

ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

生态学报

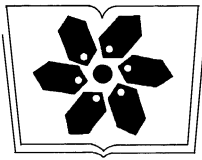
Acta Ecologica Sinica



第 31 卷 第 11 期 Vol.31 No.11 **2011**

中国生态学学会
中国科学院生态环境研究中心
科学出版社

主办
出版



中国科学院科学出版基金资助出版

生态学报

(SHENGTAI XUEBAO)

第 31 卷 第 11 期

2011 年 6 月 (半月刊)

目 次

微生物介导的碳氮循环过程对全球气候变化的响应·····	沈菊培, 贺纪正 (2957)
巢湖蓝藻水华形成原因探索及“优势种光合假说”·····	贾晓会, 施定基, 史绵红, 等 (2968)
我国甜菜夜蛾间歇性暴发的非均衡性循环波动·····	文礼章, 张友军, 朱 亮, 等 (2978)
庞泉沟自然保护区华北落叶松林的自组织特征映射网络分类与排序·····	张钦弟, 张金屯, 苏日古嘎, 等 (2990)
上海大莲湖湖滨带湿地的生态修复·····	吴 迪, 岳 峰, 罗祖奎, 等 (2999)
芦芽山典型植被土壤有机碳剖面分布特征及碳储量·····	武小钢, 郭晋平, 杨秀云, 等 (3009)
土壤微生物群落结构对中亚热带三种典型阔叶树种凋落物分解过程的响应·····	张圣喜, 陈法霖, 郑 华 (3020)
中亚热带几种针、阔叶树种凋落物混合分解对土壤微生物群落碳代谢多样性的影响·····	陈法霖, 郑 华, 阳柏苏, 等 (3027)
桂西北喀斯特峰丛洼地表层土壤养分时空分异特征·····	刘淑娟, 张 伟, 王克林, 等 (3036)
重金属 Cd 胁迫对红树蚬的抗氧化酶、消化酶活性和 MDA 含量的影响·····	赖廷和, 何斌源, 范航清, 等 (3044)
海南霸王岭天然次生林边缘效应下木质藤本与树木的关系·····	乌玉娜, 陶建平, 奚为民, 等 (3054)
半干旱黄土丘陵区不同人工植被恢复土壤水分的相对亏缺·····	杨 磊, 卫 伟, 莫保儒, 等 (3060)
季节性干旱对中亚热带人工林显热和潜热通量日变化的影响·····	贺有为, 王秋兵, 温学发, 等 (3069)
新疆古尔班通古特沙漠南缘多枝桉柳光合作用及水分利用的生态适应性·····	王珊珊, 陈 曦, 王 权, 等 (3082)
利用数字图像估测棉花叶面积指数·····	王方永, 王克如, 李少昆, 等 (3090)
野生大豆和栽培大豆光合机构对 NaCl 胁迫的不同响应·····	薛忠财, 高辉远, 柳 洁 (3101)
水磷耦合对小麦次生根特殊根毛形态与结构的影响·····	张 均, 贺德先, 段增强 (3110)
应用物种指示值法解析昆崙山植物群落类型和植物多样性·····	孙志强, 张星耀, 朱彦鹏, 等 (3120)
基于 MSIASM 方法的中国省级行政区体外能代谢分析·····	刘 晔, 耿 涌, 赵恒心 (3133)
不同生态区烟草的叶面腺毛基因表达·····	崔 红, 冀 浩, 杨惠娟, 等 (3143)
B 型烟粉虱对 23 种寄主植物适应度的评估和聚类分析·····	安新城, 郭 强, 胡琼波 (3150)
杀虫剂啉虫脒和毒死蜱对捕食蜘蛛血细胞 DNA 的损伤作用·····	李 锐, 李生才, 刘 佳 (3156)
杀真菌剂咪鲜安对蓼花臂尾轮虫的影响·····	李大命, 陆正和, 封 琦, 等 (3163)
长、短期连续孤雌生殖对蓼花臂尾轮虫生活史和遗传特征的影响·····	葛雅丽, 席貽龙 (3170)
专论与综述	
区域景观格局与地表水环境质量关系研究进展·····	赵 军, 杨 凯, 邵 俊, 等 (3180)
露水对植物的作用效应研究进展·····	叶有华, 彭少麟 (3190)
葡萄座腔菌科研究进展——鉴定, 系统发育学和分子生态学·····	程燕林, 梁 军, 吕 全, 等 (3197)
人工林生产力年龄效应及衰退机理研究进展·····	毛培利, 曹帮华, 田文侠, 等 (3208)
树木年轮在干扰历史重建中的应用·····	封晓辉, 程瑞梅, 肖文发, 等 (3215)
植物中逆境反应相关的 WRKY 转录因子研究进展·····	李 冉, 娄永根 (3223)
研究简报	
三江源地区高寒草原土壤微生物活性和微生物量·····	任佐华, 张于光, 李迪强, 等 (3232)
3 种黑杨无性系水分利用效率差异性分析及相关 <i>ERECTA</i> 基因的克隆与表达·····	郭 鹏, 夏新莉, 尹伟伦 (3239)
猕猴桃园节肢动物群落重建及主要类群的生态位·····	杜 超, 赵惠燕, 高欢欢, 等 (3246)

期刊基本参数: CN 11-2031/Q * 1981 * m * 16 * 298 * zh * P * ¥ 70.00 * 1510 * 33 * 2011-06



封面图说: 盘锦市盘山县水稻田——盘锦市位于辽宁省西南部, 自古就有“鱼米之乡”的美称。这里地处温带大陆半湿润季风气候, 有适宜的温度条件和较长的生长期以供水稻生长发育, 农业以种植水稻为主, 年出口大米达 1 亿多公斤, 是国家级水稻高产创建示范区和重要的水稻产区。

彩图提供: 沈菊培博士 中国科学院生态环境研究中心 E-mail: jpshe@reccs.ac.cn

葡萄座腔菌科研究进展 ——鉴定,系统发育学和分子生态学

程燕林,梁 军,吕 全,张星耀*

(国家林业局森林保护学重点实验室,中国林科院森林生态环境与保护研究所,北京 100091)

摘要:葡萄座腔菌科(Botryosphaeriaceae)真菌是农业和林业上重要的病原菌、内生真菌或潜在的致病菌,主要引起树木溃疡病。这类真菌种类繁多,寄主范围广,广泛分布于全球,在生态系统中占有重要的地位。综述了近年来国内外在葡萄座腔菌科的分子生态学研究方面取得的新进展。介绍了葡萄座腔菌科真菌物种鉴定及其研究方法方面的发展,并列出了2006年以来发现的6个新属和38个新种;概述了该科各个种、属之间的系统发育关系以及科内区分的18个群。在真菌种群遗传结构及其与寄主关系方面,已有研究表明葡萄座腔菌科真菌大体可分为寄主专化型和广谱寄生型两种类型,并已经揭示了无性型为*Diplodia*, *Lasiodiplodia*和*Dothiorella*等部分种群的遗传结构及它们与寄主之间的联系。在种内遗传多样性和基因流动研究方面,展示了利用ISSR、SSR等分子标记方法取得的一些重要结果,有些种群(如*Lasiodiplodia theobromae*)没有寄主专化性,它们在不同寄主间表现出很强的基因流动,但在不同区域内的基因交流却很有限。讨论了该科分子生态学研究有待进一步解决的问题。

关键词:葡萄座腔菌科;分子生态学;系统发育关系;遗传多样性;分子标记

Advances in Botryosphaeriaceae: identification, phylogeny and molecular ecology

CHENG Yanlin, LIANG Jun, LÜ Quan, ZHANG Xingyao *

The Key Laboratory of Forest Protection of China State Forestry Administration, Research Institute of Forest Ecology, Environment and Protection, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China

Abstract: Members of the Botryosphaeriaceae are known to be cosmopolitan and occupy crucial niches in ecosystems. Some species are economically important pathogens, causing serious die-back, cankers, and leaf spot diseases of woody plants. The others are saprobes, endophytes or as potential pathogens in agriculture and forestry. They have large numbers of species and a broad host range. The up-to-date advances in molecular ecology of the Botryosphaeriaceae were reviewed. Firstly, a brief introduction to the developmental history on the species identification and the methods was made. Six new genera and 38 new species published after 2006 were listed, six new species of which were from China belonging to the genus *Guignardia*. At the same time, a large number of species were treated as synonymys, but some synonyms, e. g. *Botryosphaeria berengeriana* were still used in some countries such as China and Japan. Phylogenetic relationships among these genera and species were discussed and 18 groups were recognized within this family based on morphology and DNA sequence data, including large subunit (LSU) and the internal transcribed spacer (ITS) regions 1 and 2 and the 5.8S gene of the ribosomal RNA, the portion of gene encoding translation elongation factor 1 alfa (EF1- α) and Bt2 regions of the beta tubulin gene (β -tubulin). Moreover, the genus *Dothidothia*, which formerly was treated as a member of the Botryosphaeriaceae, was eliminated. In the respect of population genetic structure and patterns of host association, botryosphaeriaceous fungi were divided into two groups, host specialization and host neutralization. In general, members in Botryosphaeriaceae did not show an obvious host specialization, while some populations displayed a certain degree of host association. The associations between *Botryosphaeria* spp. and their host plants were revealed, which showed that *Diplodia pinea* and *D. scrobiculata* only occur on *Pinus* and other conifers, *Neofusicoccum eucalyptorum* and *N. eucalypticola* only

基金项目:国家自然科学基金资助项目(30671682)

收稿日期:2010-10-23; 修订日期:2011-05-03

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: xyzhang@caf.ac.cn

occur on *Eucalyptus*, and *N. protearum* and *Saccharata protea* only occur on Proteaceae. Intra-specific genetic diversity and gene flow in Botryosphaeriaceae were successfully investigated using inter-simple sequence repeat (ISSR), simple sequence repeats (SSR), random amplified polymorphic DNA (RAPD), amplified fragment length polymorphism (AFLP) and other molecular marker methods. The level of genotypic diversity of *Diplodia pinea* populations were compared using SSR method. It is South Africa, New Zealand, and Australia from high to low in turn and the morphotype B of *D. pinea* were most diverse among all the four morphotypes. *Lasiodiplodia theobromae* populations from different host plants and regions were analyzed using SSR method. The results indicated that they are not host-specialized and gene flow is very strong among different hosts but limited geographic regions. It is of certain directive significance to control diseases caused by *Botryosphaeria* spp. to review status of molecular ecology of these fungi. Finally, deficiency of present researches was pointed and problems need to be solved in future research were briefly proposed.

