

## 紫娟、云抗 10 号两个茶树品种内生菌多样性研究

汪立群, 颜小梅, 郭小双, 张 冉, 梅 玉, 韦朝领\*

(茶树生物学与资源利用国家重点实验室, 安徽农业大学茶与食品科技学院, 合肥 230036)

**摘 要:** 以分离培养的方法对同一栽培管理水平下种植的 2 个茶树品种紫娟和云抗 10 号内生菌多样性进行了初步分析比较, 获得内生细菌 24 株, 分属 6 个类群, 以 *Herbaspirillum* (50%) 为绝对优势种群, 其次为 *Staphylococcus* (16.7%), *Acinetobacter* (16.7%), *Burkholderia* (8.3%), *Geobacillus* (4.2%) 和 *Microbacterium* (4.2%), 其中 *Acinetobacter* 为紫娟和云抗 10 号共有属, *Microbacterium* 和 *Herbaspirillum* 为紫娟特有属, *Geobacillus*, *Staphylococcus* 和 *Burkholderia* 为云抗 10 号特有属; 分离得到内生真菌 17 株, 分属 7 个类群, 以 *Guignardia* (35.3%) 所占比例最大, 其他依次为 *Alternaria* (17.6%), *Colletotrichum* (17.6%), *Eutypella* (11.8%), *Cladosporium* (5.9%), *Diaporthe* (5.9%) 和 *Phoma* (5.9%), 其中 *Colletotrichum* 为紫娟和云抗 10 号共有属, *Eutypella*, *Diaporthe* 和 *Phoma* 为紫娟特有属, *Cladosporium*, *Guignardia* 和 *Alternaria* 为云抗 10 号特有属; 多样性指数分析表明, 云抗 10 号可培养内生菌的多样性、均匀度、优势度和丰富度均高于紫娟。结果表明, 紫娟和云抗 10 号 2 个茶树品种间可培养内生菌群落组成存在较大差异。

**关键词:** 茶树; 内生菌; 紫娟; 云抗 10 号; 多样性

中图分类号: S571.1

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2016)01-0001-05

### Diversity of endophytic microorganisms Zijuan and Yunkang 10 of *Camellia sinensis*

WANG Liqun, YAN Xiaomei, GUO Xiaoshuang, ZHANG Ran, MEI Yu, WEI Chaoling  
(State Key Laboratory of Tea Plant Biology and Utilization, School of Tea & Food Science and Technology,  
Anhui Agricultural University, Hefei 230036)

**Abstract:** In this study, endophytic microorganisms from Zijuan and Yunkang 10 in the same field were isolated and the diversity was compared. A total of 24 endophytic bacteria belonging to 6 groups were obtained with *Herbaspirillum* being the dominant group (50%), followed by *Staphylococcus* (16.7%), *Acinetobacter* (16.7%), *Burkholderia* (8.3%), *Geobacillus* (4.2%) and *Microbacterium* (4.2%). *Acinetobacter* spp. is a mutual bacterial group of Zijuan and Yunkang 10. *Microbacterium* spp. and *Herbaspirillum* spp. are two unique bacterial groups from Zijuan, while *Geobacillus* spp., *Bacillus* spp., *Staphylococcus* spp. and *Burkholderia* spp. are the unique bacterial groups from Yunkang 10. A total of 17 endophytic fungi belonging to 7 groups were obtained, and the dominant group was *Guignardia* (35.3%), followed by *Alternaria* (17.6%), *Colletotrichum* (17.6%), *Eutypella* (11.8%), *Cladosporium* (5.9%), *Diaporthe* (5.9%) and *Phoma* (5.9%). Of which, *Colletotrichum* spp. is a mutual fungal group of Zijuan and Yunkang 10, *Eutypella* spp., *Diaporthe* spp. and *Phoma* spp. are the unique fungal groups from Zijuan, while *Cladosporium* spp., *Guignardia* spp., *Botryosphaeria* spp. and *Alternaria* spp. are the unique fungal groups from Yunkang 10. Diversity indices (including diversity, evenness, dominance and species richness) indicated that the diversity of cultivable endophytic microorganisms of Yunkang 10 is significantly higher than that of Zijuan. The results showed that the communities of the culture-dependent endophytic microorganisms from Zijuan and Yunkang 10 are quite different from each other.

