

# 我国南北大豆产区慢生大豆根瘤菌的遗传多样性和系统发育研究

张伟涛<sup>1</sup> 杨江科<sup>2</sup> 袁天英<sup>1</sup> 周俊初<sup>1\*</sup>

(<sup>1</sup> 华中农业大学 农业微生物学国家重点实验室 武汉 430070)

(<sup>2</sup> 华中科技大学 生命科学技术学院 武汉 430074)

**摘 要** 利用 16S rRNA 基因 RFLP、16S rRNA 基因序列分析以及 16S-23S rRNA IGS PCR RFLP 技术对分离自我国南北大豆产区的慢生大豆根瘤菌进行了群体遗传多样性和系统发育研究。16S rRNA 基因 PCR RFLP 分析以及 16S rRNA 基因序列分析结果表明:所有供试慢生大豆根瘤菌可分为 *B. japonicum* 和 *B. elkanii* 两个类群,其中属于 *B. japonicum* 的为优势种群,占供试菌株的 91%,属于 *B. elkanii* 的仅占 9%,多样性水平较低。16S-23S rRNA IGS PCR RFLP 研究结果表明:属于 *B. japonicum* 的慢生根瘤菌具有较丰富的遗传多样性,在 69% 的相似性水平上可分为群 I 和群 II 两大类群。群 I 的菌株以分离自黑龙江和河北等北部区域的菌株为代表,群 II 的菌株以分离自广西和江苏等南部地域的菌株为代表,反映出明显的地域特征。两群菌株在系统发育上均与 USDA6、USDA110 和 USDA122 等 *B. japonicum* 的模式或代表菌株有差异。

**关键词** 慢生大豆根瘤菌;16S rRNA RFLP;16S-23S rRNA IGS PCR RFLP;遗传多样性;系统发育

**中图分类号** Q939 **文献标识码** A **文章编号** 0001-6209(2006)01-0127-05

国内外对慢生根瘤菌遗传多样性和系统发育的研究已有较长的历史,迄今为止已报道了 5 个种。1982 年 Jordan 将 *Rhizobium japonium* 更名为 *Bradyrhizobium japonicum*,并建立慢生根瘤菌属(*Bradyrhizobium*)<sup>[1]</sup>。在 Hollis 等<sup>[2]</sup>对 *Rhizobium japonium* 菌株 DNA 同源杂交研究的基础上,Kuykendall 等将原属于 DNA 同源群 II 的类群定名为 *B. elkanii*<sup>[3]</sup>。1995 年,Xu 等又报道了超慢生大豆根瘤菌 *B. liaoningense*<sup>[4]</sup>。此后,又相继报道了 *B. yuanmingense* 和 *B. betae*<sup>[5,6]</sup>。中国是大豆的起源中心,其复杂多样的地理与生态环境决定了与大豆相互作用的大豆根瘤菌在分布上具有丰富的多样性,其根瘤菌资源在根瘤菌系统发育体系中占有重要的位置。考虑到 *B. japonicum* 常用的代表菌株 USDA6、USDA110 和 USDA122 等均分离自日本和美国,难于准确反映我国 *B. japonicum* 的全貌,因此研究慢生大豆根瘤菌的遗传多样性与系统演化具有重要的理论意义。

细菌的 16S rRNA 基因高度保守,变异速度异常缓慢,其核苷酸序列是分析细菌系统发育关系的“分子钟”,也是构建细菌系统发育树的基石<sup>[7]</sup>。对慢生根瘤菌的研究发现:尽管其它表型和遗传特性等方面存在着明显的差异,但各菌株间 16S rRNA 基因序列的差异却很小,并与 23S 和 5S rRNA 基因同处于一个 *rnm* 操纵子之中,其排列顺序为 5'-16S-rRNA-23S-5S-3'。位于 16S 和 23S rRNA 基因之间的 rRNA 基因与其邻近序列组成基因间隔序列(IGS),该区段受自然选择压力相对