Key Words: Botryosphaeriaceae; molecular ecology; phylogeny; genetic diversity; molecular markers

葡萄座腔菌科 (Botryosphaeriaceae) (葡萄座腔菌目 Botryosphaerales) 真菌广泛分布于全球,其种类繁多,寄主植物多种多样,在生态系统中扮演的角色也不尽相同,既可作为病原菌引起树木溃疡病,又能作为内生真菌潜伏在寄主植物组织中^[1-2]。目前已经报道的该科重要林木病原菌有松树枯梢病菌 *Diplodia pinea*, 杨树溃疡病菌 *Botryosphaeria dothidea* 和桉树溃疡病菌 *Neofusicoccum eucalyptorum*^[3-4], 还有引起某些果树病害的 *Diplodia seriata* 和 *D. mutila* 等,引起葡萄藤病害的 *Neofusicoccum australe* 和 *N. luteum* 及引起山龙眼科的 *Saccharata proteae* 等^[5-8]。某些葡萄座腔菌科真菌不直接侵染寄主,它们只在寄主受到环境胁迫或长势衰弱的环境下才具有侵染性;有时它们也能通过健康植物的伤口引起感染^[4,9]。例如,有人从健康松树的茎干和木质部分离到了 *Diplodia pinea* (即 *sphaeropsis sapinea*)^[10],从健康芒果上分离到了多种 *Fusicocum* spp., *Neofusicoccum* spp., *Pseudofusicoccum* spp. (当时均称为 *Dothiorella* spp.) 和 *Lasiodiplodia theobromae*^[11], 等。

实际上,研究人员从健康植物组织上分离到了大量的葡萄座腔菌科真菌。因为很多葡萄座腔菌科真菌能作为内生真菌潜伏于寄主植物内,在进行植物病害检疫时很可能被忽视,但一些具有致病性的种类一旦发生将对农业和林业生态系统造成危害^[2]。因此,加强对葡萄座腔菌科真菌的种类鉴定和分子生态学研究非常重要,尤其是对其物种的鉴定、物种间的关系、遗传多样性、种群遗传结构及其与环境关系的研究。

近年来,基于分子生物学技术的发展,DNA 序列信息和 DNA 分子标记已经应用于葡萄座腔菌科真菌的种类鉴定、系统发育关系分析及遗传多样性研究,推动了对该类真菌的群体遗传结构和种内遗传分化的研究,促进了葡萄座腔菌科的分子生态学的研究。分子生态学是 20 世纪 90 年代初新兴的一门生态学学科分支,尽管不同的学者对其概念有着不同的理解和诠释,但目前国内较为一致的看法认为,分子生态学是应用分子生物学的原理和方法来研究生命系统与环境系统相互作用的机理及其分子机制的科学^[12]。目前,对于葡萄座腔菌科真菌的分子生态学研究主要内容涉及该科真菌的系统发育关系分析、种群遗传结构分析及基因流动等方面。研究方法在宏观上主要有形态学描述、病理学特征和生态学性质;在微观上主要是利用同工酶和核酸序列信息,包括限制性片段长度多态性 (RFLP)、扩增片段长度多态性 (AFLP)、简单序列重复 (SSR) 等分子标记。本文针对葡萄座腔菌科真菌的鉴定、系统发育关系及分子生态学研究现状及进展,系统论述了葡萄座腔菌科真菌的种类鉴定与系统发育关系、种群遗传结构与寄主的关系、遗传多样性与基因流动等三个方面的进展,为深入开展该类群真菌的分子生态学研究,尤其是发生在我国的葡萄座腔菌科真菌的种群遗传结构和分子适应的研究打下基础,并为我国树木溃疡病的防治提供理论依据。

1 葡萄座腔菌科真菌分子生态学的研究现状和发展趋势

葡萄座腔菌科于 19 世纪 20 年代首次被描述,当时描述的真菌是球壳孢属 (*Sphaeria* sp.)。葡萄座腔菌属 (*Botryosphaeria*) 建立于 1863 年,指一类具球状、双囊壁子囊、能引起木本植物坏死的子囊菌^[13-15]。最初关于该属真菌的研究主要针对在农业和林业上引起重要病害的种类,集中于真菌的种类鉴定和分类地位的确

定^[4]。明确鉴定病原菌是葡萄座腔菌科真菌生物学研究的基础,了解其种群结构特征和基因流动不仅有利于该类真菌的分子生态学研究,也对树木溃疡病的预警和控制起到积极的促进作用。

1.1 葡萄座腔菌科真菌的种类鉴定和系统发育关系研究

与其它真菌一样,葡萄座腔菌科真菌的鉴定和新种的描述都依赖于形态学,20 世纪 50 年代前,关于葡萄座腔菌属的描述基本都是依据有性型形态特征(如子座、子囊和子囊孢子等)。自 60 年代来,由于在自然界和实验室更为常见的是该类真菌的无性型,因此无性型形态特征(包括分生孢子的形状、壁厚度、纹饰、成熟度、颜色、分隔和长宽比)逐渐被用于 *Botryosphaeria* spp. 的描述和鉴定。有时寄主专化性特征也用于新种的鉴定,但由于有些葡萄座腔菌科真菌寄主广泛,故该特征的实用性不是很强^[2]。到了 80 年代,菌落特征也用于葡萄座腔菌科真菌的描述和鉴定,该科真菌与其它真菌的最大区别在于其气生菌丝的颜色随真菌的生长由灰白变为黑色,在培养皿(含 2% 马铃薯葡萄糖琼脂培养基)背面颜色由蓝灰变为黑色,这种现象可用于葡萄座腔菌科真菌的快速判定。但形态学特征有时却低估了该类真菌的多样性,如在鉴定和描述 *B. dothidea* 和 *B. quercuum* 时即出现了形态不一致的情况^[13,16]。近年来,各种分子数据,尤其是 DNA 序列,已越来越多地用于区别葡萄座腔菌科真菌。LSU、ITS 等序列结合形态特征已经成功用于 *B. dothidea* 与其相近种的区别与鉴定,认为严格意义上的 *Botryosphaeria* (即 *Botryosphaeria* s. str.) 只包含 *B. dothidea* 和 *B. corticis*,广义上的 *B. dothidea* (即 *B. dothidea* s. lat.) 则包括 *B. dothidea*、*B. parva* 和 *B. ribis* 3 个种^[7,13]。RAPD、SSR 等分子标记也被用于葡萄座腔菌科真菌的界定和描述,用 SS5、SS7、SS8、SS9、SS10 和 SS11 6 个微卫星标记和 Bt2、CHS、EF-1 α 、ACT、CAL 和 GPD 6 个蛋白编码基因分析,发现之前被认为是松枯梢病菌 *Diplodia pinea* 的形态 B 型应描述为新种 *D. scrobiculata*^[17]。自 2006 年来,依据形态学特征和 DNA 分子数据,又陆续鉴定并描述了该科的 6 个新属和 38 个有性型及无性型新种(表 1)。

表 1 2006 年以来发现的葡萄座腔菌科新属或新种
Table 1 New genera or species of Botryosphaeriaceae found since 2006