收稿日期: 2015-09-11

基金项目: 茶树生物学实验室创新能力建设 (13Z03012) 和省级大学生创新基金 (AH201410364005) 项目共同资助。

作者简介: 汪立群, 硕士研究生。E-mail: wangliqun1016@126.com

\* 通信作者: 韦朝领, 博士, 教授, 博士生导师。E-mail: weichl@ahau.edu.cn

**Key words:** *Camellia sinensis*; endophytic microorganisms; Zijuan; Yunkang 10; diversity

植物内生菌是指在其生活史的某个阶段或全部阶段生活于健康植物器官和组织内部, 不引起植物组织明显病害症状的有机体, 也包括菌根菌、营表面生活的腐生菌和潜伏在寄主组织内对其暂时没有伤害的病原菌<sup>[1-3]</sup>。目前研究较多的植物有水稻、番茄、小麦、高粱、玉米、牧草、马铃薯、甜菜、棉花、烟草和甘蔗等, 且主要集中在植物内生菌的分离与鉴定、多样性分析、内生菌与寄主的相互关系以及功能菌筛选及其活性鉴定等方面<sup>[4-9]</sup>。

近年来, 茶树内生菌也越来越受到研究者的关注。已有研究表明, 茶树根、茎、叶等器官均有内生菌存在, 且内生菌数量在不同器官间存在明显差异<sup>[10-11]</sup>; 朱育箐等<sup>[12]</sup>和洪永聪等<sup>[13]</sup>从茶树中分离到枯草芽孢杆菌等菌株, 它们对茶树轮斑病菌和某些病原菌表现出拮抗活性, 且对氯氰菊酯表现出较强的降解能力; 另有研究表明茶树内生菌之间可以体现共生、拮抗和寄生3种不同类型的相互作用关系<sup>[14-16]</sup>; 杨路成<sup>[17]</sup>研究表明同一茶树品种内生真菌多样性在不同生境、不同季节和不同分离部位的种类与多样性均存在明显差异; 陈百文等<sup>[18]</sup>研究了9个茶树品种根、茎、叶中的内生细菌群落组成, 发现不同品种间内生细菌数量有一定差异, 但未达到显著性水平。然而, 不同茶树品种内生菌的多样性差异研究较少, 特别是针对同一栽培管理水平下不同茶树品种间内生菌的多样性差异暂未见报道。

本研究以同一栽培管理水平下的紫娟(*Camellia sinensis* var. *assamica* cv. *Zijuan*)和云抗10号(*Camellia sinensis* var. *assamica* cv. *Yunkang10*)2个茶树品种的叶片为试验材料, 采用微生物和分子生物学手段分离其内生微生物, 并对其多样性进行分析, 进而初步揭示2个叶色差异较大的茶树品种间内生菌的多样性及差异。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

**1.1.1 茶树鲜叶准备** 用于分离内生菌的茶树鲜叶取自2个3年生无性系茶树良种: 紫娟和云抗10号。这2个茶树品种栽植于安徽省舒城县德昌苗木有限公司的同一苗圃, 其栽培管理水平相同。采样时, 分别选取长势一致、无病虫害的植株各15株, 每株取其完全展开的第3叶用于内生菌分离(图1)。

**1.1.2 培养基** 细菌培养基: LB培养基, 配方及配置方法参考《植物内生菌》<sup>[19]</sup>。

真菌培养基: 孟加拉红培养基, 配方及配置方法参考张春英等<sup>[20]</sup>。

放线菌培养基: 高氏一号培养基, 配方及配置方法参考《微生物学实验》<sup>[21]</sup>。

### 1.2 方法

**1.2.1 叶片消毒的有效性检测** 对用于内生菌分离的鲜叶进行表面清洗后, 立即用流水冲洗30 min, 晾干后置于75%乙醇浸泡1 min, 再用0.1%的升汞进行消毒处理, 其中升汞消毒时间设4、6和8 min 3个处理。



(A) 紫娟; (B) 云抗10号

(A) Zijuan; (B) Yunkang 10

图1 两个茶树品种叶片样本

Figure 1 The leaf samples of two tea cultivars

表面消毒结束后, 用无菌水对叶片冲洗4次, 并取最后一次冲洗的无菌水100  $\mu$ L涂板, 同时将新的培养基平板开盖置于无菌超净工作台上, 再将2种处理的平板置于28 $^{\circ}$ C培养箱培养, 培养48 h后无菌落长出的升汞处理的最短表面消毒时间即为最佳时间。