较小,变异幅度比 rRNA 基因大,保存着丰富的多样性。因而,IGS-RFLP 分析能够较好地反映出属、种和亲缘关系很近的菌株间的差异,近年来已普遍用于微生物系统发育研究<sup>[8]</sup>。

本研究利用 16S rRNA RFLP 分析、16S rRNA 基因序列分析和 16S-23S rRNA IGS PCR-RFLP 技术系统考察了我国南北产区慢生型大豆根瘤菌的遗传多样性及在根瘤菌系统发育中的地位 and 相互关系,从而为我国慢生大豆根瘤菌资源的保藏和系统分类地位研究提供科学依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

**1.1.1 样品采集** 采样地选自我国南北具有典型生态特征的区域。土壤样品采取五点取样法采集。本研究以野大豆(*Glycine soja*)为根瘤菌捕获宿主,以湖北小豆和黑农 33 为回接宿主。供试 33 株慢生大豆根瘤菌和 9 株根瘤菌参比菌株见表 1。

**1.1.2 主要试剂和仪器** Tris base 购自 Amersco 公司,SDS 购自 Sigma 公司,EDTA 购自上海生工生物工程公司,蛋白酶 E 购自 Merk 公司,Taq 酶和各种内切酶以及 pMD18-T 载体均购自 TaKaRa 公司,PCR 扩增仪为 MJ Research Inc 生产的 PTC-100 型,分光光度计为 Beckman 生产的 DU-70 型。

**1.1.3 引物** 16S rDNA 引物 fd1(5'-CCGAATTCGTCGACAAC

基金项目 国家 973 项目(001CB1089)华中科技大学人才引进基金和农业微生物国家重点实验室开放基金

\* 通讯作者。Tel:86-27-87281685;Fax:86-27-87280670;E-mail:zhoujunchu@mail.hzau.edu.cn

作者简介 张伟涛(1977-)男,河南漯河人,硕士研究生,主要从事根瘤菌多样性和生物固氮遗传学方面的研究。E-mail:zhweitaio888@webmail.hzau.edu.cn

收稿日期 2005-05-09 接受日期 2005-07-08 修回日期 2005-07-03

AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') ; rD1( 5'-CCCGGATCCAAGCTT GCTGGATCACCTCCTT-3' ) ; p23SR01( 5'-GGCTGCTTCTAAGCCAA  
AAGGAGGTGATCCAGCC-3' ) ; 16S-23S rDNA 引物 pHr( 5'-TGCC C-3' )

