu. Indigenous Bacteria Community Diversity in Hybrid Rice (*Oryza sativa* L.) Seed. *Biotechnology Bulletin*, 2009 (1): 95-100. (in Chinese)
刘琳, 刘洋, 宋未. 杂交水稻种子固有细菌群落多样性探究. *生物技术通报*, 2009 (1): 95-100.
- [2] Lu Yun, Luo Ming. Isolation of Endophytic Bacteria from Hami Melon and Screening of Antagonistic Bacteria. *Journal of Shihezi University (Natural Science)*. 2004 (7): 104-109. (in Chinese)
芦云, 罗明. 哈密瓜内生细菌的分离及拮抗菌的筛选. *石河子大学学报(自然科学版)*, 2004 (7): 104-109.
- [3] Davison J. Plant beneficial bacteria. *Nature Biotechnology*, 1988 (6): 282-286.
- [4] Bevivino A, Sarrocco S, Dalmastrì C, Tabacchioni S, CanTable C, Chiarini L. Characterization of a free-living maize-rhizosphere population of *Burkholderia cepacia*: Effect of seed treatment on disease suppression and growth promotion of maize. *FEMS Microbiology Ecology*, 1998 (27): 225-237.
- [5] Brown ME. Seed and root bacterization. *Annual Review of Phytopathology*, 1974 (12): 181-197.
- [6] Lazarovits G, Nowak J. Rhizobacteria for improvement of plant growth and establishment. *Hortscience*, 1997 (32): 188-192.
- [7] Lei Sun, Wei Song. Culture-Independent Approaches for Application on Endophytic Bacteria and Root-Associated Bacteria with Plant. *Progress in Natural Science*, 2006 (2): 140-144. (in Chinese)
孙磊, 宋未. 非培养方法在植物内生和根际细菌研究中的作用. *自然科学进展*, 2006 (2): 140-144.
- [8] ZHANG Xiaoxia, QIU Fubin, SUN Lei, MA Xiaotong, JIANG Ruiibo, SONG Wei. Phylogenetic Analysis of Endophytic *Ensifer adhaerens* Isolated from Rice Roots. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2010 (16): 779-783. (in Chinese)
张晓霞, 邱服斌, 孙磊, 马晓彤, 姜瑞波, 宋未. 水稻内生黏着剑菌的分子系统发育分析. *应用与环境生物学报*, 2010 (16): 779-783.
- [9] Eman HN, mervat AH, Mohamed F, Mohamed M, Silke R, Nabil AH. The crude plant juices of desert plants as appropriate culture media for the cultivation of rhizospheric microorganisms. *Journal of Advanced Research*, 2011 (3): 1-9.
- [10] Edwards U, Rogall T, Bloker H, Emde M, Bottger EC. Isolation and direct complete nucleotide determination of entire genes: characterization of a gene coding for 16S ribosomal RNA. *Nucleic Acids Research*, 1989 (17): 7843-7853.
- [11] D. J Land. *Nucleic Acid Techniques in Bacterial Systematics*. Illustrations edition. Baffins Lane,

