

## 双歧杆菌的分类学研究与新进展

王玉莲<sup>1,2</sup> 田万红<sup>2</sup> 谭强来<sup>1</sup> 魏华<sup>1\*</sup> 曾明<sup>2\*</sup>

(1. 南昌大学 食品科学与技术国家重点实验室 江西 南昌 330047)

(2. 中国食品药品检定研究院 北京 100050)

**摘要：**双歧杆菌作为一种重要的益生菌，被广泛应用在乳制品和微生态制剂生产中。本文围绕双歧杆菌在《伯杰氏系统细菌学手册》中的演化历史、最新分类，以及其多相分类法的应用进行了阐述，并对近年来双歧杆菌属的新种做了详细的介绍。

**关键词：**双歧杆菌，分类学，《伯杰氏系统细菌学手册》，多相分类，新种

## Taxonomic studies and new progresses of Bifidobacteria

WANG Yu-Lian<sup>1,2</sup> TIAN Wan-Hong<sup>2</sup> TAN Qiang-Lai<sup>1</sup> WEI Hua<sup>1\*</sup> ZENG Ming<sup>2\*</sup>

(1. State Key Laboratory of Food Science and Technology, Nanchang University, Nanchang, Jiangxi 330047, China)

(2. National Institutes for Food and Drug Control, Beijing 100050, China)

**Abstract:** *Bifidobacterium* is an important category of probiotics. It is widely used in the dairy production and microecological preparation. This paper summarized the evolution and classification of Bifidobacteria in “Bergey’s Manual of Systematic Bacteriology”. Moreover, the polyphasic taxonomy research of Bifidobacteria was involved, and we detailedly discussed the new species of *Bifidobacterium* so far.

**Keywords:** *Bifidobacterium*, Taxonomy, Bergey’s Manual of Systematic Bacteriology, Polyphasic taxonomy, New species

双歧杆菌是人和动物肠道内最主要的生理性细菌之一，它能产短链脂肪酸、维生素、细菌素、类抗生素，具有维持微生态平衡、生物拮抗、免疫调节、营养、协同降解多糖等多方面重要的生理功能<sup>[1]</sup>。早期，关于双歧杆菌的分类学多以生理表型为准绳，但往往缺乏可靠性，特别是近缘物种间系统发育关系一直存有争议，以至于双歧杆菌的分类在《伯杰氏系统细菌学手册》(以下简称《伯杰氏手册》)中曾经过多次变动。而正确可靠的分类与鉴定

不仅是分类学研究的主要目标，也是双歧杆菌开发应用和科学交流的基础。在过去，对双歧杆菌的分类及其性质的研究缺乏全面系统的总结和归纳，直到2012年5月新版《伯杰氏手册》第5卷(放线菌专刊)的面世<sup>[2]</sup>，双歧杆菌分类学的研究才有了深入的发展。尤其是分子生物学的发展，各种分子标记的应运而生为分类学的研究注入了强劲的驱动力。但需指出的是，由于《伯杰氏手册》漫长的编辑时间，双歧杆菌在分类领域中又有了一些新的研究成

基金项目：国家 863 计划项目(No. 2014AA022210)

\*通讯作者：✉：魏华：weihua114@live.cn；曾明：zengming@263.net

收稿日期：2014-05-09；接受日期：2014-07-18；优先数字出版日期(www.cnki.net)：2014-07-30

果,其分类依据的阐述也不够清楚明确。因此,本文从《伯杰氏手册》的演化历史、最新分类出发阐述了其发展现状,并着重介绍和总结了双歧杆菌属的分类与最新进展。希望随着技术的进步双歧杆菌的分类学研究能够得到不断地完善。

## 1 《伯杰氏手册》中的双歧杆菌

### 1.1 《伯杰氏手册》中双歧杆菌分类地位的演变

双歧杆菌系 1899 年巴斯德研究院的 Tissier 首次在以母乳喂养的婴儿粪便中发现并分离出来, Tissier 将这种分离到的革兰氏阳性、变弯的或分叉的杆菌命名为普通分叉杆菌 (*Bacillus bifiduscommunis*) 或分叉杆菌 (*Bacillus bifidus*)。尽管 1924 年 OrlaJensen 提议将双歧杆菌分类作为一个独立的属,但伯杰氏第 1-4 版将其取名为 *Bacterodes bifidus*, 归到拟杆菌属 (*Bacteroides*) 中,又由于它与乳酸杆菌的相似性,伯杰氏第 5-7 版将其命名 *Lactobacillus bifidus*, 归类于乳杆菌属 (*Lactobacillus*)。直到 1974 年,伯杰氏第 8 版才首次设立独立的双歧杆菌属 (*Bifdobacterium*), 当时属内有 11 个种。1986 年改名后第 1 版增至 24 个种。随着实验方法和研究设备的不断完善,又陆续发表了 8 个新种。在 2012 年新版《伯杰氏手册》中,双歧杆菌分类阶元为细菌域,放线菌门,纲 I 放线菌纲,目 III 双歧杆菌目 (*Bifidobacteriales*), 1 个科双歧杆菌科 (*Bifidobacteriaceae*), 7 个属, 39 个种。