新属或新种 New genera or species	相应有性型或无性型种 Teleomorph or anamorph	模式标本寄主 Host of type speices	采集地 Location	参考文献 References
<i>Lasiodiplodia crassispora</i>	<i>Botryosphaeria</i> sp.	<i>Santalum album</i>	澳大利亚	[18]
<i>Lasiodiplodia rubropurea</i>	<i>Botryosphaeria</i> sp.	<i>Eucalyptus grandis</i>	澳大利亚	[18]
<i>Lasiodiplodia venezuelensis</i>	<i>Botryosphaeria</i> sp.	<i>Acacia mangium</i>	委内瑞拉	[18]
<i>Fusicoccum stromaticum</i>	<i>Botryosphaeria</i> sp.	<i>Eucalyptus urophylla</i>	委内瑞拉	[19]
<i>Fusicoccum andinum</i>	<i>Botryosphaeria</i> sp.	<i>Eucalyptus</i> sp.	委内瑞拉	[19]
<i>Diplodia cupressi</i>	<i>Botryosphaeria</i> sp.	<i>Cupressus sempervirens</i>	以色列	[20]
<i>Aplosporella prunicola</i>	未知	<i>Prunus persica</i> var. <i>nucipersica</i>	南非	[21]
<i>Diplodia africana</i>	未知	<i>Prunus persica</i>	南非	[22]
<i>Lasiodiplodia plurivora</i>	未知	<i>Prunus salicina</i>	南非	[22]
<i>Guignardia fici</i>	<i>Phyllosticta</i> sp.	<i>Ficus nervosa</i>	中国	[23]
<i>Guignardia fici-septicae</i>	<i>Phyllosticta</i> sp.	<i>Ficus septica</i>	中国	[23]
<i>Guignardia linderae</i>	<i>Phyllosticta</i> sp.	<i>Lindera glauca</i> var. <i>kawakamii</i>	中国	[23]
<i>Guignardia manihoticola</i>	<i>Phyllosticta</i> sp.	<i>Manihot utilissima</i>	中国	[23]
<i>Guignardia polygoni-chinensis</i>	<i>Phyllosticta</i> sp.	<i>Polygonum chinense</i>	中国	[23]
<i>Guignardia smilacicola</i>	<i>Phyllosticta</i> sp.	<i>Smilax elongato-umbellata</i>	中国	[23]
<i>Neodeightonia phoenicum</i>	Diplodia-like	<i>Phoenix</i> sp.	西班牙	[24]
<i>Phaeobotryon mamane</i>	Dothiorella-like	<i>Sophora chrysophylla</i>	夏威夷	[24]
<i>Phaeobotryosphaeria citrigena</i>	<i>Sphaeropsis</i> sp.	<i>Citrus sinensis</i>	新西兰	[24]
<i>Saccharata capensis</i>	未知	<i>Mimetes cucullata</i>	南非	[25]
<i>Lasiodiplodia pseudotheobromae</i>	未知	<i>Gmelina arborea</i>	哥斯达黎加	[26]
<i>Lasiodiplodia parva</i>	未知	<i>Cassava siol</i>	哥伦比亚	[26]

续表

新属或新种 New genera or species	相应有性型或无性型种 Teleomorph or anamorph	模式标本寄主 Host of type speices	采集地 Location	参考文献 References
<i>Dothiorella longicollis</i>	未知	<i>Lysiphyllum cunninghamii</i>	澳大利亚	[27]
<i>Lasiodiplodia margaritacea</i>	未知	<i>Adansonia gibbosa</i>	澳大利亚	[27]
<i>Fusicoccum ramosum</i>	未知	<i>Eucalyptus camaldulensis</i>	澳大利亚	[27]
<i>Dothiorella moneti</i>	<i>Dothidotthia</i> sp.	<i>Acacia rostellifera</i>	澳大利亚	[28]
<i>Dothiorella santali</i>	<i>Dothidotthia</i> sp.	<i>Santalum acuminatum</i>	澳大利亚	[28]
<i>Aplosporella yalgorensis</i>	未知	<i>Acacia cochlearis</i>	澳大利亚	[28]
<i>Dothiorella casuarini</i>	未知	<i>Casuarina</i> sp.	澳大利亚	[29]
<i>Phaeobotryon cupressi</i>	未知	<i>Cupressus sempervirens</i>	伊朗	[30]
<i>Neoscytalidium</i>	未知			[13]
<i>N. novaehollandiae</i>	未知	<i>Crotalaria medicaginea</i>	澳大利亚	[27]
<i>Neofusicoccum</i>	<i>Botryosphaeria</i> ; <i>Dichomera</i>			[13]
<i>N. pennatisporum</i>	<i>Botryosphaeria</i> -like	<i>Allocasuarina fraseriana</i>	澳大利亚	[28]
<i>Pseudofusicoccum</i>	未知			[13]
<i>P. adansoniae</i>	未知	<i>Adansonia gibbosa</i>	澳大利亚	[27]
<i>P. kimberleyense</i>	未知	<i>Acacia synchronica</i>	澳大利亚	[27]
<i>P. ardesiacum</i>	未知	<i>Adansonia gibbosa</i>	澳大利亚	[27]
<i>Endomelanconiopsis</i>	未知			[31]
<i>E. endophytica</i>	未知	<i>Theobroma cacao</i>	巴拿马	[31]
<i>Barriopsis</i>	未知			[24]
<i>B. fusca</i> = <i>Botryosphaeria disrupta</i>	未知	<i>Citrus</i> sp.	古巴	[24]
<i>B. iraniana</i>	未知	<i>Mangifera indica</i>	伊朗	[30]
<i>Spencermartinsia</i>	未知			[24]
<i>S. viticola</i> = <i>Botryosphaeria viticola</i>	<i>Dothiorella viticola</i>	<i>Vitis vinifera</i>	西班牙	[24,32]

* 2006 年以前发现的新属和新种参见文献^[33]

根据葡萄座腔菌科真菌的纯培养物得到的 LSU 序列对本科各个属进行系统发育关系分析,认为该科至少包括 10 个系统分支,分别对应于不同的有性型或无性型属:未解决的 *Diplodia*/*Lasiodiplodia*/*Tiarospora* 分支、*Botryosphaeria* s. str. (无性型为 *Fusicoccum*)、*Macrophomina*、*Neoscytalidium*、*Dothidotthia* (无性型为 *Dothiorella*)、*Neofusicoccum* (*Botryosphaeria*-like 有性型, *Dichomera*-like 同等无性型)、*Pseudofusicoccum*、*Saccharata* (*Fusicoccum*-like 和 *Diplodia*-like 同等无性型)、“*Botryosphaeria*” *quercuum* (*Diplodia*-like 无性型)和 *Guignardia* (无性型为 *Phyllosticta*)^[13]。通过形态学特征和更多的 DNA 数据可知,葡萄座腔菌科还包括 *Aplosporella*, *Endomelanconiopsis*, *Barriopsis* 和 *Spencermartinsia* 4 个属^[21,24,31]。另外 3 个属 *Neodeightonia*、*Phaeobotryon* 和 *Phaeobotryosphaeria* 一直被认为是 *Botryosphaeria* 的异名,但有性型或无性型形态和分子证据均显示它们与 *Botryosphaeria* 相区别,作为葡萄座腔菌科的另外 3 个独立的分支^[24]。Crous 等^[13]描述的分支之一 *Dothidotthia* 一直被认为是葡萄座腔菌科的成员^[34],而该属的代表种 *D. symphoricarpon* 却位于葡萄座腔菌科之外,隶属于新科 *Dothidotthiaceae*,从属于格孢腔菌目 (Pleosporales);然而原来认为是该属无性型的 *Dothiorella* 属却仍位于葡萄座腔菌科中,并独自聚成一个分支^[24]。实际上仍有一些研究结果认为 *Dothidotthia* 与 *Botryosphaeria* 的系统发育关系接近,均归属于葡萄座腔菌目^[35]。进一步研究能很好将 *Diplodia*, *Lasiodiplodia* 和 *Dothiorella* 三者区分,目前为止葡萄座腔菌科共有 18 个群^[36]。

1. 2 葡萄座腔菌科真菌的种群遗传结构及其与寄主的关系

葡萄座腔菌科真菌的发生和分布与环境 and 寄主密切相关。*Botryosphaeria dothidea*、*B. stevensii* 和“*B. obtusa*”均能引起果树的枝干溃疡和果实腐烂,但它们在寄主上表现的遗传特征不尽相同。用 ITS 和 β -tubulin 分析引起芒果病害的 *Botryosphaeria* spp.,共得到 9 个分支,“*B. obtusa*”和 *B. stevensii* 位于同一个分

支^[37];但用 ITS 对不同果树上的 *Botryosphaeria* spp. 进行分析,“*B.* *obtusa*”却独自成为一支,明显与其它类群分开^[38];利用 ITS 和无性型特征研究从南非果树上分离到的 50 株 *Botryosphaeria* spp., 共得到 *Neofusicoccum ribis* (= *B. ribis*), *N. parvum* (= *B. parva*), *N. australe* (= *B. australis*), *B. dothidea*, *Diplodia mutila* (= *B. stevensii*) 和“*B.* *obtusa*”6 个类群^[7], 且研究表明“*B.* *obtusa*”的无性型为 *Diplodia seriata*, 而 *Botryosphaeria* 已不再适合作为该菌的有性型属名^[6]。

相同植物寄主上的葡萄座腔菌科真菌与环境的相关性受到重视,尤其是重要的人工林树种——桉树。Slippers 等^[39]利用 ITS, β -tubulin 和 EF1- α 及其 RFLP-PCR 比较澳大利亚和南非桉树当地种和外来种相关的 *Botryosphaeria* spp., 确定了 5 个 *Fusicoccum*-like 无性型种: *B. australis*, *B. dothidea*, *B. eucalypticola*, *B. eucalyptorum* 和 *B. parva*, 但未得到之前常见报道于桉树上的 *B. ribis*。然而,对已报道于桉树上的 *B. australis*, *B. dothidea*, *B. parva* 和 *B. ribis* 进行纯培养,发现这 4 种真菌除能产生 *Fusicoccum*-like 无性型外,均能产生 *Dichomera* 同等无性型,且用 ITS 能将二者相区别^[40]。这在研究澳大利亚西部当地桉树时得到了验证,除了 *B. australis*, *B. parva* 和 *Fusicoccum macroclavatum* 外,还分离到了 *Dichomera eucalypti*^[41]。另外,除了 *Fusicoccum*-like 和 *Dichomera* 同等无性型外,从桉树上分离到的还有 *Lasiodiplodia theobromae*^[42];Taylor 等^[28]利用 ITS 和 EF1- α 对澳大利亚桉树种植区内多种木本植物上的葡萄座腔菌科内生真菌进行系统发育分析,又得了 1 个无性型属——*Aplosporella*。研究表明,目前发现的与桉树相关的葡萄座腔菌科真菌共有 23 种,分别隶属于 8 属,包括多种无性型^[43]。

