

大田条件下外源 AM 真菌对柑橘园 土著 AM 真菌群落的影响

顾振红¹, 谢小林¹, 高俊岭¹, 陈杰忠¹, 朱红惠², 姚青^{1,2}

(1 华南农业大学 园艺学院, 广东 广州 510642; 2 广东省微生物研究所, 广东 广州 510070)

摘要:利用 PCR-DGGE 技术研究了在大田条件下红江橙 *Citrus sinensis* Osbeck ‘Hongjiangcheng’ 根系接种外源丛枝菌根 (AM) 真菌 *Glomus intraradices* 对柑橘园土著 AM 真菌群落的影响. 结果表明:接种处理对柑橘根系侵染率没有影响;根系中 AM 真菌的多样性指数和物种丰度没有变化,但是根际土壤中 AM 真菌的该 2 个指标有下降的趋势;接种处理改变了土著 AM 真菌的群落结构. 研究表明,大田条件下长期使用外源 AM 真菌可能会降低土著 AM 真菌的多样性,改变其群落结构.

关键词:红江橙; AM 真菌; 群落结构; 多样性; 物种丰度

中图分类号:S154.39;S666

文献标识码:A

文章编号:1001-411X(2011)02-0062-05

Influence of the Exogenous AM Fungus on the Indigenous AM Fungal Community in Citrus Orchard in Field Conditions

GU Zhen-hong¹, XIE Xiao-ling¹, GAO Jun-ling¹, CHEN Jie-zhong¹, ZHU Hong-hui², YAO Qing^{1,2}

(1 College of Horticulture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China;

2 Guangdong Institute of Microbiology, Guangzhou 510070, China)

Abstract: Influence of inoculation of citrus (*Citrus sinensis* Osbeck ‘Hongjiangcheng’) roots with exogenous arbuscular mycorrhizal (AM) fungus, *Glomus intraradices*, in field conditions was investigated using PCR-DGGE. Results showed that the inoculation did not affect the root colonization of citrus plants. The diversity index and species richness of AM fungi in roots did not change, while the two parameters of AM fungi in the rhizospheric soil tended to decrease. Additionally, DGGE profile indicated that the inoculation altered the community structure of indigenous AM fungi. This study suggests that the long-term application of exogenous AM fungi in fields probably decreases the diversity of the indigenous AM fungi and changes the fungal community structure.

Key words: *Citrus sinensis* Osbeck ‘Hongjiangcheng’; AM fungi; community structure; diversity; species richness

丛枝菌根 (Arbuscular mycorrhizae, AM) 真菌是一类广泛存在于各种陆地生态系统的土壤真菌,能够与 80% 以上的植物根系建立共生关系^[1]. 在共生体系中,AM 真菌从宿主植物获得碳水化合物,同时通过促进宿主根系的养分吸收来促进宿主植物的生长^[1]. 这种互利互惠的共生关系在 4 亿年前就已经建立^[2]. 到目前为止,大量研究表明 AM 真菌不仅能

够促进根系的养分吸收,而且提高宿主植物对病害、干旱、盐碱、重金属等多种胁迫的抗性^[3-6],进而在多个层面上影响植物的生态过程^[7].

在果树栽培体系中,利用 AM 真菌促进树体生长已经得到广泛的研究. 研究证实,接种 AM 真菌能够促进香蕉、荔枝、柑橘、枣、苹果等树种的养分吸收^[8-12];能够提高柑橘对水分胁迫的抗性^[13];甚至能

收稿日期:2010-05-13

作者简介:顾振红(1986—),女,硕士研究生;通信作者:姚青(1970—),男,教授,E-mail:yaoqsc@scau.edu.cn

基金项目:教育部留学回国人员科研启动基金([2006]331);国家自然科学基金(30870458)