表 1 供试慢生大豆根瘤菌和参比菌株

Table 1 Slow-growing soybean rhizobia and reference strains

| Strains                            | Host plant           | Geographical origin           | 16S rRNA genotype | 16S-23S rRNA IGS genotype |
|------------------------------------|----------------------|-------------------------------|-------------------|---------------------------|
| DD1 , 2 , 4                        | <i>Glycine max</i>   | Dedu , Heilongjiang , China   | I                 | I                         |
| DD3                                | <i>Glycine max</i>   | Dedu , Heilongjiang , China   | I                 | I                         |
| DD5                                | <i>Glycine max</i>   | Dedu , Heilongjiang , China   | I                 | III                       |
| BQ1 , 2 , 3 , 4 , 5 , 6            | <i>Glycine max</i>   | Baoqin , Heilongjiang , China | I                 | I                         |
| HN1 , 2 , 5                        | <i>Glycine max</i>   | Zhengzhou , Henan , China     | I                 | II                        |
| GX1 , 2 , 3 , 4 , 5                | <i>Glycine max</i>   | Guangxi , China               | I                 | III                       |
| GXD1 , 2 , 3                       | <i>Glycine max</i>   | Guangxi , China               | I                 | III                       |
| WM1 , 2 , 3                        | <i>Glycine max</i>   | Wuming , China                | I                 | IV                        |
| SJZD1                              | <i>Glycine max</i>   | Shijiazhuang , Hebei , China  | I                 | IV                        |
| SJZD2 , 3                          | <i>Glycine max</i>   | Shijiazhuang , Hebei , China  | I                 | II                        |
| JS3 , 4                            | <i>Glycine max</i>   | Jiangsu , China               | I                 | IV                        |
| HAS2                               | <i>Glycine max</i>   | Hongan , Hubei , China        | II                | IV                        |
| HAS5                               | <i>Glycine max</i>   | Hongan , Hubei , China        | II                | VII                       |
| HAS7                               | <i>Glycine max</i>   | Hongan , Hubei , China        | II                | VII                       |
| <i>Bradyrhizobium japonicum</i>    |                      |                               |                   |                           |
| USDA6 <sup>T</sup>                 | <i>Glycine max</i>   | Japan                         | I                 | V                         |
| USDA110                            | <i>Glycine max</i>   | United States                 | I                 | V                         |
| USDA122                            | <i>Glycine max</i>   | United States                 | I                 | V                         |
| <i>Bradyrhizobium elkanii</i>      |                      |                               |                   |                           |
| USDA76 <sup>T</sup>                | <i>Glycine max</i>   | United States                 | II                | VIII                      |
| USDA46                             | <i>Glycine max</i>   | United States                 | II                | VIII                      |
| USDA86                             | <i>Glycine max</i>   | United States                 | II                | VIII                      |
| <i>Bradyrhizobium liaoningense</i> |                      |                               |                   |                           |
| 2281 <sup>T</sup>                  | <i>Glycine max</i>   | China                         | ND                | ND                        |
| <i>Bradyrhizobium yuanmingense</i> |                      |                               |                   |                           |
| CCBAU 10071 <sup>T</sup>           | <i>Lespedeza</i>     | China                         | ND                | ND                        |
| <i>Bradyrhizobium betae</i>        |                      |                               |                   |                           |
| PL7HG1 <sup>T</sup>                | <i>Beta vulgaris</i> | Spain                         | ND                | ND                        |

† ND : not determined.

## 1.2 根瘤菌的分离、纯化与回接试验

采用划线培养法用 YMA 平板上从根瘤中分离根瘤菌 , 经稀释纯化后 , 挑取单菌落转接并保存于 YMA 斜面 ; 根瘤菌的回接试验在无菌双层砂钵中进行 本研究通过比较接种供试根瘤菌植株与对照植株地上部分干重来确定供试菌株的固氮有效性。具体操作参照 Yang 等方法<sup>[9]</sup>。

## 1.3 16S rRNA 基因 PCR-RFLP 分析及序列分析

参照 Yang 等<sup>[9]</sup>方法提取根瘤菌总 DNA。扩增反应体系 (20 $\mu$ L) : 10 $\times$  buffer 2 $\mu$ L , MgCl<sub>2</sub> (25mmol/L) 2 $\mu$ L , dNTP (2mol/L) 2 $\mu$ L , 引物 rD1/rD1 (各 50 $\mu$ mol/L) 0.5 $\mu$ L 模板 DNA 50ng , Taq 酶 2U 加超纯水补足。PCR 反应条件 : 94 $^{\circ}$ C 4min ; 94 $^{\circ}$ C 1min , 56 $^{\circ}$ C 1min ; 72 $^{\circ}$ C 1min 35 个循环 ; 72 $^{\circ}$ C 5min。

扩增产物分别用 *Hae* III、*Hha* I、*Hinf* I 和 *Msp* I 等限制

性内切酶在 37 $^{\circ}$ C 下酶切 , 酶切产物经电泳、染色后 , 采用 Kodak 凝胶成像系统记录 RFLP 指纹图谱。根据 16S rRNA 基因 RFLP 聚类分析结果 , 选取代表菌株 , PCR 扩增其 16S rRNA 基因 , 将扩增产物克隆在 pMD18-T 载体上 , 转化大肠杆菌 DH5 $\alpha$  , 并测定其全序列。