### 1.2 《伯杰氏手册》中双歧杆菌的分类

2012 年新版《伯杰氏手册》中,双歧杆菌目只包含 1 个双歧杆菌科,其分类主要是根据 16S rRNA、热休克蛋白基因 (*hsp60*) 序列,以及 *recA*<sup>[3]</sup>、*ldh*<sup>[4]</sup>、*tuf*<sup>[5]</sup> 等多基因的分析比对,分成 7 个属,分别为双歧杆菌属 (*Bifidobacterium*)、气斯卡多维亚氏菌属 (*Aeriscardovia*)、异斯卡多维亚氏菌属 (*Alloiscardovia*)、加德纳氏菌属 (*Gardnerella*)、另类斯卡多维亚氏菌属 (*Metascardovia*)、类斯卡多维亚氏菌属 (*Parascardovia*)、斯卡多维亚氏菌属 (*Scardovia*)。

双歧杆菌属是双歧杆菌科中最大的一个属,分别来源于人类、动物、昆虫肠道以及人类龋齿、原

料奶和污水。其分类鉴定结合了多种方法技术<sup>[6]</sup>,包括 16S rRNA 序列分析、脉冲电场凝胶电泳 (PFGE)、荧光原位杂交 (FISH)、特异性基因 PCR 扩增 (*recA* 等)、实时荧光定量 PCR、扩增 rDNA 限制性酶切多态分析 (ARDRA)、变性梯度凝胶电泳 (DGGE)、限制性片段长度多态性分析 (PCR-RFLP) 等,多重技术从各个方面验证,使分类鉴定结果更加准确。2012 年新版《伯杰氏手册》中双歧杆菌属含 32 个种 (表 1),其中,动物双歧杆菌含 2 个亚种,长双歧杆菌含 3 个亚种,假长双歧杆菌含 2 个亚种,嗜热酸性双歧杆菌含 2 个亚种。值得注意的是,《伯杰氏手册》只是保守的纳入了那些已确定的种属,有一些未分类的、不可培养的双歧杆菌目、科、属、种并未被编辑到其中。并且,在《伯杰氏手册》编辑完成后,新的研究中又有一些被提议列为双歧杆菌属的种,这将在下面进行阐述。

## 2 双歧杆菌分类依据

传统的分类和鉴定主要是根据表型的方法,这种单一的分类方法存在不足,导致双歧杆菌与产乳酸细菌、乳酸杆菌的分类模糊不清。目前,随着分子生物学的发展和各项新技术的应用,分类学家根据多相分类法<sup>[8-9]</sup>,综合了双歧杆菌表型、遗传型、系统发育方面的各种信息,将分类单元准确描述到种水平。

表型信息指所有不以 DNA 或 RNA 分子为直接研究对象的信息,包括基本的生理生化特性,比如菌落菌体的形态、生长条件、营养要求、酶反应、糖发酵、代谢产物等,它可以将双歧杆菌鉴定到属以上的分类单元。其中,双歧杆菌独特的果糖-6-磷酸解酮酶代谢产乙酸、乳酸机制<sup>[10-11]</sup>,成为其分类鉴定的主要指标之一。另外,在双歧杆菌的表型分类方法中,化学分类技术占有很重要的位置。双歧杆菌作为革兰氏阳性菌,其细胞壁含有各种类型的肽聚糖,并且是属于种特异的 (表 1),而脂类、磷脂是细菌细胞膜中脂双层的主要组分,脂肪酸是脂质和脂多糖的主要组成成分。因此,细胞化学组成成分的分析也是双歧杆菌分类的重要依据。