够改善柑橘果实的果品色泽和内在品质^[14]。不仅如此,接种 AM 真菌还可能对自然生草果园中草的群落结构产生影响^[7],维持较高的多样性。这些研究结果表明,AM 真菌在果园生态系统中可能具有诱人的应用前景,被认为是潜在的“生物肥料”和“生物农药”^[15]。事实上,果园土壤本身也存在丰富的 AM 真菌资源^[16],即土著 AM 真菌。相对于那些被深入研究、得到广泛应用的外源 AM 真菌菌株而言,这些土著 AM 真菌的功能还没有被充分认识,有待于进一步发掘。因此,在农业生产过程中如何对土著 AM 真菌资源进行原位保护显得尤为重要。前人的研究结果表明,许多农业措施能对土壤中 AM 真菌的群落结构产生不利影响,比如农药的使用、过量施肥、频繁的土壤耕作、非菌根植物的栽培等^[17-20],这些农业措施不利于土著 AM 真菌资源的保护。在利用 AM 真菌的过程中,接种外源 AM 真菌对土著 AM 真菌群落结构影响的相关研究很少,大田条件下的研究更为缺乏。因此,本研究以柑橘园为研究环境,探讨接种外源 AM 真菌对土著 AM 真菌群落结构的影响,为果园生态系统中 AM 真菌的利用和土著 AM 真菌资源的保护提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验地点为增城市镇龙镇一个排水良好的柑橘园,栽培品种为红橘(*Citrus tangerine* Hort ex Tanaka)砧红江橙(*C. sinensis* Osbeck ‘Hongjiangcheng’),果园土壤为赤红壤,其基本理化性状:pH 4.5,有机质质量分数为 1.69%,铵态氮 253.9 mg·kg⁻¹,硝态氮 31.9 mg·kg⁻¹,磷 119.0 mg·kg⁻¹,钾 65.7 mg/kg,钙 440.8 mg·kg⁻¹,镁 34.2 mg·kg⁻¹。试验用的外源 AM 真菌为 *Glomus intraradices*,菌剂由华南农业大学果树栽培实验室以三叶草为宿主扩繁所得;土著菌种为果园土壤中的 AM 真菌群落,根据孢子形态特征鉴定出 10 个菌种^[21]。

1.2 试验设计

由于果园土壤的理化性状和生物学性状通常存在不均一性,为保证不同重复之间的一致,试验中采用 PVC 管原位接种外源 AM 真菌的手段。在果园中随机选择 6 株生长势一致的植株,在行内的树干两边、树冠下方滴水线处挖 2 个长 50 cm、宽 20 cm、深 20 cm 的沟,所有挖出的土壤混合均匀后分成 2 份,其中一份按照 w 为 20% 的比例接种菌剂。在每个植株的沟中埋入 2 个高 30 cm、直径 11 cm 的 PVC 管,一个管内装有未接种菌剂的土壤,另一个管内装有

接种菌剂的土壤,每管的装土量约 2.5 kg。每管的管壁平均钻 30 个直径约 0.5 cm 的孔,以便管内外土壤水分的平衡;PVC 管两端用薄膜封住后,其中一端插入一个直径约 0.5 cm 的根系,使得根系在管内生长。为了促进根系在管内生长,先将根系剪断,断口处浸入质量浓度为 1 000 mg·L⁻¹ 的吲哚丁酸(IBA) 30 s 后,插入管内。

1.3 方法与测定

试验处理 6 个月后取样进行测定。每个 PVC 管内的根系和根际土壤取出,同时收集管外的根系和根际土壤,装入自封袋中带回实验室。部分根系用于测定菌根侵染率,部分根系和根际土壤用于提取总 DNA,进行 PCR-DGGE。

1.3.1 菌根侵染率测定 根系用自来水洗净后,剪成 2 cm 左右的根段,用曲利苯蓝按照 Phillips 等^[22]的方法进行染色,在显微镜下观察菌根侵染情况,并测定菌根侵染率。每处理 6 个重复。