**1.2.2 内生菌的分离、纯化与保存** 内生菌的分离与培养根据王婷等<sup>[22]</sup>方法进行。待平板上长出菌落后, 挑取不同形态的菌落, 通过四区划线法得到纯培养菌株, 转移到相应斜面, 4 $^{\circ}$ C保存备用。

**1.2.3 内生菌的鉴定** (1) 内生菌总DNA的提取。采取改良的CTAB法提取内生菌总DNA, 方法步骤参考文献<sup>[23]</sup>。

(2) 细菌、放线菌16S rDNA序列扩增和真菌ITS序列扩增。以提取的微生物基因组DNA为模板, 内生细菌和内生放线菌采用通用引物27F:

5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3', 1492R: 5'-ACGGTTACCTTGTACGACTT-3'来扩增 16S rDNA 序列, PCR 扩增方法参考文献[24]; 内生真菌采用通用引物 ITS1: 5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3', ITS4: 5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'和李艳玲等方法<sup>[25]</sup>扩增 ITS 区序列。

PCR 产物经 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测, 最后用 DNA 凝胶回收试剂盒回收 PCR 扩增的目的条带, 再连接到 pMD-19T 载体上, 转化 *E. coli* DH5 $\alpha$ 。筛选出的阳性转化子委托上海生工生物技术有限公司测序。

(3) 序列分析、系统发育树的构建。测序结果经过 Primer 软件得到有效序列后, 将序列提交到 GenBank 数据库利用 BLAST 程序 (www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST) 和 EzBioCloud (http://www.ezbiocloud.net) 进行同源序列比对, 同时利用 sequin 软件将所得序列提交到 NCBI, 以获得菌株看家基因序列登录号。选择与目的基因序列同源性最高的有效发表菌株序列作为参照序列, 采用 Clustal\_X 进行序列分析, 通过 MEGA 6 软件的 NJ (Neighbor-Joining) 计算方法构建系统进化树, 系统进化树各分支的置信度经重抽样法 (Bootstrap) 1000 次重复检测, 选择 Kimura\_2 距离为进化距离, 初步确定菌株的分类地位。

(4) 多样性指数分析。多样性指数 ( $H'$ )、均匀度指数 ( $J$ )、优势度指数 ( $D$ ) 和丰富度指数 ( $E$ ) 分别参考文献[26-29]进行计算。

## 2 结果与分析

表 1 紫娟、云抗 10 号内生菌类群比较

Table 1 The comparisons of endophytic microorganisms from fresh leaves of Zijuan and Yunkang 10

菌类 Type of fungus	紫娟 Zijuan		云抗 10 号 Yunkang 10	
	属种 Species	数量 Number	属种 Species	数量 Number
细菌 Bacterium	<i>Acinetobacter</i> sp.	1	<i>Acinetobacter</i> sp.	3
	<i>Microbacterium</i> sp.	1	<i>Geobacillus</i> sp./ <i>Bacillus</i> sp.	1
	<i>Herbaspirillum</i> sp.	12	<i>Staphylococcus</i> sp.	4
真菌 Fungus			<i>Burkholderia</i> sp.	2
	<i>Colletotrichum</i> sp.	1	<i>Colletotrichum</i> sp.	2
	<i>Phoma</i> sp.	1	<i>Alternaria</i> sp.	3
	<i>Diaporthe</i> sp.	1	<i>Cladosporium</i> sp.	1
	<i>Eutypella</i> sp.	2	<i>Guignardia</i> sp.	6

由表 1 可知, 紫娟内生细菌共 14 株分属于 3 个属, 云抗 10 号内生细菌共 10 株分属于 4 个属, 2 个品种的茶叶内生菌只具有 1 个共同属, 其余均不同。

从系统发育树可以看出 (图 2), 24 株细菌可以划分为 6 个类群 (I、II、III、IV、V 和 VI), 以

### 2.1 内生菌的鉴定及其遗传多样性分析

本研究测得细菌和放线菌 16S rDNA 序列长度在 1400~1500 bp, 真菌 ITS 区长度在 550~650 bp。利用 sequin 软件提交到 NCBI 的序列所获得的 GenBank 登录号为 KP742993~KP743033。根据序列比对结果, 分离菌株与数据库比对菌株相似度在 97%~100%, 分析结果如表 1。在此基础上, 将分离的 24 株细菌 (含放线菌)、17 株真菌的看家基因序列与 GenBank 数据库中同源性最近的 18 株细菌和 13 株真菌的参比序列一起共同构建系统发育树进行系统发育学分析, 并以 *Saccharicrinis* 和 *Pisolithus* sp. 分别作为细菌和真菌的外类群 (图 2 和图 3)。