## 1.4 16S-23S rRNA IGS PCR-RFLP 分析

利用特异性引物 pHr 和 p23SR01 对供试菌株 16S rRNA 基因与 23S rRNA 基因间的 IGS 区段进行 PCR 扩增。其反应体系、扩增程序和检测方法均与 16S rRNA 基因 RFLP 分析相同。PCR 扩增产物分别用 *Hae* III、*Hha* I、*Hinf* I 和 *Msp* I 等限制性内切酶酶切。酶切产物经 2.0% 琼脂糖凝胶水平电泳后 , 用 Kodak 凝胶成像系统记录数据。具体操作参照 Yang 等<sup>[9]</sup>方法进行。

### 1.5 数据分析和处理

凝胶扫描成像系统摄得的凝胶图像经过均一化处理后,按有条带处以“1”表示、无条带处以“0”表示,将其转化为“0”和“1”数字符,再通过 NTSYS Applied Biostatistics 软件进行相似性分析,并利用平均连锁法(UPGMA)进行聚类分析后将结果转化为树状图谱。利用 BioEdit 软件对供试菌株和参比菌株先进行 16S rRNA 基因序列的对位排列,再利用 Mega 软件采用 Kimura-2 参数,进行邻接法(Neighbor-joining)分析,生成系统发育树。

## 2 结果

### 2.1 16S rRNA 基因 PCR-RFLP 聚类分析

以 rD1 和 rD1 为引物,特异性地对供试 33 株慢生大豆根瘤菌和 9 株参比菌株的 16S rRNA 区段进行扩增,扩增产物的大小均约 1.5kb。利用 *Hae* III、*Hha* I、*Hinf* I 和 *Msp* I 4 种限制性内切酶分别对扩增的 1.5kb 片段进行了酶切分析,经电泳产生了较丰富的谱带类型。4 种限制性内切酶谱一致地将供试慢生大豆根瘤菌、*B. japonicum* 和 *B. elkanii* 参比菌株分为 genotype I 和 genotype II 两种不同的基因型(表 1)。图 1 为利用 UPGMA 法进行聚类分析生成的树状图谱,由图可见:所有供试菌株在 74% 的相似性水平上,分为两大类群。DD3 等 30 株供试慢生大豆根瘤菌与 *B. japonicum* 的典型菌株 USDA6 属于基因型 I, HAS5 等 3 株分离自湖北红安的慢生大豆根瘤菌与 *B. elkanii* 的典型菌株 USDA76 分属于基因型 II。

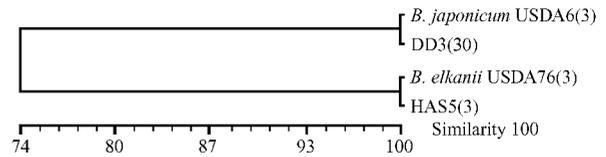


图 1 供试菌株 16S rRNA 基因 RFLP 分析树状图

Fig.1 UPGMA dendrogram generated from the 16S rRNA gene RFLP fingerprints

### 2.2 16S rRNA 基因序列分析

根据 16S rRNA 基因 RFLP 聚类分析结果,测定了代表菌株 DD3 和 HAS5 的 16S rRNA 的全长 DNA 序列,其 GenBank 序列登录号分别为 AY996780 和 AY996781。利用 BioEdit 软件对 DD3、HAS5 和参比典型菌株的 16S rRNA 序列进行 Neighbor-joining 分析,图 2 为生成的反映供试菌株与参比典型菌株间系统发育关系的聚类图。

由图 2 可见,所有供试慢生大豆根瘤菌在系统发育上分为亲缘关系较远的两大类群。代表菌株 HAS5 与 *B. elkanii* 的典型菌株 USDA76 聚为一类,其序列差异仅为 0.4%,而与 *B. japonicum* 的典型菌株和 USDA6 代表菌株 USDA110 的序列差异分别为 3.3% 和 2.7%。供试代表菌株 DD3 与 *B. japonicum* 的典型菌株和 USDA6 代表菌株 USDA110 等聚为一类,其序列差异分别为 0.007 和 0.003。由 16S rRNA 基因序列分析可见:供试菌株也同时与 *B. liaoningense*, *B. yuanmingense* 和 *B. betae* 等聚为一群。各菌株间的序列差异均小于 1%。