表 1 双歧杆菌属的一般特性				
Table 1 General characteristics of the genus <i>Bifidobacterium</i>				
种 <sup>[7]</sup> Species <sup>[7]</sup>	亚种 Subspecies	胞壁质 Murein type	G+C%	来源 Source
青春双歧杆菌 <i>B. adolescentis</i>		l-Lys(l-Orn)-d-Asp	59.0	成人肠道
角双歧杆菌 <i>B. angulatum</i>		l-Lys-d-Asp	59.0	人粪便
动物双歧杆菌 <i>B. animalis</i>	<i>B. animalis</i> subsp. <i>animalis</i>	l-Lys(l-Orn)-l-Ser-(l-Ala)-l-Ala <sub>2</sub>	61.3	动物粪便
	<i>B. animalis</i> subsp. <i>lactis</i>	l-Lys(l-Orn)-l-Ser-(l-Ala)-l-Ala <sub>2</sub>	61.0	奶酪
星状双歧杆菌 <i>B. asteroides</i>		l-Lys-Gly	59.0	蜜蜂肠道
两歧双歧杆菌 <i>B. bifidum</i>		l-Orn-d-Ser-d-Asp	61.0	婴儿粪便
<i>B. bombi</i> <sup>a</sup>			47.3	大黄蜂肠道
牛双歧杆菌 <i>B. boum</i>		l-Lys-d-Ser-d-Glu	60.0	牛瘤胃
短双歧杆菌 <i>B. breve</i>		l-Lys-Gly	58.0	婴儿肠道
链状双歧杆菌 <i>B. catenulatum</i>		l-Lys(l-Orn)-l-Ala <sub>2</sub> -l-Ser	54.7	成人肠道
豚双歧杆菌 <i>B. choerinum</i>		l-Lys(l-Orn)-l-Ser-(l-Ala)-l-Ala <sub>2</sub>	66.3	猪粪便
棒状双歧杆菌 <i>B. coryneforme</i>		l-Lys-d-Asp		蜜蜂肠道
兔双歧杆菌 <i>B. cuniculi</i>		l-Lys(l-Orn)-l-Ser-(l-Ala)-l-Ala <sub>2</sub>	64.1	兔子粪便
齿双歧杆菌 <i>B. dentium</i>		l-Lys(l-Orn)-d-Asp	61.2	人类龋齿
高卢双歧杆菌 <i>B. gallicum</i>		l-Lys-l-Ala-l-Ser	61.0	人粪便
鸡胚双歧杆菌 <i>B. gallinarum</i>		l-Lys-d-Asp	65.7	鸡盲肠
蜜蜂双歧杆菌 <i>B. indicum</i>		l-Lys-d-Asp	60.0	蜜蜂肠道
长双歧杆菌 <i>B. longum</i>	<i>B. longum</i> subsp. <i>infantis</i>	l-Orn-l-Ser-l-Ala-l-Thr-l-Ala	61.0	婴儿肠道
	<i>B. longum</i> subsp. <i>longum</i>	l-Orn-l-Ser-l-Ala-l-Thr-l-Ala	60.5	成人肠道
	<i>B. longum</i> subsp. <i>suis</i>	l-Orn-l-Ser-l-Ala-l-Thr-l-Ala	62.0	猪粪便
巨大双歧杆菌 <i>B. magnum</i>		l-Lys(l-Orn)-l-Ala <sub>2</sub> -l-Ser	60.0	兔子粪便
瘤胃双歧杆菌 <i>B. merycicum</i>		l-Lys(l-Orn)-d-Asp	59.0	牛瘤胃
微小双歧杆菌 <i>B. minimum</i>		l-Ly-l-Ser	61.5	污水
<i>B. mongoliense</i> <sup>a</sup>		l-Lys-d-Asp	61.1	发酵马奶
假链双歧杆菌 <i>B. pseudocatenulatum</i>		l-Lys(l-Orn)-l-Ala <sub>2</sub> -l-Ser	67.5	婴儿粪便
假长双歧杆菌 <i>B. pseudolongum</i>	<i>B. pseudolongum</i> subsp. <i>globosum</i>	l-Orn(l-Lys)-l-Ala <sub>2-3</sub>	64.8	牛瘤胃
	<i>B. pseudolongum</i> subsp. <i>pseudolongum</i>	l-Orn(l-Lys)-l-Ala <sub>2-3</sub>	64.1	猪粪便
嗜冷双歧杆菌			59.2	猪粪便
<i>B. psychraerophilum</i>				
小鸡双歧杆菌 <i>B. pullorum</i>		l-Lys-d-Asp	67.4	鸡粪便
反刍双歧杆菌 <i>B. ruminantium</i>		l-Lys(l-Orn)-l-Ser-(l-Ala)-l-Ala <sub>2</sub>	57.0	牛瘤胃
波伦亚双歧杆菌 <i>B. saeculare</i>		l-Lys(l-Orn)-d-Asp	63.0	兔子粪便
史卡杜维双歧杆菌 <i>B. scardovii</i>		l-Lys-l-Ser-l-Ala	60.0	人血
纤细双歧杆菌 <i>B. subtile</i>		l-Lys-d-Asp	61.5	污水
嗜热双歧杆菌 <i>B. thermophilum</i>		l-Orn(l-Lys)-d-Glu	60.0	猪粪便
热嗜酸性双歧杆菌	<i>B. thermacidophilum</i> subsp. <i>porcinum</i>		61.0	猪粪便
<i>B. thermacidophilum</i>	<i>B. thermacidophilum</i> subsp. <i>thermacidophilum</i>		56.8	污水
<i>B. tsurumiense</i> <sup>a</sup>		Glu-Lys-Asp-(Ala) <sub>2</sub>	53.0	仓鼠牙菌斑