多种 *Botryosphaeria* spp. 能危害葡萄藤,但病原菌种类受环境影响较大。用 DNA 序列分析引起加利福尼亚葡萄藤病害的 *Botryosphaeria* spp., 得到 *B. australis*, *B. dothidea*, *B. lutea*, “*B.* *obtusa*”, *B. parva*, *B. rhodina* 和 *B. stevensii* 共 7 个分支^[44];而在南非引起葡萄藤溃疡病菌的除以上 7 种外,还有 *Diplodia porosum*, *Fusicoccum viticlavatum*, *F. vitifusiforme* 和 *Diplodia* sp. 4 个分支^[8];Pitt 等^[45]用 ITS 和 EF1- α 序列研究澳大利亚东部葡萄藤上的葡萄座腔菌科真菌,得到的 4 个分支共包括 8 个种: *Botryosphaeria dothidea*, *Diplodia seriata*, *D. mutila*, *Lasiodiplodia theobromae*, *Neofusicoccum parvum*, *N. australe*, *Dothiorella iberica* 和 *Do. viticola*, 其中 *B. dothidea*, *D. seriata*, *N. parvum* 和 *N. australe* 4 种是与北美和南非共有种,但不同种群间是否有基因交流还需要进一步的研究。

山龙眼科植物在环境胁迫时会遭到葡萄座腔菌科真菌的危害,导致树干溃疡、枯梢或萎蔫。Denman 等^[5]利用形态学和 ITS 序列确定了感染山龙眼的 5 个 *Botryosphaeria* spp. 并解析了它们在全球的分布,但该研究报道的某些种实际是代表一个种的复合体。例如,发生于澳大利亚的 *Buchinghamia* 和 *Banksia* 及南非的 *Protea cynaroides* 上的 *N. luteum* (即 *Fusicoccum luteum*, 有性型为 *B. lutea*) 即不是一个单系群。研究者称,目前已经报道山龙眼科的 19 种葡萄座腔菌科真菌与其寄主的相关性时,发现危害澳大利亚 *Banksia coccinea*、葡萄牙和南非山龙眼科植物的 *N. protearum*, 也发生于加那利群岛;而之前报道的山龙眼科植物相关的 *N. ribis* 被证实是 *N. parvum*^[25]。

在葡萄座腔菌科真菌种群与寄主的相关性方面也备受关注。早期对葡萄座腔菌属及相关无性型属进行基于 ITS-rDNA 的系统发育学分析,认为该类群可分为 2 个系统分支,一支为具暗色分生孢子的 *Diplodia*, 另一个分支为具透明分生孢子的 *Fusicoccum*^[1];而 Crous 等^[13]利用 LSU rDNA 对葡萄座腔菌科进行系统发育分析结果显示, *Diplodia* 和 *Fusicoccum* 均不是单系群,且 *Diplodia* 和 *Lasiodiplodia* 的处于同一分支,不能分开。进一步对 *Diplodia*, *Lasiodiplodia* 和 *Dothiorella* 3 个具暗色分生孢子的无性型属进行多基因((ITS、 β -tubulin 和 ACT)联合分析,结果能够很好地将三者区分开,同时该研究结果显示出了这 3 类真菌与其寄主的相关性: *Diplodia* 主要发生于裸子植物,只有少数在被子植物和裸子植物上均能分离到; *Lasiodiplodia* 在裸子植物和被子植物上的发生几率相等;而 *Dothiorella* 只见于被子植物^[45]。由此可见,被子植物是葡萄座腔菌科真菌最大的寄主,在已知的 2000 多种该科真菌中,仅有近 50 种报道于裸子植物^[2]。

从葡萄座腔菌科系统发育关系及与寄主关系的研究可以看出,真菌与寄主的关系有两种:寄主专化型和

广谱寄生型^[2]。本科中有一些真菌能特异地寄生于某一类寄主植物,甚至只寄生于特定区域内的特定属(或科)的植物,如 *Diplodia pinea* 和 *D. scrobiculata* 只寄生于松属和其它针叶树,而 *Neofusicoccum eucalyptorum* 和 *N. eucalypticola* 只能从桉树上分离到,*Saccharata protea* 和 *N. protearum* 是山龙眼科的专化型;另外一些葡萄座腔菌科真菌的寄主具有广谱性,如 *Botryosphaeria dothidea*, *D. seriata* (= "*B.* *obtusa*"), *B. parva* (= *N. parvum*), *B. australis* (= *N. australe*), *B. stevensii* 等;此外,研究表明,一些原先被认为是专性寄生、以寄主命名的种,如 *B. quercuum* (寄主为 *Quercus* spp.) 和 *B. ribis* (寄主为 *Ribes* spp.) 实际上具有更广的寄主范围。真菌的传播和感染主要通过产生子囊孢子和分生孢子,大量证据表明具有广谱寄生性的葡萄座腔菌科真菌是通过水平传播方式感染其它寄主的,但也有研究证实葡萄座腔菌科真菌可以通过某些植物的种子传播,说明了垂直传播的可能性^[46]。了解病原菌的亲缘关系及其和寄主的关系对真菌的分类和病害的防治具有重要的意义。

1.3 葡萄座腔菌科真菌的遗传多样性与基因流动

葡萄座腔菌科真菌对寄主植物的危害程度不一,有些具有很强的致病性,有些致病性很弱,有些却是对寄主没有影响或有潜在影响的内生真菌。为正确评估不同菌株对寄主的危害,需要鉴定各个种并研究其种内遗传多样性及种群遗传结构。研究发现,某些情况下,致病性或侵染力可能与 DNA 特征有关^[47]。RFLP-PCR、RAPD 和 SSR 分子标记已用于研究 *Diplodia sapinea* (引起松树 *diplodia* 型枯梢病) 和 *Gremmeniella abietina* (引起松树 *scleroderis* 型溃疡病) 这两种病原真菌侵染力的差别^[48-49]。

Diplodia pinea (同名: *Sphaeropsis sapinea*) s. lat. 是松树的一种内生真菌,也是一种潜在的病原菌,它是一个物种复合体。根据孢子形态和培养特征,Palmer 等在 1987 年描述了美国的 *D. pinea* 的两个形态型(A 和 B),且已得到 RAPD 标记的证实^[49]。后来又有研究获得了该菌的第三个形态型和可能的第四个形态型。De Wet 等^[50]用 RAPD 标记和形态学特征研究印尼的 *D. pinea* 菌株,得到了该菌的形态 C 型,其孢子比比 A 型的大;Hausner 等^[51]用 RFLP 结合形态学特征得到加拿大的 *D. pinea* 菌株中有一个形态 I 型,其孢子大小介于 A 型和 B 型之间。研究发现 *D. pinea* 的不同形态型在病理学、RAPD 和同工酶上完全不同^[52]。Burgess 等^[53]用营养亲和性(VCG)测试对南非当地辐射松(*Pinus radiata*)上的 *D. pinea* 种群和外来种群的基因型多样性作比较,用 SSR 标记确定每个 VCG 形态型,发现所有加利福尼亚的 *D. pinea* 菌株均为形态 B 型,而所有来自南半球的菌株均为形态 A 型;且 *D. pinea* 种群中,澳大利亚的基因型多样性程度较低,南非的多样性程度非常高,而新西兰处于中度多样性。由于 *D. pinea* 的分布与松树的分布类似,且其引进与种子运输相关,因此推断该菌是在早期欧洲殖民时期随着松树的引进而到达南半球的。从南半球的外来松树上只鉴定到一个形态 A 型,用 11 个多态性 SSR 标记分析 40 个不同形态型的 *D. pinea* 菌株,将其与其它 3 个形态型清晰地地区分开,并证明形态 I 型是 "*B.* *obtusa*" 的无性型(= *D. seriata*),而其它 3 种形态型中,C 型与 A 型的关系比其与 B 型更为密切,4 个形态型中 B 型的遗传多样性程度最高^[6,54]。用多基因联合分析和 SSR 标记研究差异最大的形态 A 型和 B 型,将形态 B 型描述为新种 *D. scrobiculata*,至此 *D. pinea* s. lat. 已包括至少 3 个种——*D. pinea*, *D. scrobiculata* 和 *D. seriata*^[5]。用 SSR 标记研究辐射松上的 *D. pinea*,结果显示南半球和北半球的 *D. pinea* 种群缺乏多样性且各种群的基因型均相同;然而对加利福尼亚辐射松上的 *D. scrobiculata* 种群分析,表明北美不同地区的 *D. scrobiculata* 种群具有很强的地理隔离,不同种群均有自己特有的等位基因^[55-56]。

用于研究 *D. pinea* 的部分 SSR 标记也适用于其相近种——*Lasiodiplodia theobromae* (有性型为 *Botryosphaeria rhodina*),用 19 对 SSR 引物扩增 *L. theobromae* 的微卫星序列(其中 10 对是 *D. pinea* 的标记引物),结果表明寄主对南非 *L. theobromae* 种群遗传多样性的影响比地理位置对其的影响更大^[54]。用 SSR 标记研究来自不同寄主和不同区域的 *L. theobromae* 种群的遗传多样性和基因流动,认为该病原菌没有寄主专化性,在不同寄主间有着很强的基因流动;不同区域内的 *L. theobromae* 种群存在着遗传隔离,其基因交流很有限^[57]。但是,这些 SSR 标记只适用于研究具 *Diplodia* 无性型的 *Botryosphaeria* spp. (如 *D. pinea*, *D. scrobiculata* 和 *B. rhodina*),不能有效地解决具 *Fusicoccum* 无性型的 *Botryosphaeria* spp. (如 *B. parva* 和 *B. ribis*)