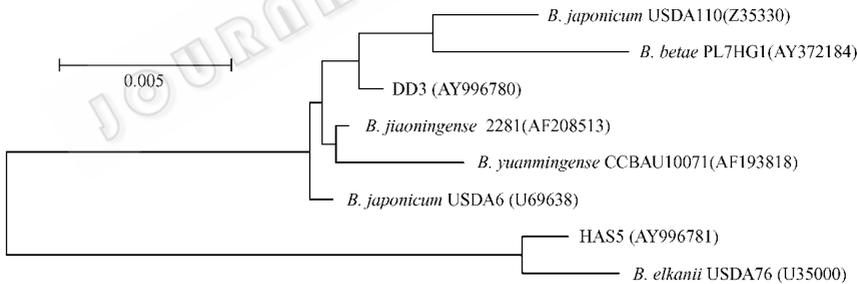


图 2 供试菌株 16S rRNA 基因序列聚类图

Fig.2 Dendrogram of strains generated by Neighbor-joining method

Kimura-2 distances were derived from a distance matrix to construct an optimal unrooted tree using the neighbour-joining method. Numbers in parentheses are the accession numbers of the sequences used.

### 2.3 16S-23S rRNA IGS PCR-RFLP 分析

以 p<sub>Hr</sub> 和 p<sub>23SR01</sub> 为引物对供试菌株和参比菌株的 16S-23S rRNA IGS 进行了 PCR 扩增,所有供试大豆慢生豆根瘤菌和参比菌株的 IGS 大小均近于 1.8kb。分别用限制性内切酶 *Hae* III、*Hha* I、*Hinf* I 和 *Msp* I 对 PCR 产物进行了酶切分析,再按 UPGMA 法进行聚类分析,生成树状图谱(图 3)。由图 3 可见:与 16S rRNA 基因 RFLP 分型相一致,来自湖北红安的菌株 HAS2、HAS5 和 HAS7 与 *B. elkanii* 的代表菌株仍聚为一类。属于 *B. japonicum* 的菌株可在相关系数为 0.69 时分为群 I 和群 II 两大类群,每群均可细分为两小群。群 I 主要来自我国黑龙江省和河北省等北部区域的菌株组成,群 II 主

要由来自广西、江苏等地的菌株组成,仅有 DD5、SJZD1 等个别菌株来自我国北方地区。同时,在 69% 相似性水平上群 I 与 USDA6 等参比菌株分离,在 73% 的水平上群 II 的菌株再次与 USDA6 等菌株分离。

## 3 讨论

由于大豆在农业生产和国民经济中具有重要作用,我国科学工作者在根瘤菌资源的多样性、分类和系统发育等方面已发表了不少研究报告。1995 年 Xu 等从 *B. japonicum* 群体中分离出一类超慢生型大豆根瘤菌,并将其命名为 *B. liaoningense*<sup>[4]</sup>。随着 *Sinorhizobium fredii* 的发现,加上慢生根

