

海洋单胞菌的研究进展

魏 力 周俊初 李友国*

(农业微生物学国家重点实验室 华中农业大学 武汉 430070)

摘 要: 简要综述了近年国内、外对海洋单胞菌的一些研究进展, 包括分类地位、生态分布、功能基因和活性分子等, 并对其未来发展趋势进行了展望。

关键词: 海洋单胞菌, 分类地位, 生态分布, 功能基因

Research Advance on *Marinomonas*

WEI Li ZHOU Jun-Chu LI You-Guo*

(State Key Laboratory of Agricultural Microbiology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070)

Abstract: In this mini review, some research advance on *Marinomonas* from domestic and overseas was briefly summarized, mainly including of its classification, ecological distribution, functional genes and bioactive molecules. Furthermore, some suggestion and perspectives for further studies on *Marinomonas* were also proposed.

Keywords: *Marinomonas*, Classification, Ecological distribution, Functional genes

微生物在海洋中的分布非常广泛, 由于海洋具有高压、高盐、低营养、低温、无光照以及局部高温等独特的环境, 造就了海洋微生物种类的特异性及代谢途径的多样性, 可产生与陆地微生物完全不同的生物活性物质^[1, 2]。海洋单胞菌属作为海洋细菌中的重要一员, 在生态系统中扮演着重要角色, 能够产生重要的酶和结构新颖的代谢产物, 也为深入研究其分子机制及作用模式, 提供了很好的材料。

1 海洋单胞菌属的分类地位

海洋单胞菌属 (*Marinomonas*) 最早是在 1983 年由 Van Landschoot 和 De Ley 为了给两个特别的交替单胞菌属 (*Alteromonas*) 的菌种归类提出的^[3]。基于 rRNA-DNA 杂交和酶轮廓的分析证明这两个菌株和

其他的交替单胞菌属的菌种有很大的差别。同时, 这两个菌株还可以分解芳香族化合物, 菌体的两端各有一根鞭毛。因此, 把这两个特别的交替单胞菌归于新的属。基于免疫学的研究结果, Bowditch 等在几乎同时提出, 把它们归入海洋螺菌属 (*Oceanospirillum*)。但是后来基于 rRNA-DNA 杂交的进一步的研究表明它们和交替单胞菌属的联系并不紧密。因此把其定为海洋单胞菌属, 此后海洋单胞菌属这一名词便被广为接受。

海洋单胞菌属的基本生物学特性: 直或弯的杆菌, 0.7 μm ~1.5 μm \times 1.8 μm ~3.0 μm ; 不积累聚- β -羟基丁酸盐; 不形成微胞囊或芽孢; 革兰氏染色为阴性; 通常以一根或两根极生鞭毛运动; 属于化能异养菌, 呼吸代谢而不是发酵代谢; 分子氧是普遍

基金项目: 农学教学实验用微生物菌种资源标准化整理、整合及共享试点(2005DKA21208-6)

* 通讯作者: Tel: 027-87281685; Fax: 027-87280670; 信箱: liyouguo2001@yahoo.com.cn

收稿日期: 2007-04-09; 接受日期: 2007-05-16

的电子受体;不能还原硝酸盐到亚硝酸盐,不能够进行反硝化;精氨酸双水解酶阴性;几乎所有种都需要海水;利用D-山梨醇、DL-苹果酸、 α -酮基葡萄糖酸盐、D-甘露糖、D-果糖、琥珀酸盐、富马酸盐、甘油和m-羟基苯甲酸盐;明胶酶和脂酶均为阴性。模式种为普遍海单胞菌(*Marinomonas communis*)。基于以上生物学特性和分子生物学特征,根据最新的Bergey分类系统,海洋单胞菌属属于海洋螺菌科(*Oceanospirillaceae*),变形菌纲(*Gammaproteobacteria*)。