1.3.2 PCR-DGGE 与计算 每处理的 6 个重复中随机选择 3 个进行 PCR-DGGE。根系总 DNA 的提取采用 CTAB 法^[23-24];土壤总 DNA 的提取按照龙良鲲等^[25]和孙晓棠等^[26]的方法进行,提取的 DNA 用纯化试剂盒 Wizard DNA Clean-up system 进行纯化。为了尽可能扩增出根系和土壤中所有 AM 真菌的 DNA 片段,以纯化的 DNA 为模板进行巢式 PCR^[25],扩增引物参照龙良鲲等^[25](表 1)。第 1 次扩增引物为 GeoA2 和 Geo11,同时提取未侵染三叶草的根的 DNA 扩增作为对照;以第 1 次 PCR 产物作模板(稀释 100 倍)进行第 2 次扩增,所用引物为 NS31-GC 和 AM1;以第 2 次 PCR 产物(稀释 50 或 100 倍)为模板进行第 3 次扩增,所用引物为 NS31-GC 和 Glol。巢式 PCR 的最终产物用于 DGGE,具体方法参照龙良鲲等^[25]。

表 1 试验中采用的巢氏 PCR 引物¹⁾

Tab. 1 Primers for nested PCR used in the experiment

引物	序列
GeoA2	5' CCAGTAGTCATATGCTTGTCTC 3'
Geo11	5' ACCTTGTTACGACTTTTACTTCC 3'
AM1	5' GTTTCCTCGTAAGGCGCCGAA 3'
NS31-GC	5' TTGGAGGGCAAGTCTGCTGCC 3'
Glol	5' GCCTGCTTTAAACACTCTA 3'

1) 引物 GeoA2 和 Geo11 扩增出来的片段长度约 1.8 kb,引物 AM1 和 NS31-GC 扩增出来的片段长度约 0.55 kb,引物 Glol 和 NS31-GC 扩增出来的片段长度约 0.23 kb。NS31-GC 的 5' 端接 5' - CGCCCGGGGGCGG CCCC GGGCGGGCGGGGACGGGGG 3' 序列。

用 Sorenson 配对比较相似性系数(Pairwise similarity coefficient, C_s) 比较不同处理的 DGGE 指纹图

谱的相似性^[26]. $C_s = 2j/(a + b)$, 其中 a, b 表示 2 个比较对象中的 DNA 条带数目, j 表示 a 和 b 中相同的条带数目. 用多样性指数 (H) 和物种丰度 (S)^[27] 来比较各个样品的细菌多样性. 用 UVIBand 分析软件进行聚类分析.

2 结果与分析

2.1 菌根侵染率

表 2 的数据表明, 无论 PVC 管内土壤是否接种外源 AM 真菌, 管外柑橘根系的菌根侵染率 (59.0%) 都显著地高于管内柑橘根系的侵染率 (36.4%); 管内接种外源 AM 真菌的柑橘根系侵染率 (30.2%) 与未接种的柑橘根系侵染率 (36.4%) 之间没有显著差异. 这个结果说明接种外源 AM 真菌不影响柑橘根系的侵染, 但是 PVC 管的使用抑制了 AM 真菌对根系的侵染.

表 2 不同处理中柑橘根系的侵染率及 AM 真菌多样性和物种丰度¹⁾

Tab. 2 Root colonization of citrus plants, the biodiversity index and species richness of AM fungi in different treatment

部位	处理	侵染率/%	多样性指数	物种丰度
根系	管外	59.0 ± 7.0a	1.93b	9.0b
	管内	36.4 ± 5.5b	2.07 ± 0.11ab	10.3 ± 0.3ab
	管内 + 接种	30.2 ± 5.0b	2.10 ± 0.03ab	10.3 ± 0.3ab
根际土壤	管外		2.25ab	11.0ab
	管内		2.32 ± 0.11a	12.0 ± 1.2a
	管内 + 接种		2.12 ± 0.06ab	9.7 ± 0.7ab

1) 表中数据为平均值 ± 标准误, 同列数据后凡具有一个相同字母, 表示差异不显著 (LSD 法, $P=5\%$).