- Chichester, West Sussex PO19 TUD, England: *John Wiley & Sons*, 1991: 115-175.
- [12] Chelius MK, Triplett EW. The diversity of archaea and bacteria in association with the roots of *Zea mays* L. *Microbial Ecology*, 2001 (41): 252-263.
- [13] ZHANG Xiaoxia, MA Xiaotong, CAO Weidong, WEI Shanjun, CAI Jianhui, JIANG Ruibo. Phylogenetic Diversity of Rhizobial Bacteria Isolated from *Astragalus Sinicus*. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2010, 16 (3): 380-384. (in Chinese)
张晓霞, 马晓彤, 曹卫东, 韦善军, 蔡建辉, 姜瑞波. 紫云英根瘤菌的系统发育多样性. 应用与环境生物学报, 2010, 16 (3): 380-384.
- [14] Kawai M, Matsutera E, Kanda H, Yamaguchi N, Tani K, Nasu M. 16S ribosomal DNA-based analysis of bacterial diversity in purified water used in pharmaceutical manufacturing processes by PCR and denaturing gradient gel electrophoresis. *Applied and Environmental Microbiology*, 2002 (68): 699-704.
- [15] Glickmann E, Dessaux Y. A critical examination of the specificity of the Salkowski reagent for indolic compounds produced by phytopathogenic bacteria. *Applied and Environmental Microbiology*, 1995, 61 (2): 60-62.
- [16] FU Xiaofang, HAN Hongjiang, HAO Yongfeng, LI Weiping. Identification of Endophytic Diazotrophic Bacteria from Maize and Their Effect on Wheat Seedling Growth. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2012, 21 (1): 66-71. (in Chinese)
傅晓方, 韩红江, 郝勇锋, 李维平. 玉米内生固氮菌的分离鉴定及对小麦幼苗的促生效应. 西北农业学报, 2012, 21 (1): 66-71.
- [17] Fei Luo, Ya Wang, Qinggui Zeng, Riming Yan, Zhibin Zhang, Du Zhu. Diversity and plant growth promoting activities of the cultivable rhizobacteria of Dongxiang wild rice (*Oryza rufipogon*). *Biodiversity Science*, 2011, 19 (4): 476-484. (in Chinese)
罗菲, 汪涯, 曾庆桂, 严日明, 张志斌, 朱笃. 东乡野生稻根际可培养细菌多样性及其植物促生活性分析. 生物多样性, 2011, 19 (4): 476-484.
- [18] YANG Rong, FANG Shi-jie, YANG Wen-qi, HOU Min, ZHAN Fa-qiang, HOU Xin-qiang, ZHANG Hui-tao, LONG Xuan-qi, CUI Wei-dong. Sieving and Identification of Plant Growth-Promoting Rhizobacteria. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2011, 48 (12): 2337-2342. (in Chinese)
杨蓉, 房世杰, 杨文琦, 侯敏, 詹发强, 侯新强, 张慧涛, 龙宣杞, 崔卫东. 植物根际促生细菌 (PGPR) 分离筛选与鉴定. 新疆农业科学, 2011, 48 (12): 2337-2342.
- [19] CHEN Shan-yi, TAO Wan-qiang, WANG He, LI Jin-zhong, ZHOU Tao. Identification and pathogenicity assay of the pathogen of walnut blight in Beijing. *Journal of Fruit Science*, 2011, 28 (3): 469-473. (in Chinese)
陈善义, 陶万强, 王合, 李金钟, 周涛. 北京地区核桃黑斑病病原菌的分离、致病性测定和 16S rDNA 序列分析. 果树学报, 2011, 28 (3): 469-473.
- [20] YAN Ning-yu, HE Hong, YE Yi-jun, LU Wen-biao, WEN Shang-hua, ZHANG Xiu-qing. Identification of the pathogen causing banana sheath rot disease. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2011, 41 (2): 124-130. (in Chinese)
严玉宁, 何红, 叶艺俊, 卢文标, 文尚华, 张秀清. 香蕉叶鞘腐败病原菌鉴定. 植物病理学报, 2011, 41 (2): 124-130.

Diversity of endophytic bacteria in rice seeds and their secretion of indole acetic acid

Xiaoyu Jiang¹, Jusheng Gao³, Fenghua Xu^{1*}, Yanhua Cao¹, Xue Tang²,
Xiaoxia Zhang^{2*}

¹College of Resources and Environment, Northeast Agricultural University, Harbin, 150030, China

²Key Laboratory of Microbial Resources Collection and Preservation, Ministry of Agriculture, Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China

³Qiyang Agro-ecosystem of National Field Experimental Station, Institute of Agricultural Resources and Regional Planning, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Qiyang 426182, China

Abstract: [Objective] This study aimed to investigate the diversity of endophytic bacteria isolated from rice seeds, and screen indole acetic acid secreting strains. [Method] Conventional culture-dependent methods were used to isolate the endophytic bacteria from rice seeds. Phylogenetic analysis was done based on partial 16s rRNA gene sequences. The ability to indole acetic acid secretion of tested strains was analyzed qualitatively and quantitatively by colorimetry. [Result] In total 66 isolates were identified as belonging to 26 species of 15 genera of 5 phyla. Of them 26 strains were chosen to test indole acetic acid secretion. Four isolates had more ability of indole acetic acid secretion; they belonged to the genera of *Staphylococcus*, *Rhizobium*, *Microbacterium* and *Methylobacterium*. [Conclusion] The endophytic bacteria in rice seeds are diverse. Some of them could produce indole acetic acid.

Keywords: rice seeds, endophytic bacteria, diversity, indole acetic acid secreting

(本文责编:王晋芳)

Supported by the National Natural Science Foundation of China (30900001,41271273)

* Corresponding authors. Fenghua Xu, Tel/Fax: +86-451-55190951, E-mail: xfh00001@126.com; Xiaoxia Zhang, Tel: +86-40-82108636, E-mail: xxzhang@caas.ac.cn

Received: 9 July 2012 / Revised: 25 October 2012

1953 年创刊以来所有文章全文上网

从 2008 年 1 月开始《微生物学报》的所有文章开始全文上网了。欢迎广大读者登陆本刊主页 (<http://journals.im.ac.cn/actamicrocn>) 浏览、查询、免费下载全文! 由于《微生物学报》历史久远, 为方便读者查阅, 将刊期变化作以下统计。

《微生物学报》刊、期统计表

2013 年 3 月统计

时间	刊期	卷号	期号
1953 - 1956	半年刊	1 - 4	1 - 2
1957 - 1958	季刊	5 - 6	1 - 4
1959	季刊	7	1 - 2
1959 - 1962	停刊 3 年		
1962	季刊	8	3 - 4
1963 - 1965	季刊	9 - 11	1 - 4
1966	季刊	12	1 - 2
1966 - 1972	停刊 6 年半		
1973 - 1988	季刊	13 - 28	1 - 4
1989 - 2007	双月刊	29 - 47	1 - 6
2008 - 2012	月刊	48 - 52	1 - 12
2013	月刊	53	3