注：<sup>a</sup>：未找到相关中文译名。  
Note: <sup>a</sup>: Chinese scientific name is not found.

遗传型信息包括 DNA 的碱基组成(G+C%)、核酸的碱基组成和分子杂交、特殊基因的序列分析等。目前,16S rRNA 序列的分析被作为双歧杆菌分类鉴定的重要指标,双歧杆菌属内种的比对结果为 93%以上,日本鹤见大学 Maasaki Okamoto 教授等根据 16S rRNA 序列数据描绘了双歧杆菌的系统进化树<sup>[2]</sup>,从而简明地显示出双歧杆菌种属之间的进化关系。同时,有的研究学者利用 23S rRNA 及 16S rRNA-23S rRNA 间隔序列既具有保守性、又具有显著的可变性的特点,将其也结合到双歧杆菌的系统进化分析中<sup>[12-15]</sup>。除此之外,其他一些高度保守基因,如编码延伸因子的 *tuf* 基因<sup>[5]</sup>、编码重组酶的 *recA* 基因<sup>[3]</sup>、*groEL* 基因<sup>[16]</sup>、*atp* 基因<sup>[17]</sup>等,也都被用于 rRNA 序列系统发育分析的支撑,作为亲缘关系较近的双歧杆菌亚种之间的区分的补充。另外,DNA 杂交实验的测定,以及双歧杆菌作为高 G+C 含量的一类革兰氏阳性细菌的特点,也为其种和属的研究开辟了新的途径。DNA 杂交技术主要是用于一些亲缘关系较近菌株的分析,在 16S rRNA 序列、表型特征难以区分鉴定的情况下,找出两个菌株的差异,因为两个菌株的 16S rRNA 序列比对结果即使为 100%,其 DNA 杂合率也可能仅为 70%或更低。

事实上,基于经典分子标记建立的系统发育关系也并非无懈可击。在以不同物种 16S rRNA 基因序列为数据集构建的系统发育树中,深枝存在自展值低的现象(通常<70%,甚至更低)<sup>[18-19]</sup>。近年来,在细菌基因组学的研究中掀起了一股全基因组测序的热潮,双歧杆菌分类学家也投入到这一研究当中,期待将其应用到双歧杆菌的多样性和系统发育分类学上。目前,完成全基因组测序的双歧杆菌有 19 个种、78 个菌株(数据统计结果源自 NCBI),已有学者运用比较基因组的方法对双歧杆菌的分类进行了较多的研究<sup>[20-25]</sup>。通过分析研究,我们从核苷酸水平、氨基酸水平、代谢水平上找到差异和共性,从重复基因、基因水平转移、基因丢失、染色体重排等基因组学信息上揭示了双歧杆菌适应新

环境的演变,进而诠释了双歧杆菌种间的系统发育关系,构建出自展值高的进化树。相比之下,比较基因组学解决了传统分类学方法太过局限的问题,满足了双歧杆菌分类学快速发展的需求,这必将给双歧杆菌分类学的研究带来新的突破。

### 3 双歧杆菌属新种的发现

双歧杆菌的研究已有近一百年的历史,新种的完善一直在不断进行中。根据相关文献报道,至撰文为止(2014 年 6 月),双歧杆菌属有新种 9 个(表 2)。

2007 年,Delcenserie 等<sup>[26]</sup>在法国工厂原料奶酪中分离到一批菌株。革兰氏阳性,有果糖-6-磷酸解酮酶活性,产乳酸,DNA G+C 摩尔含量 55.3%–56.4%,经鉴定属于双歧杆菌属。与嗜冷双歧杆菌(*Bifidobacterium psychraerophilum*)有较高相似性,均能在厌氧、低温(5 °C)条件下生长,16S rRNA 基因序列相似率达 99.8%,但 DNA 杂交率只有 31%。与嗜冷双歧杆菌不同的是,这些菌株不能发