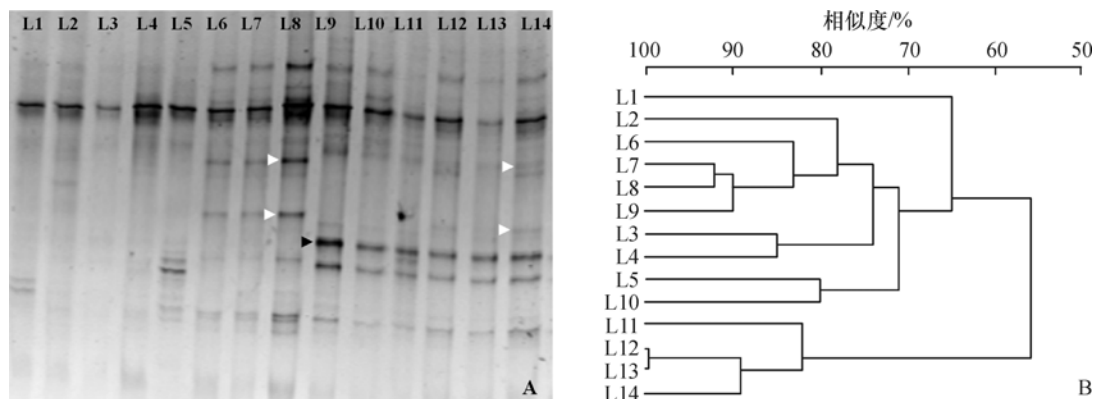
2.2 AM 真菌 PCR-DGEE 及聚类分析

根据 DGGE 图谱 (图 1A) 可以看出, 接种外源 AM 真菌的样品 (L9 ~ L14) 中有 1 条带很明显 (图 1A 中的黑色箭头), 而未接种的样品 (L3 ~ L8) 中该条带很弱, 甚至难以察觉. 相反, 未接种外源 AM 真菌的样品中, 部分较明显条带在接种的样品中也很弱. 以未接种外源 AM 真菌的管内根际土壤样品 L8 为例, 存在 2 条非常明显的带 (图 1A 中的白色箭头), 但是在相对应的接种 AM 真菌的样品 L14 中很弱. 这些结果表明, 接种外源 AM 真菌对土著 AM 真菌的群落结构产生了一定的影响.

聚类分析结果表明, 除了接种外源 AM 真菌的根系样品聚类结果不理想外, 其他样品的 3 个重复都很好地聚类在一起 (图 1B). 总体上, 未接种外源 AM 真菌的样品 (L3 ~ L8) 和接种的根系样品 (L9 ~ L11) 聚在一起, 而接种的根际土壤样品 (L12 ~ L14) 单独聚成一类.

2.3 AM 真菌的多样性指数和物种丰度

表 2 的数据表明, 不同处理样品中 AM 真菌群落的多样性指数和物种丰度存在一定的差异. 在未接种外源 AM 真菌的处理中, 管内的根际土壤中 AM 真菌群落的多样性指数和物种丰度都显著高于管外的根系中 AM 真菌群落的相应值. 但是, 分析接种措施对 AM 真菌群落的影响时, 发现接种处理的根际土壤中 AM 真菌群落的多样性和物种丰度虽然有所降低, 但是差异未达到显著水平 (表 2). 这个结果表明, 在 6 个月的试验期内, 接种外源 AM 真菌对果园土壤中 AM 真菌群落多样性尚未产生明显的影响.