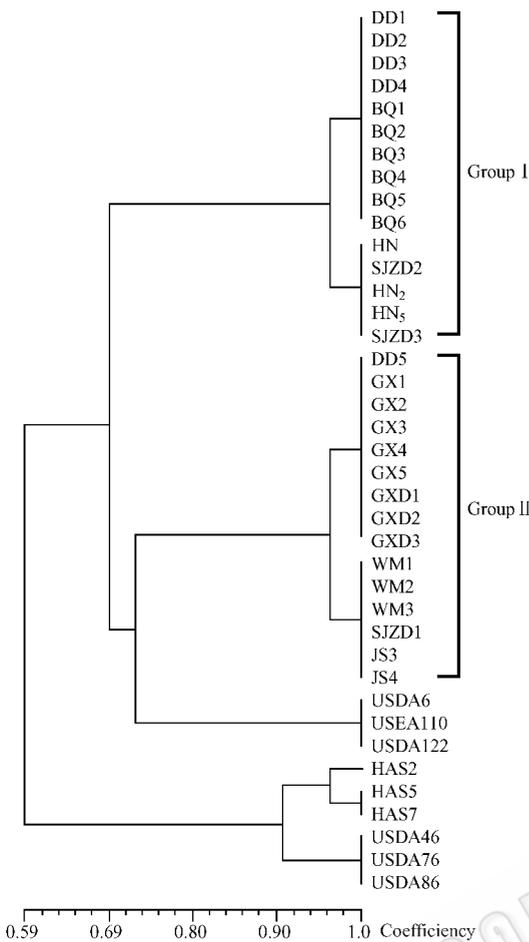


图3 供试菌株 16S-23S rRNA IGS RFLP 分析树状图

Fig.3 UPGMA dendrogram generated from the 16S-23S rRNA IGS RFLP fingerprints

瘤菌遗传操作的难度较大和 16S rRNA 基因序列差异小等原因,近年来有关根瘤菌系统发育的研究主要集中于 *Sinorhizobium*、*Rhizobium*、*Mesorhizobium* 等属,对慢生根瘤菌的研究则较为滞后<sup>[10]</sup>。随着现代生物技术的发展,以分子生物学为主要手段、以基因型和遗传多态性为基础的系统发育法正被广泛采用<sup>[11]</sup>。因而,本研究首先采用 16S rRNA 基因 RFLP 和序列分析技术对供试菌株进行初步分群,建立了所有供试菌株的 16S rRNA 基因的多态性指纹图谱。本研究 16S rRNA 基因 RFLP 和序列分析结果显示,我国南北大豆主产区的慢生型大豆根瘤菌在系统发育上仍属于已知的 *B. japonicum* 和 *B. elkanii* 两大类群,且种群结构上以 *B. japonicum* 占优势,*B. elkanii* 仅以约 9% 的比例存在于我国主要的大豆生产区域中。

根瘤菌的结瘤过程是根瘤菌与宿主植物在分子水平上的相互作用与相互“对话”的过程。宿主植物和地理环境是影响根瘤菌分布与多态性的两个重要因素<sup>[12]</sup>。由于我国悠久的大豆栽培历史,加上各地栽培品种的交换和优良品种的推广,在黑龙江、河北等北部地域以及南部地区土著大豆根

瘤菌的群体结构已经趋同。但由于我国南北两地在气候和生态环境上存在明显的差异,16S-23S rRNA IGS PCR RFLP 分析结果表明,分离自黑龙江和河北等北部区域的菌株与分离自广西和江苏等南部地域的菌株在系统发育上仍表现出较大的差异,它们在 69% 的相似性水平上分为相互独立的群 I 和群 II 两个群体。IGS PCR RFLP 分析结果进一步显示,在 73% 的水平上供试菌株与 USDA6 等参比菌株分离。表明群 I 和群 II 的菌株与 USDA6、USDA110 和 USDA122 等分离自北美的 *B. japonicum* 代表菌株在系统发育上存在差异。