表 2 双歧杆菌属新种  
Table 2 New species of *Bifidobacterium*

种 Species	G+C%	来源 Source	备注 Comments
<i>B. crudilactis</i> <sup>[26]</sup>	55.3–56.4	原料奶酪	与嗜冷双歧杆菌有较高相似性
<i>B. stercoris</i> <sup>[27-28]</sup>	57.8	人粪便	青春双歧杆菌异质同型的种
<i>B. kashiwanohense</i> <sup>[29]</sup>	56.0–59.0	健康婴儿粪便	细胞壁成分中含谷氨酸、丙氨酸、赖氨酸
<i>B. biavatii</i> <sup>[30-31]</sup>	63.1	猴粪便	
<i>B. callitrichos</i>	64.3	猴粪便	
<i>B. reuteri</i>	61.3	猴粪便	
<i>B. saguini</i>	57.3	猴粪便	
<i>B. stellenboschense</i>	66.3	猴粪便	
<i>B. moukalabense</i> <sup>[32]</sup>	60.1	大猩猩粪便	与链双歧杆菌、假链双歧杆菌相似

醇 L-阿拉伯糖、D-木糖、棉子糖。因此, Delcenserie 等提议将其列为双歧杆菌属的一个新种, 命名为 *Bifidobacterium crudilactis*。

2010 年, Kim 等<sup>[27]</sup>在人粪便中分离到一株 Egl<sup>T</sup>。革兰氏阳性, 厌氧, 不运动, 无芽孢, 无过氧化氢酶、氧化酶活性, DNA G+C 摩尔含量 57.8%。检测果糖-6-磷酸解酮酶活性, 产乳酸与乙酸比为 1:1.76。与青春双歧杆菌 16S rRNA、*hsp60* 基因序列比对结果分别为 98.36% 和 99.35%, 但 DNA 杂交率只有 41%。因此, Kim 综合其表型、基因型和进化分析, 提议将 Egl<sup>T</sup> 分类为双歧杆菌属的一个新种, 命名为 *Bifidobacterium stercoris*。但是, 2013 年, Killer 等<sup>[28]</sup>对 *Bifidobacterium stercoris* 重新进行了验证, 发现它与青春双歧杆菌具有极其相似的表型和特征, DNA 杂交结果为 78.9%, 另外, 管家基因 *rpoC*、*xfp*、*fusA*、*rplB* 和 *gyrB* 的多位点序列分析结果为 99.3%–100%。在此基础上, 认为 *Bifidobacterium stercoris* 应为青春双歧杆菌异质同型的种。

2011 年, Morita 等<sup>[29]</sup>在健康婴儿粪便中分离到菌株 HM2-1 和 HM2-2<sup>T</sup>。该菌只能在 15–45 °C 之间生长, 革兰氏阳性, 棒状, 绝对厌氧, 不运动, 无芽孢, 不产气, 过氧化氢酶反应阴性, DNA G+C 摩尔含量 56.0%–59.0%。有  $\alpha/\beta$  半乳糖苷酶、 $\alpha/\beta$  葡萄糖苷酶活性, 并在细胞壁成分分析中发现谷氨酸、丙氨酸、赖氨酸的存在。通过表型特征、DNA 杂交和 16S rRNA 基因序列的系统发育比对分析, Hidetoshi Morita 等证明 HM2-1 和 HM2-2<sup>T</sup> 应属于双歧杆菌属的一个新种, 命名为 *Bifidobacterium kashiwanohense*。

2012 年, Endo 和 Euzéby 等<sup>[30–31]</sup>从两种猴粪便中分离到 5 株菌株。DNA G+C 摩尔含量 (57.3%–66.3%) 和 16S rRNA 比对分析均证明它们属于双歧杆菌属, 但不同菌株的基本特征仍有一定差异, *dnaJ1* 和 *hsp60* 序列分析也揭示了它们系统发育地位的差异性, 表明这 5 株应为双歧杆菌属 5 个不同的新种, 分别命名为 *Bifidobacterium biavatii*、

*Bifidobacterium callitrichos*、*Bifidobacterium reuteri*、*Bifidobacterium saguini*、*Bifidobacterium stellenboschense*。