L1: 管外的根系; L2: 管外的根际土壤; L3 ~ L5: 管内的根系; L6 ~ L8: 管内的根际土壤; L9 ~ L11: 管内 + 接种的根系; L12 ~ L14: 管内 + 接种的根际土壤

图 1 不同处理中根系和根际土壤的 AM 真菌 DGGE 图谱 (A) 及其聚类分析 (B)

Fig. 1 The DGGE profile (A) of AM fungi in roots and rhizospheric soils and their cluster analysis (B) in different treatments

3 讨论

AM 真菌是一类土壤共生真菌, 在农业生产体系

(尤其是园艺作物) 中有很好的应用前景. 目前, 国际上许多国家和地区已经开发出应用于不同作物的 AM 真菌生物肥料^[28]. 在农业土壤中, 这些外源 AM

真菌生物肥料的施用会对土著 AM 真菌群落产生怎样的影响,目前还知之甚少. 本试验的结果表明,在短期(6个月)内,接种外源 AM 真菌对土壤中 AM 真菌群落的多样性和物种丰度不会产生明显的影响,但是有下降的趋势;此外,AM 真菌的群落结构可能会产生变化.

本试验中发现,在 PVC 管内接种外源 AM 真菌虽然没有显著影响根系侵染率,但是管内的根系侵染率显著低于管外的根系侵染率. 这很可能是因为管内的通气性较差导致的,因为 AM 真菌是好气性真菌^[1]. 前人的研究指出,渍水、土壤板结等不利于土壤通气的因子都能降低 AM 真菌对根系的侵染^[29-30].

在6个月试验期内,虽然 AM 真菌群落的多样性和物种丰度没有明显受到接种外源 AM 真菌的影响,但是从 DGGE 图谱可以发现 AM 真菌的群落结构产生变化. 首先,接种的外源 AM 真菌 *G. intraradice* 可能成为优势种之一,接种处理的 DGGE 图谱中出现的非常强的带极有可能是它;其次,部分优势土著菌种的种群数量可能因为 *G. intraradice* 的竞争而明显减少. 这种群落结构的变化尽管在多样性指数上反映不出来,但是不利于土著 AM 真菌资源的保持. 值得注意的是,接种外源 AM 真菌有降低 AM 真菌群落的多样性和物种丰度的趋势,可以推测,土壤中 AM 真菌群落的多样性和物种丰度极有可能随着时间的延长而明显减低. 因此,在积极利用外源 AM 真菌的同时如何有效地保护土著 AM 真菌资源是一个值得深入探讨的课题. 事实上,本试验中外源 AM 真菌对土著 AM 真菌群落的影响是在有限的管内空间发生的,管内植物根系的多样性程度极低,只有柑橘的根系,相当于果园清耕,这可能是外源 AM 真菌影响土著 AM 真菌群落结构的原因之一. 研究指出,较高的植物多样性可以促进 AM 真菌的多样性^[31-32]. 因此,通过果园自然生草来提高果园中植物的多样性,可能会减轻接种外源 AM 真菌对土著 AM 真菌群落的不利影响.

本试验利用 DGGE 技术对土壤中 AM 真菌的群落结构进行了评价,相比于基于 AM 真菌孢子形态的技术具有快速、简化的优势^[25],但是仍然表现出一定的局限性:只知道群落结构产生变化,而不知道哪些菌种的种群数量产生变化,更不知道这些产生变化的菌种促生功能如何,以及这些变化对群落整体的功能有怎样的影响. 相反,基于孢子形态的 AM 真菌群落结构分析技术可以及时地分离相关菌种,并对其功能进行评价. 显然,在 AM 真菌群落生态研究

中,现代的基于 DNA 的分子生态技术与传统的基于孢子形态的分析技术有必要紧密结合、互为补充.