### 参 考 文 献

- [ 1 ] Jordan DC. Transfer of *Rhizobium japonicum* Buchanan 1980 to *Bradyrhizobium japonicum* gen. nov., a genus of slow-growing, root nodule bacteria from leguminous plants. *Int J Syst Bacteriol*, 1982, **32**: 136 - 139.
- [ 2 ] Hollis AB, Kloos WE, Elkan GE. DNA-DNA hybridization studies *Rhizobium japonicum* and related Rhizobiaceae. *J Genetic Microbiol*, 1981, **123**: 215 - 222.
- [ 3 ] Kuykendall LD, Sazena B, Devine TE, et al. Genetic diversity in *Bradyrhizobium japonicum* Jordan 1982 and a proposal for *Bradyrhizobium elkanii* sp. nov. *Can J Microbiol*, 1992, **38**: 501 - 505.
- [ 4 ] Xu L, Ge C, Gui Z, et al. *Bradyrhizobium liaoningense* sp. nov., isolated from the root nodules of soybeans. *Int J Syst Evol Microbiol*, 1995, **45**: 212 - 217.
- [ 5 ] Yao Z, Kan F, Wang E, et al. Characterization of rhizobia that nodulate legume species of the genus *Lespedeza* and description of *Bradyrhizobium yuanmingense* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2002, **52**(6): 2219 - 2230.
- [ 6 ] Rivas R, Willems A, Palomo JL, et al. *Bradyrhizobium betae* sp. nov., isolated from roots of *Beta vulgaris* affected by tumour-like deformations. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2004, **54**: 1271 - 1275.
- [ 7 ] Stackebrandt E, Goebel BM. Taxonomic note: a place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology. *Int J Syst Bacteriol*, 1994, **44**: 846 - 849.
- [ 8 ] Gurrle V. The role of recombination and mutation in 16S-23S rDNA spacer rearrangements. *Gene*, 1999, **238**: 241 - 252.
- [ 9 ] Yang J, Xie F, Zou J, et al. Polyphasic Characteristics of bradyrhizobia isolated from nodules of peanut (*Arachis hypogaea*) in China. *Soil Biology & Biochemistry*, 2005, **37**: 141 - 153.
- [ 10 ] Chen W, Yan G, Li J. Numerical taxonomic study of fast-growing soybean rhizobia and a proposal that *Rhizobium fredii* be assigned to *Sinorhizobium* gen. nov.. *Int J Syst Bacteriol*, 1988, **38**: 392 - 397.
- [ 11 ] 冯瑞华. 慢生型大豆根瘤菌的遗传多样性研究. 应用与环境生物学报 2000 (2): 176 - 181.
- [ 12 ] 杨江科, 谢福莉, 周俊初. 江汉平原及其周边地区花生根瘤菌的遗传多样性. 生态学报, 2003, **23**(3): 504 - 511.

## Genetic diversity and phylogeny of soybean bradyrhizobia isolated from south and north region of China

ZHANG Wei-tao<sup>1</sup>, YANG Jiang-ke<sup>2</sup>, YUAN Tian-ying<sup>1</sup>, ZHOU Jun-chu<sup>1\*</sup>

(<sup>1</sup> State Key Laboratory of Agricultural Microbiology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China)

(<sup>2</sup> College of Life Science and Technology, Huazhong University of Science and Technology, Wuhan 430074, China)

**Abstract** : Studies on genetic diversity and phylogeny of soybean bradyrhizobia isolated from south and north region of China were investigated through 16S rRNA gene PCR RFLP, 16S rRNA gene sequencing and 16S-23S rRNA IGS PCR RFLP assays. Results of 16S rRNA gene PCR RFLP and 16S rRNA gene sequencing analysis reveal that strains tested are ascribed into *Bradyrhizobium japonicum* and *B. elkanii* species. *B. japonicum* is the dominant species and accounts for 91% of strains tested, but *B. elkanii* just up to 9%, which shows poor genetic diversity. Results of 16S-23S rRNA IGS PCR RFLP assays reveal that strains belonged to *B. japonicum* can be divided into Group I and Group II at the 69% similarity. Group I consists of strains from northern China, and Group II consists of strains from southern China, which demonstrates geographical effect on genetic diversity of bradyrhizobia. Results of 16S-23S rRNA IGS PCR RFLP further reflects that strains of Group I and Group II are phylogenetically different with type or representative strains USDA6, USDA110 and USDA122 of *B. japonicum*.

**Keywords** : Soybean bradyrhizobia ; 16S rRNA gene RFLP ; 16S-23S rRNA IGS PCR RFLP ; Genetic diversity ; Phylogeny

Foundation item : Key Project of Chinese National Programs for Fundamental Research and Development (001CB1089) ; Foundation of Human Resource of Huazhong University of Science and Technology, Open Foundation of National Laboratory of Agricultural Microbiology

\* Corresponding author. Tel : 86-27-87281685 ; Fax : 86-27-87280670 ; E-mail : zhoujunchu@mail.hzau.edu.cn

Received : 9 May 2005 / Accepted : 8 July 2005 / Revised : 3 July 2005

© 中国科学院微生物研究所期刊联合编辑部 <http://journals.im.ac.cn>