2013 年, Tsuchida 等<sup>[32]</sup>从西部低地大猩猩粪便中分离到一株革兰氏阳性厌氧杆菌 GG01<sup>T</sup>。DNA G+C 摩尔含量 60.1%, 主要的脂肪酸是 C<sub>16:0</sub>、C<sub>18:1</sub> 和 C<sub>14:0</sub>。七叶苷水解阳性, 明胶液化阴性, 吡啶反应阴性, 脲酶水解阴性。只能发酵阿拉伯糖、葡萄糖、乳糖、蔗糖、麦芽糖、水杨苷、D-甘露醇、棉籽糖少部分糖醇类物质, 但是具有多种酶的活性, 产多种氨基酸。该菌 16S rRNA 基因序列与链双歧杆菌、假链双歧杆菌相似率分别为 98.3% 和 98.1%。因此, 基于 16S rRNA、*hsp60* 基因序列及其他特征, Tsuchida 等证明 GG01<sup>T</sup> 属于双歧杆菌属的一个新种, 命名为 *Bifidobacterium moukalabense*。

#### 4 展望

双歧杆菌的分类研究发展迅速, 尽管多相分类法是细菌分类学里最有效的手段, 但依然不能满足双歧杆菌分类学快速发展的需求。因此, 发展和建立更新、更高效、更快捷的分类学方法已成为这门学科发展的客观需求。基因组涵盖了生物全部的遗传信息, 通过比较基因组的运用, 我们从基因、蛋白、代谢等各个层面揭示了远超过传统方法的大量的生物信息。这些信息不仅能为双歧杆菌的功能性质及代谢机制提供更深刻的见解, 还能帮助研究者理清双歧杆菌各分类单元的特征和进化关系, 使其分类鉴定结果准确可信, 也有利于更多新种的发掘和一些错误分类的纠正。而对这些新成果的分析与处理, 则是《伯杰氏手册》双歧杆菌部分的一项重要工作。毫无疑问, 比较基因组学已成为双歧杆菌分类学乃至整个分类学发展的一种趋势。此外, 一些新技术的发展和应用也能够进一步推动分类学的发展, 比如微生物蛋白组学技术。我们在这方面进行了一些探索性的研究, 完成了一株长双歧杆菌的蛋白质组学参考图谱, 并通过家兔结扎模型发现了双歧杆菌在体内外差异表达的基因和蛋白<sup>[33–34]</sup>。由于蛋白质是生命活动的主要载体, 微生

物的表型差异往往都对应着蛋白质水平的差异,其中一些特殊的酶能从蛋白组上体现出重要的分类鉴定作用,比如双歧杆菌的果糖-6-磷酸解酮酶。如果将蛋白组学技术与比较基因组学分析结合起来应用到分类学上,我们就可从基因和蛋白水平上进行更全面、更系统的分类与鉴定。据此,有理由相信蛋白组学定能在分类学上发挥其积极作用。