本实验从紫娟叶片中分离得到细菌和真菌分别为 14 株和 5 株, 从云抗 10 号分别得到 10 株和 12 株 (表 1)。多样性分析表明, 2 个茶树品种叶片中内生细菌分属 6 个属: *Acinetobacter* (不动杆菌)、*Geobacillus* (地芽孢杆菌) / *Bacillus* (芽孢杆菌)、*Staphylococcus* (葡萄球菌)、*Burkholderia* (伯克霍尔德菌)、*Microbacterium* (微杆菌) 和 *Herbaspirillum* (草螺菌); 内生真菌分属 7 个属: *Cladosporium* (枝孢菌)、*Guignardia* (球座菌) / *botryosphaeria* (座腔菌)、*Alternaria* (链格孢菌)、*Colletotrichum* (炭疽菌)、*Eutypella* (弯孢聚壳属)、*Diaporthe* (北方大豆茎溃疡病菌) 和 *Phoma* (茎点霉属) (图 2 和图 3)。

*Herbaspirillum* (I 50%) 绝对优势种群, 其次为 *Staphylococcus* (VI, 16.7%)、*Acinetobacter* (III, 16.7%)、*Burkholderia* (II, 8.3%)、*Geobacillus* / *Bacillus* (V, 4.2%) 和 *Microbacterium* (IV, 4.2%), 其中 *Acinetobacter* 为紫娟和云抗 10 号所共有, 且

在云抗 10 号中数量更为丰富。*Herbaspirillum* 为紫娟优势菌, 占紫娟内生细菌的 85.7%; *Staphylococcus* 为云抗 10 号优势菌, 占云抗 10 号内生细菌的 40%。且 I、IV 均为紫娟内生细菌; II、V、VI 均为云抗 10 号所有; 而 III 中二者均有。研究结果初步说明, 紫娟和云抗 10 号品种间内生细菌种群多样性不一致, 且有明显差异。

由表 1 可知, 紫娟内生真菌共 5 株分属于 4 个种群(属), 云抗 10 号内生真菌共 12 株分属于 4 个种群(属), 其中一个属为共有属, 其余均不同。

从系统发育树可以看出(图 3), 17 株真菌可以划分为 7 个类群(I、II、III、IV、V、VI 和 VII), 以 *Guignardia/Botryosphaeria* (I, 35.3%) 所占比例最大, 其它依次为 *Alternaria* (VII, 17.6%)、*Colletotrichum* (II, 17.6%)、*Eutypella* (III, 11.8%)、*Cladosporium* (V, 5.9%)、*Diaporthe* (IV, 5.9%) 和 *Phoma* (VI, 5.9%)。其中 *Colletotrichum* 为紫娟和云抗 10 号共有, 且在云抗 10 号中更为丰富。紫