的遗传多样性和基因流动问题。Slippers 等^[58]开发了 8 套 SSR 标记用于研究 *B. parva* (无性型为 *Neofusicoccum parvum*) 及其相近种的遗传多样性和基因流动,选用其中 6 套标记扩增澳大利亚天然林和人工林桉树相关 *B. australis* (无性型为 *Neofusicoccum australe*) 的微卫星序列,结果认为两个种群有很强的基因交流,该病原菌具有广泛的寄主谱^[59]。此外,SSR 标记也用于研究 *Macrophomina phaseolina* 的遗传多样性分析。该菌是葡萄座腔菌科的一个单种分支,具有广泛的寄主谱,其致病性、遗传多样性和适应环境的能力均有很大的差异^[13,60]。用 12 对 SSR 标记对 109 株来自美国不同地区不同寄主的 *M. phaseolina* 种群进行分析,虽然结果显示这些种群间的遗传多样性及其与葡萄座腔菌科内相关属间的转移能力有从中到高不等程度的差异,但该菌仍然是一个单属单种^[61]。

2 我国葡萄座腔菌科真菌的相关研究进展

在我国,由葡萄座腔菌科引起的树木溃疡类病害已经遍布全国,引起各种林木(杨树、松树、桉树等)的材质下降和果树(苹果、梨、桃等)减产。国内对葡萄座腔菌科的研究主要集中在病原的鉴定和分类方面,在真菌的系统发育学及分子生态学方面的研究甚少。我国葡萄座腔菌属及相关真菌最早报道于 20 世纪三四十年代,最为常见的是引起苹果轮纹病的 *Botryosphaeria berengeriana* 和梨轮纹病的 *B. berengeriana* f. sp. *piricol*^[62-63];到 80 年代,陆续鉴定并描述了该类群真菌^[64-67],这些病害标本均被保藏在中国科学院微生物研究所;近来对这些标本重新检查时,发现其中有 6 个 *Guignardia* 属新种和 3 个新记录种^[23]。

目前,国内在葡萄座腔菌科真菌的分子生态学研究方面主要集中在其遗传多样性及种内遗传分化研究。张星耀等^[68-69]用 RAPD、ITS-PCR-RFLP 方法验证了葡萄座腔菌属真菌的 *Dothiorella* 无性型与其他的树木溃疡病病原 *Cytospora*、*Dothichiza*、*Coniothyrium* 等无性型属的传统分类关系。对葡萄座腔菌属真菌的遗传分化进行分析,发现该属真菌具有较大的分化现象,28S rDNA-PCR-RFLP 和 RAPD 标记分析表明 *Botryosphaeria berengeriana* 与 *B. dothidea* 不同^[68]。余仲东等^[70]认为 ITS-nrDNA 序列分析结果支持 *B. dothidea* 与 *B. berengeriana* 为同物异名的观点。黄春燕等^[71]对引起苹果轮纹病、干腐病以及桃树流胶病、山楂轮纹病的 *B. berengeriana* 进行 RAPD 分析,发现轮纹病菌与干腐、流胶病菌的遗传差异较大,Liu 等^[72]用 RAPD 证实了该菌的遗传分化与地理环境条件差异无明显的相关性。RAMs 分析发现参试的 *Botryosphaeria* spp. 菌株具有分化现象,在不同的水平上解析,可以分为 2 到 4 个聚类群,说明现在被认为的葡萄座腔菌属不是一个单系群,推测这些聚类群可能代表了不同的生物物种^[73]。王金利等^[74]根据 ISSR 研究的结果显示供试有性型菌株为 *B. dothidea* 与国外提供的 *F. aesculi* 菌株以 100% 支持率聚为一类,因此,采集自我国的试验菌株 *B. dothidea*,其无性型不是 *Dothiorella gregaria*,而是 *F. aesculi*。利用 RAPD 对引起松树枯梢病的无性型病菌 *D. pinea* 进行遗传分化研究,发现分为 3 个不同的类群^[75]。

3 问题与讨论

葡萄座腔菌科真菌是农业和林业上重要的病原菌、内生真菌或潜在致病菌。分类学的模糊使得关于该科真菌生态学、致病性、内生真菌的性质和病原-植物间互作的研究显得尤为困难,它们在自然群落中生态功能的探索则更少。分子生物学的发展为葡萄座腔菌科真菌的分类学研究提供了有力的工具,尤其是基于 DNA 的分子学工具,已经发展到用于鉴定和描述该科真菌的种群遗传结构及遗传多样性研究,对该类群真菌的分子生态学研究起到了至关重要的作用。目前,葡萄座腔菌科真菌分子生态学的研究已有初步进展,且其将成为该类群真菌研究的热点之一。但是,该类群真菌的分子生态学研究过程中,也存在一些问题和有待改进的地方,主要体现在种类鉴定、系统发育关系分析、遗传多样性、基因流动等方面。

(1)随着基因组数据的增多和应用,系统发育关系的研究不再局限于仅仅几个基因。虽然大多系统发育研究已经用到核糖体 DNA 基因,但是新的研究仍然会用到其它编码基因,如 β -tubulin 和 EF-1 α 的基因。除了核基因组的某些序列被成功应用于真菌的鉴定和亲缘关系分析外,线粒体 SSU 基因也多次用于丝状子囊菌的研究中,利用引物对 MSU1/MSU7 和 MSU1/NMS2 成功地将葡萄座腔菌属及其相关真菌区别^[52]。某些情况下,由于不同测序区域得到的结果不一致,从而明显改变了对系统发育关系的判断,因此可能需要选择新的

序列组合^[76]。此外,系统发育学正致力于研究微生物种内或种间生化途径的关系,系统发育学方法亦可用于生物多样性和共进化的研究,同时也有助于更好地理解森林植病体系各成分间的进化关系^[47]。因此,探索可用的新基因无论对葡萄座腔菌科的系统发育关系研究还是对其与寄主共进化关系的研究都很重要。

(2)真菌与寄主关系的研究影响了真菌的进化、真菌与特异性寄主的共进化模式、病害流行等研究。葡萄座腔菌科内有些真菌的寄主范围很大,能寄生于一些不相关的寄主上;而有些却具有寄主专化性,只寄生于某一类植物。真菌与寄主关系的研究对于该类真菌的传播方式研究至关重要,搞清楚葡萄座腔菌科真菌的传播方式将有利于病害的防治工作。

(3)随着研究方法的发展,从简单的单基因分析到自动的高通量分析,分子标记技术的功能越来越强大,利用也越来越广泛,大量 DNA 标记(RFLP, RAPD, ISSR, SSR 等)已经应用于葡萄座腔菌科真菌的遗传多样性和种群遗传结构及基因流动研究。对于如此众多的分子标记,如何选择是研究人员需要面对的问题。不同的分子标记所得到的研究结果也有所区别,如 RAPD 结合形态学只能得到 *Diplodia pinea* s. lat. 的 A、B、C 三个形态型,而利用 RFLP 又得到了形态 I 型^[50-51]。新开发的标记有助于进一步理解真菌的遗传多样性,有助于鉴定各种在生态系统中担当重要角色的微生物,有助于研究微生物对林木生产力、耐力和森林可持续性的影响^[47]。例如,葡萄座腔菌属代表种 *B. dothidea* 不同菌株的致病力是有差异的,但目前仍未找到其分子水平上的依据。因此,亟需找到能够直接区别致病力不同的菌株的分子标记或其它方法(如多重 PCR 或免疫学方法)。

References:

- [1] Denman S, Crous P W, Taylor J E, Kang J C, Pascoe L, Wingfield M J. An overview of the taxonomic history of *Botryosphaeria* and a re-evaluation of its anamorphs based on morphology and ITS rDNA phylogeny. *Studies in Mycology*, 2000, 45: 129-140.
- [2] Slippers B, Wingfield M J. Botryosphaeriaceae as endophytes and latent pathogens of woody plants: diversity, ecology and impact. *Fungal Biology Reviews*, 2007, 21(2/3): 90-106.
- [3] Smith H, Crous P W, Wingfield M J, Coutinho T A, Wingfield B D. *Botryosphaeria eucalyptorum* sp. nov., a new species in the *B. dothidea*-complex on *Eucalyptus* in South Africa. *Mycologia*, 2001, 93(2): 277-285.
- [4] Swart W J, Wingfield M J. Biology and control of *Sphaeropsis sapinea* on *Pinus* species in South Africa. *Plant Disease*, 1991, 75(8): 761-766.
- [5] Denman S, Crous P W, Groenewald J Z, Slippers B, Wingfield B D, Wingfield M J. Circumscription of *Botryosphaeria* species associated with Proteaceae based on morphology and DNA sequence data. *Mycologia*, 2003, 95(2): 294-307.
- [6] Phillips A J L, Crous P W, Alves A. *Diplodia seriata*, the anamorph of "*Botryosphaeria*" *obtusula*. *Fungal Diversity*, 2007, 25: 141-155.
- [7] Slippers B, Smit W A, Crous P W, Coutinho T A, Wingfield B D, Wingfield M J. Taxonomy, phylogeny and identification of Botryosphaeriaceae associated with pome and stone fruit trees in South Africa and other regions of the world. *Plant Pathology*, 2007, 56(1): 128-139.
- [8] van Niekerk J M, Crous P W, Groenewald J Z, Fourie P H, Halleen F. DNA phylogeny, morphology and pathogenicity of *Botryosphaeria* species on grapevines. *Mycologia*, 2004, 96(4): 781-798.
- [9] Blodgett J T, Kruger E L, Stanosz G R. *Sphaeropsis sapinea* and water stress in a red pine plantation in central Wisconsin. *Phytopathology*, 1997, 87(4): 429-434.
- [10] Petrini O, Fisher P J. A comparative study of fungal endophytes in xylem and whole stem of *Pinus sylvestris* and *Fagus sylvatica*. *Transactions of the British Mycological Society*, 1988, 91(2): 233-238.
- [11] Johnson G I, Mead A J, Cooke A W, Dean J R. Mango stem end rot pathogens-Fruit infection by endophytic colonization of the inflorescence and pedicel. *Annals of Applied Biology*, 1992, 120(2): 225-234.
- [12] Huang Y P, Zhu X X. Molecular ecology — a new subject in life sciences. *Bulletin of the Chinese Academy of Sciences*, 2003, 18(2): 84-88.
- [13] Crous P W, Slippers B, Wingfield M J, Rheeder J, Marassas W F O, Phillips A J L, Alves A, Burgess T, Barber P, Groenewald J Z. Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae. *Studies in Mycology*, 2006, 55: 235-253.
- [14] Kirk P M, Cannon P F, Minter D W, Stalpers J A. *Dictionary of the Fungi*. 10th ed. UK, Trowbridge: Cromwell Press, 2008: 100-100.
- [15] Schoch C L, Shoemaker R A, Seifert K A, Hambleton S, Spatafora J W, Crous P W. A multigene phylogeny of the Dothideomycetes using four nuclear loci. *Mycologia*, 2006, 98(6): 1041-1052.
- [16] Taylor J W, Jacobson D J, Kroken S, Kasuga T, Geiser D M, Gibbett D S, Fisher M C. Phylogenetic species recognition and species concepts in

- fungi. *Fungal Genetics and Biology*, 2000, 31(1): 21-32.
- [17] De Wet J, Burgess T, Slippers B, Preisig O, Wingfield B D, Wingfield M J. Multiple gene genealogies and microsatellite markers reflect relationships between morphotypes of *Sphaeropsis sapinea* and distinguish a new species of *Diplodia*. *Mycological Research*, 2003, 107(5): 557-566.
- [18] Burgess T I, Barber P A, Mohali S, Pegg G, de Beer W, Wingfield M J. Three new *Lasiodiplodia* spp. from the tropics, recognized based on DNA sequence comparisons and morphology. *Mycologia*, 2006, 98(3): 423-435.
- [19] Mohali S, Slippers B, Wingfield M J. Two new *Fusicoccum* species from *Eucalyptus* and *Acacia* in Venezuela, based on morphology and DNA sequence data. *Mycological Research*, 2006, 110(4): 405-413.
- [20] Alves A, Correia A, Phillips A J L. Multi-gene genealogies and morphological data support *Diplodia cupressi* sp. nov., previously recognized as *D. pinea* f. sp. *cupressi*, as a distinct species. *Fungal Diversity*, 2006, 23: 1-15.
- [21] Damm U, Fourie P H, Crous P W. *Aplosporella prunicola*, a novel species of anamorphic Botryosphaeriaceae. *Fungal Diversity*, 2007, 27: 35-43.
- [22] Damm U, Crous P W, Fourie P H. Botryosphaeriaceae as potential pathogens of *Prunus* species in South Africa, with descriptions of *Diplodia africana* and *Lasiodiplodia plurivora* sp. nov. *Mycologia*, 2007, 99(5): 664-680.
- [23] Li W Y, Zhuang W Y. Re-examinations of Botryosphaeriaceae (Dothideomycetes) from China on deposit in HMAS. *Mycotaxon*, 2007, 100: 209-220.
- [24] Phillips A J L, Alves A, Pennycook S R, Johnston P R, Ramaley A, Akulov A, Crous P W. Resolving the phylogenetic and taxonomic status of dark-spored teleomorph genera in the Botryosphaeriaceae. *Persoonia*, 2008, 21: 29-55.
- [25] Marincowitz S, Groenewald J Z, Wingfield M J, Crous P W. Species of Botryosphaeriaceae occurring on Proteaceae. *Persoonia*, 2008, 21: 111-118.
- [26] Alves A, Crous P W, Correia A, Phillips A J L. Morphological and molecular data reveal cryptic speciation in *Lasiodiplodia theobromae*. *Fungal Diversity*, 2008, 28: 1-13.
- [27] Pavlic D, Wingfield M J, Barber P, Slippers B, St J Hardy G E, Burgess T I. Seven new species of the Botryosphaeriaceae from baobab and other native trees in Western Australia. *Mycologia*, 2008, 100(6): 851-866.
- [28] Taylor K, Barber P A, St J Hardy G E, Burgess T I. Botryosphaeriaceae from tuart (*Eucalyptus gomphocephala*) woodland, including descriptions of four new species. *Mycological Research*, 2009, 113(3): 337-353.
- [29] De Wet J, Slippers B, Preisig O, Wingfield B D, Tsoelas P, Wingfield M J. Molecular and morphological characterization of *Dothiorella casuarini* sp. nov. and other Botryosphaeriaceae with *Diplodia*-like conidia. *Mycologia*, 2009, 101(4): 503-511.
- [30] Abdollahzadeh J, Goltapeh E M, Javadi A, Shams-bakhsh M, Zare R, Phillips A J L. *Barriopsis iraniana* and *Phaeobotryon cupressi*: two new species of the Botryosphaeriaceae from trees in Iran. *Persoonia*, 2009, 23: 1-8.
- [31] Rojas E I, Herre E A, Mejía L C, Arnold A E, Chaverri P, Samuels G J. *Endomelanconiopsis*, a new anamorph genus in the Botryosphaeriaceae. *Mycologia*, 2008, 100(5): 760-775.
- [32] Luque J, Martos S, Phillips A J L. *Botryosphaeria viticola* sp. nov. on grapevines; a new species with a *Dothiorella* anamorph. *Mycologia*, 2005, 97(5): 1111-1121.
- [33] Zhao J P. The Phylogenetic Taxonomy of Genus *Botryosphaeria* and Other Related Genus in China. Beijing: Chinese Academy of Forestry, 2007.
- [34] Barr M E. The genus *Dothidothia* (Botryosphaeriaceae) in North America. *Mycotaxon*, 1989, 34: 517-526.
- [35] Li W Y, Zhuang W Y. Preliminary study on relationships of Dothideales and its allies. *Mycostema*, 2009, 28(2): 161-170.
- [36] De Wet J, Slippers B, Preisig O, Wingfield B D, Wingfield M J. Phylogeny of the Botryosphaeriaceae reveals patterns of host association. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2008, 46(1): 116-126.
- [37] Slippers B, Johnson G I, Crous P W, Coutinho T A, Wingfield B D, Wingfield M J. Phylogenetic and morphological reevaluation of the *Botryosphaeria* species causing diseases of *Mangifera indica*. *Mycologia*, 2005, 97(1): 99-110.
- [38] Ogata T, Sano T, Harada Y. *Botryosphaeria* spp. isolated from apple and several deciduous fruit trees are divided into three groups based on the production of warts on twigs, size of conidia, and nucleotide sequences of nuclear ribosomal DNA ITS regions. *Mycoscience*, 2000, 41(4): 331-337.
- [39] Slippers B, Fourie G, Crous P W, Coutinho T A, Wingfield B D, Carnegie A J, Wingfield M J. Speciation and distribution of *Botryosphaeria* spp. on native and introduced *Eucalyptus* trees in Australia and South Africa. *Studies in Mycology*, 2004, 50: 343-358.
- [40] Barber P A, Burgess T J, St J Hardy G E, Slippers B, Keane P J, Wingfield M J. *Botryosphaeria* species from *Eucalyptus* in Australia are pleoanamorphic, producing *Dichomera* synanamorphs in culture. *Mycological Research*, 2005, 109(12): 1347-1363.
- [41] Burgess T I, Barber P A, St J Hardy G E. *Botryosphaeria* spp. associated with eucalypts in Western Australia, including description of *Fusicoccum macroclavatum* sp. nov. *Australasian Plant Pathology*, 2005, 34: 557-567.