## 参 考 文 献

- [1] Sonnenburg JL, Chen CTL, Gordon JI. Genomic and metabolic studies of the impact of probiotics on a model gut symbiont and host[J]. PLoS Biology, 2006, 4(12): 2213-2226
- [2] Goodfellow M, Kampfer P, Busse HJ, et al. Bergey's Manual of Systematic Bacteriology[M]. New York: Springer Science Business Media, 2012: 33-2028
- [3] Kullen MJ, Brady LJ, O'Sullivan DJ. Evaluation of using a short region of the *recA* gene for rapid and sensitive speciation of dominant *Bifidobacteria* in the human large intestine[J]. FEMS Microbiology Letters, 1997, 154: 377-383
- [4] Roy D, Sirois S. Molecular differentiation of *Bifidobacterium* species with amplified ribosomal DNA restriction analysis and alignment of short regions of the *ldh* gene[J]. FEMS Microbiology Letters, 2000, 191: 17-24
- [5] Ventura M, Canchaya C, Meylan V, et al. Analysis, characterization, and loci of the *tuf* genes in *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* species and their direct application for species identification[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2003, 69(11): 6908-6922
- [6] Shen YC, Yuan PN. Research progresses of the genetic classification method of *Bifidobacterium*[J]. Chinese Journal of Microecology, 2000, 12(3): 171-173 (in Chinese)  
沈永才, 袁佩娜. 双歧杆菌的遗传学分类方法研究进展[J]. 中国微生物学杂志, 2000, 12(3): 171-173
- [7] Lee JH, O'Sullivan DJ. Genomic insights into *Bifidobacteria*[J]. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 2010, 74(3): 378-416
- [8] Ventura M, Sinderen DV, Fitzgerald GF, et al. Insights into the taxonomy, genetics and physiology of *Bifidobacteria*[J]. Antonie van Leeuwenhoek, 2004, 86: 205-223
- [9] Biavati B, Vescovo M, Torriani S, et al. *Bifidobacteria* history, ecology, physiology and applications[J]. Annals of Microbiology, 2000, 50: 117-131
- [10] Gavini F, Esbroeck MV, Touzel JP, et al. Detection of fructose-6-phosphate phosphoketolase (F6PPK), a key enzyme of the bifid-shunt, in *Gardnerella vaginalis*[J]. Anaerobe, 1996, 2: 191-193
- [11] Stouthamer AH, Vries WD. Pathway of glucose fermentation in relation to the taxonomy of *Bifidobacteria*[J]. Journal of Bacteriology, 1967, 93(2): 574-576
- [12] Li P, Ma YJ, Zhao Y. The identification and classification of bacteria based on 16S rRNA, 23S rRNA and 16S-23S rRNA spacer region[J]. Modern Journal of Animal Husbandry and Veterinary Medicine, 2008, 7: 49-52 (in Chinese)  
李鹏, 马艳娇, 赵云. 16S rRNA、23S rRNA 及16S-23S rRNA 基因在细菌分离与鉴定中的应用[J]. 现代畜牧兽医, 2008, 7: 49-52
- [13] Irène M, Yoram B, Bernard D, et al. Molecular monitoring of human intestinal *Bifidobacterium* strain diversity[J]. Research in Microbiology, 1999, 150: 343-350
- [14] Sul SY, Kim HJ, Kim TW, et al. Rapid identification of *Lactobacillus* and *Bifidobacterium* in probiotic products using multiplex PCR[J]. Journal of Microbiology and Biotechnology, 2007, 17(3): 490-495
- [15] Ventura M, Zink R. Rapid identification, differentiation, and proposed new taxonomic classification of *Bifidobacterium lactis*[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2002, 68(12): 6429-6434
- [16] Ventura M, Canchaya C, Zink R, et al. Characterization of the *groEL* and *groES* loci in *Bifidobacterium breve* UCC 2003: genetic, transcriptional, and phylogenetic analyses[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70(10): 6197-6209
- [17] Ventura M, Canchaya C, Zink R, et al. *Bifidobacterium lactis* DSM 10140: Identification of the *atp* (*atpBEFHAGDC*) operon and analysis of its genetic structure, characteristics, and phylogeny[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2004, 70(5): 3110-3121
- [18] Mariadassou M, Bar-Hen A, Kishino H. Taxon influence index: assessing taxon-induced in congruities in phylogenetic inference[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2012, 61(2): 337-345
- [19] Alfaro M, Zoller S, Lutzoni S. Bayes or Bootstrap? A simulation study comparing the performance of bayesian markov chain monte carlo sampling and bootstrapping in assessing phylogenetic confidence[J]. Molecular Biology and Evolution, 2003, 20(2): 255-266
- [20] Ventura M, Canchaya C, Gerald F, et al. Genomics as a means to understand bacterial phylogeny and ecological adaptation: the case of *Bifidobacteria*[J]. Antonie Van Leeuwenhoek, 2007, 91(4): 351-372
- [21] Baltasar M, Douwe van S. *Bifidobacteria* genomics and molecular aspects[M]. UK: Caister Academic Press, 2010: 259
- [22] Christian M, Sabrina D, Gabriele andrea L, et al. Comparative genomics of *Bifidobacterium animalis* subsp. *lactis* reveals a strict monophyletic bifidobacterial taxon[J]. Applied and Environmental Microbiology, 2013, 79(14): 4304-4315
- [23] Bottacini F, Medini D, Pavesi A, et al. Comparative genomics of the genus *Bifidobacterium*[J]. Microbiology, 2010, 156(11): 3243-3254
- [24] Yanling H, Dawei H, Fazheng R, et al. Complete genome sequence of *Bifidobacterium longum* subsp. *longum* BBMN68, a new strain from a healthy chinese centenarian[J]. Journal of Bacteriology, 2011, 193(3): 787-788
- [25] Loquasto JR, Barrangou R, Dudley EG, et al. Short communication: the complete genome sequence of *Bifidobacterium animalis* subspecies *animalis* ATCC 25527<sup>T</sup> and comparative analysis of growth in milk with *B. animalis* subspecies *lactis* DSM 10140<sup>T</sup>[J]. Journal of Dairy Science, 2011, 94(12): 5864-5870
- [26] Delcenserie V, Gavini F, Beerens H, et al. Description of a new species, *Bifidobacterium crudilactis* sp. nov., isolated from raw milk and raw milk cheeses[J]. Systematic Applied Microbiology, 2007, 30(5): 381-389
- [27] Kim MS, Roh SW, Bae JW. *Bifidobacterium stercoris* sp. nov., isolated from human faeces[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2010, 60(12): 2823-2827
- [28] Killer J, Sedlacek I, Rada V, et al. Reclassification of *Bifidobacterium stercor* is Kim et al. 2010 as a later heterotypic synonym of *Bifidobacterium adolescentis*[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2013, 63(11): 4350-4353
- [29] Morita H, Nakano A, Onoda H, et al. *Bifidobacterium kashiwanohense* sp. nov., isolated from healthy infant faeces[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary

Microbiology, 2011, 61(11): 2610-2615

[30] Endo A, Futagawa-Endo Y, Schumann P, et al. *Bifidobacterium reuteri* sp. nov., *Bifidobacterium callitrichos* sp. nov., *Bifidobacterium saguini* sp. nov., *Bifidobacterium stellenboschense* sp. nov. and *Bifidobacterium biavatii* sp. nov. isolated from faeces of common marmoset (*Callithrix jacchus*) and red-handed tamarin (*Saguinus midas*)[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2012, 35(2): 92-97

[31] Euzeby J. List of new names and new combinations previously effectively, but not validly, published[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2012, 62(5): 1017-1019

[32] Tsuchida S, Takahashi S, Nguema PPM, et al. *Bifidobacterium moukalabense* sp. nov. isolated from the faeces of wild west lowland gorilla (*Gorilla gorilla gorilla*) in Gabon[J]. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2014, 64(Pt2): 449-455

[33] Jin Y, Li Z, Xiankai L, et al. A proteome reference map and proteomic analysis of *Bifidobacterium longum* NCC2705[J]. Molecular & Cellular Proteomics, 2006, 10(1074): 1105-1118

[34] Jin Y, Bin W, Zhongke S, et al. Analysis of host-inducing proteome changes in *Bifidobacterium longum* NCC2705 grown *in vivo*[J]. Journal of Proteome Research, 2008, 7: 375-385



2015 年中国微生物学会及各专业委员会学术活动计划表(2-2)

序号	会议名称	主办/协办单位	时间	人数	地点	联系方式
8	全国酶工程学术研讨会	酶工程专业委员会	7-8 月	200	待定	
9	工业企业微生物安全控制技术与实践研讨会	中国微生物学会工业微生物学专业委员会	8 月	150	北京	010-53218310
10	第 12 届全国海洋药物论坛	中国微生物学会海洋微生物学专业委员会	8 月	200	浙江舟山	林文瀚 13701285168
11	第 7 届全国微生物资源学术暨国际微生物系统与分类学研讨会	中国微生物学会微生物资源专业委员会	8 月 25-30 日	400	浙江杭州	阮志勇 010-82108651-620 许学伟 0571-81963208
12	第六届中国临床微生物学大会暨生物学与免疫学论坛	中国微生物学会临床微生物学专业委员会	9 月 11-13 日	400	待定	0574-87035856
13	生物安全培训会议	中国微生物学会微生物生物安全专业委员会	9 月	80	武汉	18600189362
14	医学微生物学与免疫学专委会青年学组成立并学组研讨会	中国微生物学会医学微生物学与免疫学专业委员会	9 月 下旬	100	重庆	hoofuquan@aliyun.com
15	第十一届全国病毒学学术会议	中国微生物学会病毒学专业委员会	10 月	600	湖北武汉	吴莹 wuying@im.ac.cn
16	全国发酵过程优化与控制高级技术培训班	中国微生物学会生化过程模型化与控制专业委员会	10 月	80-100	上海	刘健 jliu@nc-bio.com
17	2015 年医学真菌学新进展学术研讨会暨中美真菌班举办三十周年纪念会	中国微生物学会真菌学专业委员会	10 月	200	江苏南京	刘维达
18	2015 年中国微生物学会学术年会	中国微生物学会	10 月 23-26 日	600	湖北宜昌	杨海花, 王旭 010-64807200
19	第十八次全国环境微生物学学术研讨会	中国微生物学会环境微生物学专业委员会	11 月 13-16 日	500	江苏镇江	蒋建东 025-84399726
20	第十届全国芽孢杆菌青年工作者学术研讨会	中国微生物学会农业微生物学专业委员会	11 月底	100	湖北武汉	胡晓敏 huxm@wh.iov.cn
21	中国微生物与白酒酿造技术研讨会	中国微生物学会工业微生物学专业委员会	12 月	150	四川宜宾	010-53218310
22	生物安全研讨会	中国微生物学会微生物生物安全专业委员会	12 月	60	北京	18600189362
23	微生物的全基因组测序及生物信息学分析	中国微生物学会生物制品专业委员会	待定	150	待定	67095437/67095601