图 2 紫娟、云抗 10 号内生细菌系统发育分析

Figure 2 Phylogenetic analysis of endophytic bacteria from Zijuan and Yunkang 10

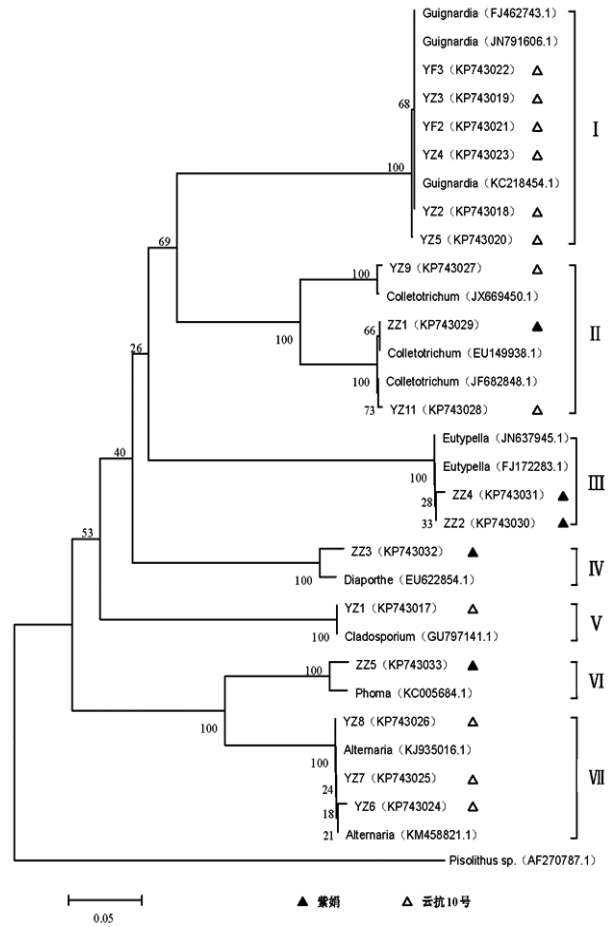


图 3 紫娟、云抗 10 号内生真菌系统发育分析

Figure 3 Phylogenetic analysis of endophytic fungi from Zijuan and Yunkang 10

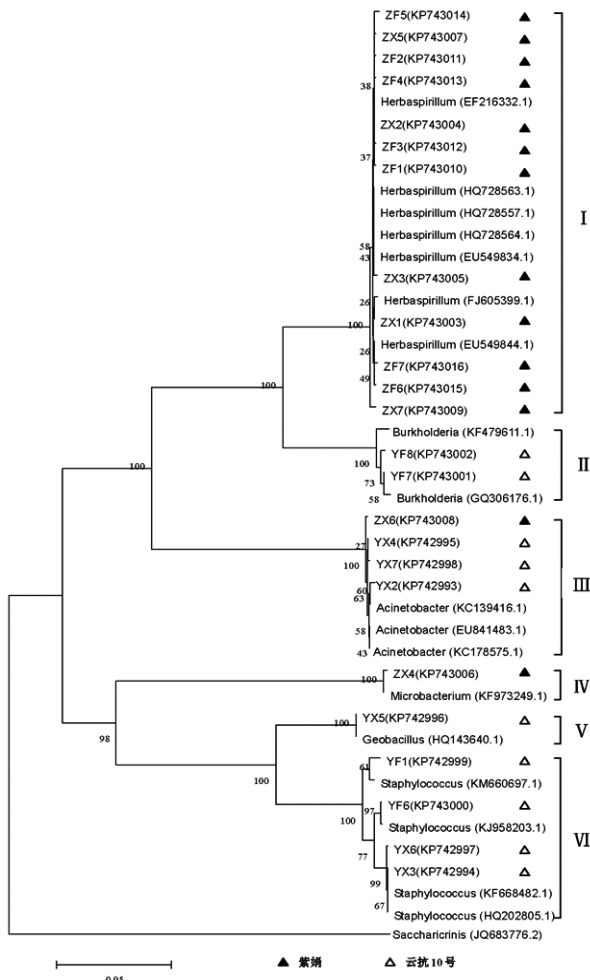


表 2 紫娟、云抗 10 号内生菌的多样性指标的比较

Table 2 The comparisons of diversity indexes of endophytic microorganisms from fresh leaves of Zijuan and

茶树品种	多样性指标	细菌	真菌
Tea cultivar	Diversity index	Bacteria	Fungus
Yunkang 10			

紫娟	多样性指数 ( $H'$ )	0.5092	1.3321
Zijuan	均匀度指数 ( $J$ )	0.4635	0.9609
	优势度指数 ( $D$ )	0.2552	0.7200
	丰富度指数 ( $E$ )	2.6211	3.3787
云抗 10 号	多样性指数 ( $H'$ )	1.2797	1.1987
Yunkang 10	均匀度指数 ( $J$ )	0.9231	0.8647
	优势度指数 ( $D$ )	0.7000	0.6528
	丰富度指数 ( $E$ )	3.5657	3.5976

娟无明显优势菌; *Guignardia/botryosphaeria* 为云抗 10 号优势菌, 占云抗 10 号内生真菌的 50%。且 III、IV、VI 均为紫娟内生真菌; I、V、VII 均为云抗 10 号所有; 而 II 二者均有。这初步说明紫娟和云抗 10 号品种间内生真菌种群多样性同样存在较明显差异。