- [42] Mohali S R, Slippers B, Wingfield M J. Identification of Botryosphaeriaceae from *Eucalyptus*, *Acacia* and *Pinus* in Venezuela. *Fungal Diversity*, 2007, 25: 103-125.
- [43] Slippers B, Burgess T, Pavlic D, Ahumada R, Maleme H, Mohali S, Rodas C, Wingfield M J. A diverse assemblage of Botryosphaeriaceae infect *Eucalyptus* in native and non-native environments. *Southern Forests: Journal of Forest Science*, 2009, 71(2): 101-110.
- [44] Úrbez-Torres J R, Leavitt G M, Voegel T M, Gubler W D. Identification and distribution of *Botryosphaeria* spp. associated with grapevine cankers in California. *Plant Disease*, 2006, 90(12): 1490-1503.
- [45] Pitt W M, Huang R, Steel C C, Savocchia S. Identification, distribution and current taxonomy of Botryosphaeriaceae species associated with grapevine decline in New South Wales and South Australia. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, 2010, 16(1): 258-271.
- [46] Gure A, Slippers B, Stenlid J. Seed-borne *Botryosphaeria* spp. from native *Prunus* and *Podocarpus* trees in Ethiopia, with a description of the anamorph *Diplodia rosulata* sp. nov. *Mycological Research*, 2005, 109(9): 1005-1014.
- [47] Lundquist J E, Hamelin R C. *Forest Pathology: from Genes to Landscapes*. Minnesota: APS Press, 2005: 9-16.
- [48] Hamelin R C, Ouellette G B, Bernier L. Identification of *Gremmeniella abietina* races with random amplified polymorphic DNA markers. *Applied and Environmental Microbiology*, 1993, 59(6): 1752-1755.
- [49] Smith D R, Stanosz G R. Confirmation of two distinct populations of *Sphaeropsis sapinea* in the north central states using RAPDs. *Phytopathology*, 1995, 85: 699-704.
- [50] De Wet J, Wingfield M J, Coutinho T A, Wingfield B D. Characterization of *Sphaeropsis sapinea* isolates from South Africa, Mexico and Indonesia. *Plant Disease*, 2000, 84(2): 151-156.
- [51] Hausner G, Hopkin A A, Davis C N, Reid J. Variation in culture and rDNA among isolates of *Sphaeropsis sapinea* from Ontario and Manitoba. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 1999, 21(3): 256-264.
- [52] Zhou S G, Stanosz G R. Relationships among *Botryosphaeria* species and associated anamorphic fungi inferred from the analyses of ITS and 5.8S rDNA sequences. *Mycologia*, 2001, 93(3): 516-527.
- [53] Burgess T I, Wingfield B D, Wingfield M J. Comparison of genotypic diversity in native and introduced populations of *Sphaeropsis sapinea* isolated from *Pinus radiata*. *Mycological Research*, 2001, 105(11): 1331-1339.
- [54] Burgess T I, Wingfield M J, Wingfield B D. Simple sequence repeat (SSR) markers distinguish between morphotypes of *Sphaeropsis sapinea*. *Applied and Environmental Microbiology*, 2001, 67(1): 354-362.
- [55] Burgess T I, Gordon T R, Wingfield M J, Wingfield B D. Geographic isolation of *Diplodia scrobiculata* and its association with native *Pinus radiata*. *Mycological Research*, 2004, 108(12): 1399-1406.
- [56] Burgess T I, Wingfield M J, Wingfield B D. Global distribution of *Diplodia pinea* genotypes revealed using simple sequence repeat (SSR) markers. *Australasian Plant Pathology*, 2004, 33(4): 513-519.
- [57] Mohali S, Burgess T I, Wingfield M J. Diversity and host association of the tropical tree endophyte *Lasioidiplodia theobromae* revealed using simple sequence repeat markers. *Forest Pathology*, 2005, 35(6): 385-396.
- [58] Slippers B, Burgess T, Wingfield B D, Crous P W, Coutinho T A, Wingfield M J. Development of simple sequence repeat markers for *Botryosphaeria* spp. with *Fusicoccum* anamorphs. *Molecular Ecology Notes*, 2004, 4(4): 675-677.
- [59] Burgess T I, Sakalidis M L, St J Hardy G E. Gene flow of the canker pathogen *Botryosphaeria australis* between *Eucalyptus globulus* plantations and native eucalypt forests in Western Australia. *Austral Ecology*, 2006, 31(5): 559-566.
- [60] Su G, Suh S O, Schneider R W, Russin J S. Host specialization in the charcoal rot fungus, *Macrophomina phaseolina*. *Phytopathology*, 2001, 91(2): 120-126.
- [61] Baird R E, Wadl P A, Allen T, McNeill D, Wang X W, Moulton J K, Rinehart T A, Abbas H K, Shier T, Trigliano R N. Variability of United States isolates of *Macrophomina phaseolina* based on simple sequence repeats and cross genus transferability to related genera within Botryosphaeriaceae. *Mycopathologia*, 2010, 170(3): 169-180.
- [62] Chen C. Advances in the research of apple ring rot. *Acta Phytopathologica Sinica*, 1999, 29(3): 193-198.
- [63] Kang L, Hao H M, Yang Z Y, Li X X, Kang G D. The advances in the research of apple ring rot. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2009, 25(9): 188-191.
- [64] Teng S C, Korf R P. *Fungi of China*. 2nd ed. New York: Mycotaxon, 1996.
- [65] Tai F L. *Sylloge Fungorum Sinicorum*. Beijing: Science Press, 1979.
- [66] Teng S C. *Fungi of China*. Beijing: Science Press, 1963.
- [67] Huang T Z. A new species of *Botryosphaeria*. *Acta Microbiologica Sinica*, 1977, 17(4): 303-305.
- [68] Zhang X Y, Zhao S G, Lu Q, Jia X Z. Molecular genetic diversity of pathogenic fungal group causing tree canker II ——28S rDNA-PCR-RFLP and

- RAPD analysis of *Botryosphaeria* spp. *Scientia Silvae Sinicae*, 2000, 36 (2): 75-81.
- [69] Zhang X Y, Zhao S G, Piao C G, Lu Q, Jia X Z. Molecular genetic diversity of pathogenic fungal group causing tree canker I ——evidence of taxa for *Dothiorella*, *Dothichiza*, *Cytospora* and *Coniothyrium* in molecular level. *Scientia Silvae Sinicae*, 1999, 35(3): 34-40.
- [70] Yu Z D, Zhao G C, Dan J Y, Ren Z Z. Phylogeny of *Botryosphaeria* species based on ITS-nrDNA sequences. *Mycosystema*, 2010, 29(2): 285-293.
- [71] Huang C Y, Liu K Q. RAPD analysis of the pathogenic fungi of apple ring rot and other major related diseases. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2001, 31(2): 164-169.
- [72] Liu G Q, Fan Y S, Liu S H, Li S Y, Wang H Q, Liu C G. Study on the genetic variation of *Physalospora piricola* in apple using RAPD technique. *Developmental and Reproductive Biology*, 2001, 10(2): 61-67.
- [73] Zhang X Y, Zhao J P, Liang J, Lu Q. Molecular relationship of genus *Botryosphaeria*, genus *Coniothyrium*, genus *Dothichiza* and the consistency of *Botryosphaeria dothidea*. *Scientia Silvae Sinicae*, 2006, 42(11): 61-68.
- [74] Wang J L, He W, Qin G F, Tao W Q, Zhao J, Tian S M. Study on the anamorph and species of *Botryosphaeria*, the important pathogen of tree's canker. *Forest Research*, 2007, 20(1): 21-28.
- [75] Wu X Q, Huang M R, Yin T M. The use of RAPD to detect the genetic variation of *Sphaeropsis sapinea* in china. *Scientia Silvae Sinicae*, 2000, 36(4): 32-38.
- [76] O'Donnell K, Cigelnik K E, Nirenberg H I. Molecular systematics and phylogeography of the *Gibberella fujikuroi* species complex. *Mycologia*, 1998, 90(3): 465-493.

参考文献:

- [12] 黄勇平, 朱湘雄. 分子生态学——生命科学领域的新学科. *中国科学院院刊*, 2003, 2: 84-88.
- [33] 赵嘉平. 树木溃疡病菌——葡萄座腔菌属及相关真菌系统分类研究. 北京: 中国林业科学研究院, 2007.
- [35] 李文英, 庄文颖. 座囊菌目及相关类群属间关系的系统学初探. *菌物学报*, 2009, 28(2): 161-170.
- [62] 陈策. 苹果果实轮纹病研究进展. *植物病理学报*, 1999, 29(3): 193-198.
- [63] 康玲, 郝红梅, 杨振英, 李晓旭, 康国栋. 苹果轮纹病研究进展. *中国农学通报*, 2009, 25(9): 188-191.
- [65] 戴芳澜. 中国真菌总汇. 北京: 科学出版社, 1979.
- [66] 邓叔群. 中国的真菌. 北京: 科学出版社, 1963.
- [67] 黄天章. 葡萄座壳属一新种. *微生物学报*, 1977, 17(4): 303-305.
- [68] 张星耀, 赵仕光, 吕全, 贾秀贞. 树木溃疡病病原真菌类群分子遗传多样性研究 II ——*Botryosphaeria* 属 28S rDNA-PCR-RFLP 和 RAPD 解析. *林业科学*, 2000, 36(2): 75-81.
- [69] 张星耀, 赵仕光, 朴春根, 吕全, 贾秀贞. 树木溃疡病病原真菌类群分子遗传多样性研究 I ——小穴壳菌属, 壳孢属, 壳囊孢属, 盾壳霉属分类地位的分子证明. *林业科学*, 1999, 35(3): 34-40.
- [70] 余仲东, 赵官成, 淡静雅, 任争争. 葡萄座腔菌属 ITS-nrDNA 的分子系统学分析. *菌物学报*, 2010, 29(2): 285-293.
- [71] 黄春燕, 刘开启. 苹果轮纹病及相关病害病原菌的 RAPD 分析. *植物病理学报*, 2001, 31(2): 164-149.
- [73] 张星耀, 赵嘉平, 梁军, 吕全. 树木溃疡病菌主要类群系统地位及茶藨子葡萄座腔菌的种内一致性. *林业科学*, 2006, 42(11): 61-68.
- [74] 王金利, 贺伟, 秦国夫, 陶万强, 赵俊, 田淑敏. 树木溃疡病重要病原葡萄座腔菌属、种及其无性型研究. *林业科学研究*, 2007, 20(1): 21-28.
- [75] 吴小芹, 黄敏仁, 尹佟明. 中国松树枯梢病菌遗传多态性的 RAPD 分析. *林业科学*, 2000, 36(4): 32-38.