参考文献:

- [1] SMITH S E, READ D J. Mycorrhizal Symbiosis[M]. London: Academic Press, 2008.
- [2] REMY W, TAYLOR T, HASS H, et al. Four hundred-million-year-old vesicular arbuscular mycorrhizae[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1994, 91: 11841-11843.
- [3] WEHNER J, ANTUNES P M, POWELL J R, et al. Plant pathogen protection by arbuscular mycorrhizas: A role for fungal diversity[J]. Pedobiol, 2010, 53(3): 197-201.
- [4] BOROWICZ V A. The impact of arbuscular mycorrhizal fungi on strawberry tolerance to root damage and drought stress[J]. Pedobiol, 2010, 53(4): 265-270.
- [5] EVELIN H, KAPOOR R, GIRI B. Arbuscular mycorrhizal fungi in alleviation of salt stress: A review[J]. Ann Bot, 2009, 104(7): 1263-1280.
- [6] GÖHRE V, PASZKOWSKI U. Contribution of the arbuscular mycorrhizal symbiosis to heavy metal phytoremediation[J]. Planta, 2006, 223: 1115-1122.
- [7] YAO Qing, ZHU Hong-hui, HU You-li, et al. Differential influence of native and introduced arbuscular mycorrhizal fungi on growth of dominant and subordinate plants[J]. Plant Ecol, 2008, 196: 261-268.
- [8] 姚青, 朱红惠, 羊宋贞. 丛枝菌根真菌对香蕉试管苗植株生长和矿质营养吸收的影响[J]. 果树学报, 2004, 21(5): 425-428.
- [9] YAO Qing, ZHU Hong-hui, CHEN Jie-zhong. Growth responses and endogenous IAA and iPAs changes of litchi (*Litchi chinensis* Sonn.) seedlings induced by arbuscular mycorrhizal fungal inoculation[J]. Sci Hort, 2005, 105(1): 145-151.
- [10] YAO Qing, LIN Feng-xiang, ZHU Hong-hui, et al. Responses of citrus seedlings and a leguminous herb, *Stylosanthes gracilis*, to arbuscular mycorrhizal fungal inoculation[J]. Acta Hort, 2008, 773: 63-67.
- [11] 申连英, 毛永民, 鹿金颖, 等. 丛枝菌根对酸枣实生苗耐盐性的影响[J]. 土壤学报, 2004, 41(3): 426-433.
- [12] 王春梅, 谷文祥. VA 菌根对苹果苗生长及矿质营养的影响(综述)[J]. 河北职业技术师范学院学报, 1999, 13(1): 68-72.
- [13] WU Qiang-sheng, XIA Ren-xue. Arbuscular mycorrhizal fungi influence growth, osmotic adjustment and photosynthesis of citrus under well-watered and water stress conditions[J]. J Plant Physiol, 2006, 163(4): 417-425.
- [14] 姚青, 李道高, 石井孝昭, 等. VA 菌根菌与磷的互作关系及其对柑橘果实着色的影响[J]. 西南农业大学学报, 1997, 19(3): 231-234.
- [15] AZCÓN-AGUILAR C, BAREA J M. Applying mycorrhiza