## 2.2 内生菌种类多样性分析

两个茶树品种内生菌多样性分析结果表明, 云抗 10 号内生细菌的多样性指数 ( $H'$ )、均匀度指数 ( $J$ )、优势度指数 ( $D$ ) 和丰富度指数 ( $E$ ) 均明显大于紫娟, 且分别为后者的 2.51、1.99、2.74 和 1.36 倍; 云抗 10 号内生真菌除  $E$  值略大于紫娟 (约为后者的 1.06 倍),  $H'$ 、 $J$  和  $D$  值则均略小于紫娟, 且分别为后者的 0.90、0.90 和 0.90 倍 (表 2)。因此, 总的来看, 云抗 10 号内生菌的种类多样性高于紫娟。

## 3 讨论

本研究对同一栽培管理下种植的茶树紫娟和云抗 10 号内生菌进行了分离鉴定和多样性差异比较。在内生菌分离培养时, 叶面消毒是其关键因素。在借鉴已有文献报导的植物内生菌分离方法的基础上, 结合茶树叶片组织结构和致密度, 进行了表面消毒预实验, 确定升汞处理 6 min 为最佳, 这样既不至于灭菌不彻底而扩大内生菌的多样性, 又不会灭菌过重导致杀死部分内生菌。

从研究的结果来看, 本研究共分离得到紫娟内生菌 7 个种群、云抗 10 号内生菌 8 个种群, 这与季爱兵<sup>[30]</sup>对普洱茶叶片中内生菌分离结果有一定差异, 季爱兵分离得到紫娟内生菌 8 个种群, 云抗 10 号内生菌 10 个种群, 除 *Cladosporium*、*Herbaspirillum* 和 *Geobacillus/Bacillus* 相同外, 其余种类均不同, 因此以上 4 个在不同栽培条件下的种群内生菌应该是两个茶树品种的特有种群。另外, 虽然两个研究的材料均为紫娟和云抗 10 号茶树品种, 但安徽省和云南省的生态环境不同, 叶片采摘的季节、叶片的成熟度以及分离培养方法均有一定差异, 这些也可能是导致分离微生物种群差异的重要原因。

从同一栽培环境下种植的紫娟和云抗 10 号茶树中分离到的 6 个不同属的内生细菌中, 只有 1 个属是共有的; 7 个不同属的内生真菌中, 也只有 1 个属是共有的, 初步说明紫娟和云抗 10 号品种间内生菌种群存在较大差异, 本研究结果与季爱兵研究结果类似。内生菌多样性结果显示, 云抗 10 号内生菌的多样性、均匀度、优势度和丰富度均高于紫娟。

花青素具有抗氧化、清除自由基和抗突变等功能<sup>[31]</sup>, 且有研究表明, 巴西莓 (*Euterpe oleracea*) 采收后随着花青素含量的降低, 其果实表面的微生物生长量随其增加<sup>[32]</sup>, 提示花青素对微生物的生长有抑制作用。而本研究的实验材料紫娟由于其品种特异性, 其花青素含量明显高于云抗 10 号, 而其内生菌的多样性低于后者, 那么, 两个品种间花青素含量的差异是否导致其内生菌差异的主要原因, 是一个值得进一步探讨的科学问题。

致谢: 茶树生物学与资源利用国家重点实验室的杨云秋博士在内生菌分离方法上给予了指导; 本实验室的刘洪伟同学在试验中给予了大量帮助; 茶与食品科技学院的周育教授在论文修改与完善过程中给予了悉心指导, 在此一并表示最诚挚的谢意!