ACTA ECOLOGICA SINICA Vol. 31, No. 11 June, 2011 (Semimonthly)

CONTENTS

Responses of microbes-mediated carbon and nitrogen cycles to global climate change	SHEN Jupei, HE Jizheng (2957)
Formation of cyanobacterial blooms in Lake Chaohu and the photosynthesis of dominant species hypothesis	JIA Xiaohui, SHI Dingji, SHI Mianhong, et al (2968)
Unbalanced cyclical fluctuation pattern of intermittent outbreaks of beet armyworm <i>Spodoptera exigua</i> (Hübner) in China	WEN Lizhang, ZHANG Youjun, ZHU Liang, et al (2978)
Self-organizing feature map classification and ordination of <i>Larix principis-rupprechtii</i> forest in Pangquangou Nature Reserve	ZHANG Qindi, ZHANG Jintun, Suriguga, et al (2990)
Ecological effects of lakeside wetlands restoration in Dalian Lake, Shanghai	WU Di, YUE Feng, LUO Zukui, et al (2999)
Soil organic carbon storage and profile inventory in the different vegetation types of Luya Mountain	WU Xiaogang, GUO Jinping, YANG Xiuyun, et al (3009)
Response of soil microbial community structure to the leaf litter decomposition of three typical broadleaf species in mid-subtropical area, southern China	ZHANG Shengxi, CHEN Falin, ZHENG Hua (3020)
The decomposition of coniferous and broadleaf mixed litters significantly changes the carbon metabolism diversity of soil microbial communities in subtropical area, southern China	CHEN Falin, ZHENG Hua, YANG Bosu, et al (3027)
Spatiotemporal heterogeneity of topsoil nutrients in Karst Peak-Cluster depression area of Northwest Guangxi, China	LIU Shujuan, ZHANG Wei, WANG Kelin, et al (3036)
Effects of cadmium stress on the activities of antioxidant enzymes, digestive enzymes and the membrane lipid peroxidation of the mangrove mud clam <i>Geloina coaxans</i> (Gmelin)	LAI Tinghe, HE Binyuan, FAN Hangqing, et al (3044)
The edge effects on tree-liana relationship in a secondary natural forest in Bawangling Nature Reserve, Hainan Island, China	WU Yuna, TAO Jianping, XI Weimin, et al (3054)
Soilwater deficit under different artificial vegetation restoration in the semi-arid hilly region of the Loess Plateau	YANG Lei, WEI Wei, MO Baoru, et al (3060)
The diurnal trends of sensible and latent heat fluxes of a subtropical evergreen coniferous plantation subjected to seasonal drought	HE Youwei, WANG Qiubing, WEN Xuefa, et al (3069)
Ecological adaptability of photosynthesis and water use for <i>Tamarix ramosissima</i> in the southern periphery of Gurbantungut Desert, Xinjiang	WANG Shanshan, CHEN Xi, WANG Quan, et al (3082)
Estimation of leaf area index of cotton using digital Imaging	WANG Fangyong, WANG Keru, LI Shaokun, et al (3090)
Different response of photosynthetic apparatus between wild soybean (<i>Glycine soja</i>) and cultivated soybean (<i>Glycine max</i>) to NaCl stress	XUE Zhongcai, GAO Huiyuan, LIU Jie (3101)
Effects of water and phosphorus supply on morphology and structure of special root hairs on nodal roots of wheat (<i>Triticum aestivum</i> L.)	ZHANG Jun, HE Dexian, DUAN Zengqiang (3110)
Applications of species indicator for analyzing plant community types and their biodiversity at Kunyushan National Forest Reserve	SUN Zhiqiang, ZHANG Xingyao, ZHU Yanpeng, et al (3120)
Societal metabolism for chinese provinces based on multi-scale integrated analysis of societal metabolism (MSIASM)	LIU Ye, GENG Yong, ZHAO Hengxin (3133)
Comparative gene expression analysis for leaf trichomes of tobacco grown in two different regions in China	CUI Hong, JI Hao, YANG Huijuan, et al (3143)
Performance evaluation of B biotype whitefly, <i>Bemisia tabaci</i> on 23 host plants	AN Xincheng, GUO Qiang, HU Qiongbo (3150)
Studies of hemocytes DNA damage by two pesticides acetamiprid and chlorpyrifos in predaceous spiders of <i>Pardosa astrigera</i> Koch	LI Rui, LI Shengcai, LIU Jia, (3156)
Effects of the fungicide prochloraz on the rotifer <i>Brachionus calyciflorus</i>	LI Daming, LU Zhenghe, FENG Qi, et al (3163)
Effects of long- and short-term successive parthenogenesis on life history and genetics characteristics of <i>Brachionus calyciflorus</i>	GE Yali, XI Yilong (3170)
Review and Monograph	
Review of the relationship between regional landscape pattern and surface water quality	ZHAO Jun, YANG Kai, TAI Jun, et al (3180)
Review of dew action effect on plants	YE Youhua, PENG Shaolin (3190)
Advances in Botryosphaeriaceae: identification, phylogeny and molecular ecology	CHENG Yanlin, LIANG Jun, LÜ Quan, et al (3197)
Advances in research on the mechanisms of age-related productivity decline of planted forests	MAO Peili, CAO Banghua, TIAN Wenxia, et al (3208)
The application of tree-ring on forest disturbance history reconstruction	FENG Xiaohui, CHENG Ruimei, XIAO Wenfa, et al (3215)
Research advances on stress responsive WRKY transcription factors in plants	LI Ran, LOU Yonggen (3223)
Scientific Note	
The soil microbial activities and microbial biomass in Sanjiangyuan Alpine grassland	REN Zuohua, ZHANG Yuguang, LI Diqiang, et al (3232)
The differences of water use efficiency (WUE) among three <i>Populus deltoids</i> clones, and the cloning and characterization of related gene, <i>PdERECTA</i>	GUO Peng, XIA Xinli, YIN Weilun (3239)
Arthropod community reestablishment and niche of the main groups in kiwifruit orchards	DU Chao, ZHAO Huiyan, GAO Huanhuan, et al (3246)

2009 年度生物学科总被引频次和影响因子前 10 名期刊★

(源于 2010 年版 CSTPCD 数据库)

排序 Order	期刊 Journal	总被引频次 Total citation	排序 Order	期刊 Journal	影响因子 Impact factor
1	生态学报	11764	1	生态学报	1.812
2	应用生态学报	9430	2	植物生态学报	1.771
3	植物生态学报	4384	3	应用生态学报	1.733
4	西北植物学报	4177	4	生物多样性	1.553
5	生态学杂志	4048	5	生态学杂志	1.396
6	植物生理学通讯	3362	6	西北植物学报	0.986
7	JOURNAL OF INTEGRATIVE PLANT BIOLOGY	3327	7	兽类学报	0.894
8	MOLECULAR PLANT	1788	8	CELL RESEARCH	0.873
9	水生生物学报	1773	9	植物学报	0.841
10	遗传学报	1667	10	植物研究	0.809

★《生态学报》2009 年在核心版的 1964 种科技期刊排序中总被引频次 11764 次,全国排名第 1;影响因子 1.812,全国排名第 14;第 1—9 届连续 9 年入围中国百种杰出学术期刊;中国精品科技期刊

编辑部主任 孔红梅

执行编辑 刘天星 段 靖

生 态 学 报
(SHENGTAI XUEBAO)
(半月刊 1981 年 3 月创刊)
第 31 卷 第 11 期 (2011 年 6 月)

ACTA ECOLOGICA SINICA
(Semimonthly, Started in 1981)
Vol. 31 No. 11 2011

编 辑	《生态学报》编辑部 地址:北京海淀区双清路 18 号 邮政编码:100085 电话:(010)62941099 www.ecologica.cn shengtaixuebao@rcees.ac.cn	Edited by	Editorial board of ACTA ECOLOGICA SINICA Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China Tel:(010)62941099 www.ecologica.cn Shengtaixuebao@rcees.ac.cn
主 编	冯宗炜	Editor-in-chief	FENG Zong-Wei
主 管	中国科学技术协会	Supervised by	China Association for Science and Technology
主 办	中国生态学会 中国科学院生态环境研究中心 地址:北京海淀区双清路 18 号 邮政编码:100085	Sponsored by	Ecological Society of China Research Center for Eco-environmental Sciences, CAS Add:18, Shuangqing Street, Haidian, Beijing 100085, China
出 版	科 学 出 版 社 地址:北京东黄城根北街 16 号 邮政编码:100717	Published by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China
印 刷	北京北林印刷厂	Printed by	Beijing Bei Lin Printing House, Beijing 100083, China
发 行	科 学 出 版 社 地址:东黄城根北街 16 号 邮政编码:100717 电话:(010)64034563 E-mail:journal@cspg.net	Distributed by	Science Press Add:16 Donghuangchenggen North Street, Beijing 100717, China Tel:(010)64034563 E-mail:journal@cspg.net
订 购	全国各地邮局	Domestic	All Local Post Offices in China
国外发行	中国国际图书贸易总公司 地址:北京 399 信箱 邮政编码:100044	Foreign	China International Book Trading Corporation Add:P. O. Box 399 Beijing 100044, China
广告经营 许 可 证	京海工商广字第 8013 号		



ISSN 1000-0933
CN 11-2031/Q

国内外公开发行

国内邮发代号 82-7

国外发行代号 M670

定价 70.00 元