- biotechnology to horticulture: significance and potentials [J]. *Sci Hort*, 1997, 68(1-4): 1-24.
- [16] 姜国金, 许兰珍, 杨晓红, 等. 泸州荔枝果园 AM 真菌菌根及孢子数量调查与分析[J]. *安徽农业科学*, 2007, 35(22): 6701-6702.
- [17] MURILLO-WILLIAMS A, PEDERSEN P. Arbuscular mycorrhizal colonization response to three seed-applied fungicides[J]. *Agron J*, 2008, 100: 795-800.
- [18] JACKSON L E, MILLER D, SMITH S E. Arbuscular mycorrhizal colonization and growth of wild and cultivated lettuce in response to nitrogen and phosphorus[J]. *Sci Hort*, 2002, 94: 205-218.
- [19] CASTILLO C G, RUBIO R, ROUANET J L, et al. Early effects of tillage and crop rotation on arbuscular mycorrhizal fungal propagules in an Ultisol[J]. *Biol Fertil Soils*, 2006, 43(1): 83-92.
- [20] SORENSEN J N, LARSEN J, JAKOBSEN I. Mycorrhiza formation and nutrient concentration in leeks (*Allium porrum*) in relation to previous crop and cover crop management on high P soils[J]. *Plant Soil*, 2005, 273: 101-114.
- [21] 高俊岭. 果园土壤中 AM 真菌的群落结构及植物间作的影响[D]. 广州: 华南农业大学园艺学院, 2008.
- [22] PHILLIPS J M, HAYMAN D S. Improved procedures for clearing and staining parasitic and vesicular arbuscular mycorrhizal fungi for rapid assessment of infection[J]. *Trans Brit Mycol Soc*, 1970, 55: 158-160.
- [23] 刘小勇, 田素忠, 秦国夫, 等. 提取植物和微生物 DNA 的 SDS-CTAB 改进法[J]. *北京林业大学学报*, 1997, 19(3): 100-103.
- [24] 彭源东, 柯丹兵, 张忠泽. *Frankia* 基因组的 DNA 提取及其 PCR 带型[J]. *微生物学杂志*, 1997, 17(3): 1-5.
- [25] 龙良鲲, 羊宋贞, 姚青, 等. AM 真菌 DNA 的提取 PCR-DGG 分析[J]. *菌物学报*, 2005, 24(4): 564-569.
- [26] 孙晓棠, 姚青, 刘琼光, 等. 利用 DGGE 评价不同培养基回收番茄根际细菌类群的能力[J]. *微生物学报*, 2006, 46(3): 482-486.
- [27] ANDREONI V, CAVALCA L, RAO M A, et al. Bacterial communities and enzyme activities of PAHs polluted soils[J]. *Chemosphere*, 2004, 57: 401-412.
- [28] GIANINAZZI S, VOSÁTKA M. Inoculum of arbuscular mycorrhizal fungi for production systems: science meets business[J]. *Can J Bot*, 2004, 82: 1264-1271.
- [29] MILLER S P. Arbuscular mycorrhizal colonization of semi-aquatic grasses along a wide hydrologic gradient[J]. *New Phytol*, 2000, 145: 145-155.
- [30] NADIAN H, SMITH S E, ALSTON A M, et al. Effects of soil compaction on phosphorus uptake and growth of *Trifolium subterraneum* colonized by four species of vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi[J]. *New Phytol*, 1998, 140(1): 155-165.
- [31] ALGUACIL M M, ROLDAN A, TORRES M P. Complexity of semiarid gypsophilous shrub communities mediates the AMF biodiversity at the plant species level[J]. *Microb Ecol*, 2009, 57: 718-727.
- [32] 姚青, 王连润, 王燕, 等. 不同草种对土著 AM 真菌的生长和群落结构的影响[J]. *草业学报*, 2008, 17(2): 33-36.

【责任编辑 李晓卉】

Correction of Type Specimen

HE Shao-yun¹, ZHOU Ren-chao², LI Ping-tao³, LIN Jia-yi³, WU Wei²

(1 College of Horticulture, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; 2 State Key Laboratory of Biocontrol and Key Laboratory of Gene Engineering of the Ministry of Education, Sun Yat-Sen University, Guangzhou 510275, China;

3 College of Forestry, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China)

Hoya ledongensis S. Y. He & P. T. Li, sp. nov. (Apocynaceae). Type: China, Hainan, Jianfengling, S. Y. He 0805081 (holotype, CANT).

Hoya ledongensis S. Y. He & P. T. Li was described in *J. Sys. Evol.* 49(2):161. 2011. Two specimens, S. Y. He 0805081 and 0805082, cited as holotypes, are illegal in nomenclature. Now, we made corrections. S. Y. He 0805081 is designated here as holotype.

Received date: 2011-04-01

Biographies: HE Shao-yun (1957—), Male, Associate professor, Doctor; Correspondence author: LI Ping-tao (1935—), Male, Professor, E-mail: Li85280485@126.com