## 参考文献:

- [1] PETRINI O. Fungal endophytes of tree leaves[M]// ANDREWS J H, HIRANO S S. Microbial ecology of leaves. New York: Springer Verlag, 1991: 179-197.
- [2] WILSON D. Endophyte: the evolution of a term, and clarification of its use and definition [J]. Oikos, 1995, 73(2): 274-276.
- [3] 刘蕴哲, 何劲, 张杰, 等. 植物内生真菌及其活性代谢产物研究进展[J]. 菌物研究, 2005, 3(4): 30-36.
- [4] ANDREWS J H. Biological control in the phyllosphere[J]. Annual Review of Phytopathology, 1992, 30(1): 603-635.
- [5] 胡桂萍, 郑雪芳, 尤民生, 等. 植物内生菌的研究进展[J]. 福建农业学报, 2010, 25(2): 226-234.
- [6] 文才艺, 吴元华, 田秀玲. 植物内生菌研究进展及其存在的问题[J]. 生态学杂志, 2004, 23(2): 86-91.
- [7] 张敏, 沈德龙, 饶小莉, 等. 甘草内生细菌多样性研究[J]. 微生物学通报, 2008, 35(4): 524-528.
- [8] 胡桂萍. 水稻内生菌及其根系土壤微生物群落多样性的研究[D]. 福州: 福建农林大学, 2010.
- [9] 冯杭, 段炉钦, 杨利平, 等. 不同青枯病抗性的番茄品种内生细菌生理群数量研究[J]. 微生物学通报, 2008, 35(8): 1255-1261.
- [10] 游见明. 茶树中内生菌的动态分布[J]. 广西植物, 2008(1): 82-85.
- [11] 张婉婷, 张灵枝. 茶树内生真菌的分离和鉴定研究进展[J]. 中国茶叶, 2011(6): 6-9.
- [12] 朱育菁, 陈璐, 蓝江林, 等. 茶叶内生菌的分离鉴定及其生防功能初探[J]. 福建农林大学学报(自然科学版), 2009, 38(2): 129-134.

- [13] 洪永聪, 辛伟, 来玉宾, 等. 茶树内生防病和农药降解菌的分离[J]. 茶叶科学, 2005(3): 183-188.
- [14] 谢丽华. 茶树内生真菌的分离, 相互作用关系及菌株抗菌活性成分的初步研究[D]. 福州: 福建师范大学, 2007.
- [15] 武汉琴. 茶树内生真菌与宿主植物相互作用的初步研究[D]. 福州: 福建师范大学, 2009.
- [16] 戴清良. 茶树内生真菌的相互作用、内生性及抗菌活性研究[D]. 福州: 福建师范大学, 2008.
- [17] 杨路成. 不同季节不同生境下茶树内生真菌的多样性分析[D]. 南京: 南京农业大学, 2011.
- [18] 陈百文, 郑晓彦, 叶乃兴, 等. 茶树内生细菌的分布规律初探[J]. 福建茶叶, 2008(1): 27-29.
- [19] 黄贵修, 刘先宝. 植物内生菌[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2012: 3.
- [20] 张春英, 尹丽娟, 王胤, 等. 一种简捷的分离杜鹃花类菌根真菌的方法[J]. 生物技术, 2008, 17(6): 28-32.
- [21] 赵斌, 何绍江. 微生物学实验[M]. 北京: 科学出版社, 2002: 8.
- [22] 王婷, 杨升, 陈亚雪, 等. 两株茶树内生草螺菌的微生物学特性[J]. 微生物学报, 2014, 54(4): 424-432.
- [23] 李涛, 王鹏, 汪品先. 南海西沙海槽沉积物细菌多样性初步研究[J]. 地球科学进展, 2006, 21(10): 1058-1062.
- [24] DU Z, ZHANG W, XIA H, et al. Isolation and diversity analysis of heterotrophic bacteria associated with sea anemones[J]. *Acta Oceanologica Sinica*, 2010, 29(2): 62-69.
- [25] 李艳玲, 王德才, 史仁玖, 等. 泰山黄精内生真菌的分离鉴定及抑菌活性研究[J]. 中草药, 2013, 44(11): 1490-1494.
- [26] CEA S. A Mathematical theory of communication [J]. *Bell System Technical Journal*, 1948, 27(3): 379-423.
- [27] PIELOU E C. An introduction to mathematical ecology[J]. *American Economist*, 1969, 78(1): 7-12.
- [28] SIMPSON E H. Measurement of diversity [J]. *Nature*, 1949, 163: 868.
- [29] MENHINICK E F. A comparison of some species- individuals diversity indices applied to samples of field insects[J]. *Ecology*, 1964 (4): 859-861.
- [30] 季爱兵. 普洱茶叶片中内生菌的鉴定[D]. 长春: 吉林大学, 2013.
- [31] 梅菊芬, 徐德良, 汤茶琴, 等. 茶树花青素及其种质资源的研究和利用进展[J]. 热带农业工程, 2013, 37(1): 42-46.
- [32] ROGEZ H, AKWIE S N L T, MOURA F G, et al. Kinetic modeling of anthocyanin degradation and microorganism growth during postharvest storage of Acai fruits[J]. *Journal of Food Science*, 2012, 77(12): 1300-1306.