2 海洋单胞菌生态分布

海洋微生物是海洋生态系统中的重要组成部分,海洋微生物的多样性研究,有助于我们更为深入地掌握海洋微生物的分布特征及其在整个海洋生态系统中的功能与作用,对深入开展海洋生态环境研究具有重要的意义。近年来,海洋微生物多样性研究及其在海洋生态系统中的作用越来越受到海洋科学家的重视,对海洋单胞菌属而言也不例外。近些年来,海洋单胞菌属已有许多新的物种被发现(如*Marinomonas polaris*、*Marinomonas dokdonensis*、*Marinomonas ushuaiensis*、*Marinomonas pontica*和*Marinomonas primoryensis*等)。这些菌种地理分布跨度非常之大:夏威夷群岛外海、日本海岸的海冰、黑海沿岸、乌斯怀亚(阿根廷)的南极地附近、地中海和中国海南三亚等地都有它们的身影^[4-9]。

由于元基因组学、蛋白质组学的兴起,特别是在微生物群落分析中的应用,也相继发现了一些不可培养海洋单胞菌^[10-12]。基于16S rRNA基因指纹图谱技术,发现在饮用水系统中存在*Marinomonas*^[13]。通过Metaproteome的分析方法^[14],以*Marinomonas*为探针,在美国弗吉尼亚州切萨皮克海湾(Chesapeake Bay)也检测到了*Marinomonas*的存在。可见,海洋单胞菌在自然界的分布是非常广泛的。

3 新酶和功能蛋白质的研究

DMS(Dimethyl sulfide)产生相关酶——DMSP(Dimethylsulfoniopropionate)即二甲基亚砷丙酸盐,一种渗透保护物,主要存在于海洋中,由海洋中的一些浮游植物、藻类、蓝细菌和海岸植物等产生^[15]。它被海洋中的一些细菌降解为DMS,其中DMS为气体,进而从海洋释放到大气中,被大气氢氧自由基氧化为硫酸盐和甲磺酸盐,形成硫酸盐气溶胶,这些气溶胶对海洋大气云凝结核的形成起重要作用,由于云的反射作用使地面温度降低,从而影响气候。

另外,大气中的硫50%以上都来自海洋,它能够促进酸雨的产生。因此,它在驱动海洋和大气之间的硫素循环中具有重要作用。一些海洋细菌中存在DMSP裂解酶使DMSP被降解为二甲基硫化物(DMS)和丙烯酸盐^[16],这条途径也是被普遍接受和认可的DMS产生途径,然而新近研究结果表明,在*Marinomonas*.sp MWYL1中发现不同于DMSP裂解酶的一条新的代谢途径^[17]。DMS产生的关键基因dddD基因已经被首次克隆,其编码的蛋白属于型乙酰辅酶A转移酶家族,而不属于裂解酶家族,还发现了一些调节基因dddT、dddB、dddC和dddR。这一重大发现为研究细菌参与的海洋和大气之间的硫循环的深层机制开拓了全新的视野。

多酚氧化酶——它是潜在的多功能酶,在生物体中参与黑色素合成的关键酶。它的活性中心有2个铜离子,这两个铜离子能与周围的氮原子和氧原子形成三种不同的状态-铜离子态(Emet)、氧铜离子态(Eoxy)、亚铜离子态(Edeoxy)。*Marinomonas mediterranea*的基因组包含2个顺反子的操纵子-ppoB1和ppoB2^[18],与黑色素的生物合成有关。ppoB1编码酪氨酸酶辅基蛋白,ppoB2编码负责结合铜离子的伴侣蛋白。然而,ppoB1在Eucaryota和一些细菌包括链霉菌中 orthologues,ppoB2产物没有和MelC1等同源。有趣的是PpoB2包含有6个跨膜螺旋,并且不能象链霉菌中功能组分一样被分泌。*Marinomonas mediterranea*也有另一个产生黑色素的酶——漆酶。ppoA和ppoB的表达调控证实了进化的重要性和黑色素的产生是对环境的适应。它受双组分信号转导体系的调控,主要是包括膜锚定感应的组氨酸激酶和胞内的响应调控蛋白^[19]。在受到外界的环境刺激之后,激酶位于胞外的N端结构域通过位于胞内的C端结构域的组氨酸位点的自身磷酸化而发生构型变化,磷酸基团被转移到位于胞内响应调控蛋白的天冬氨酸位点上,最终发生胞内反应。酪氨酸酶和漆酶是多酚氧化酶的两大大主要类型,有趣的是,它们同时存在于*Marinomonas mediterranea*中,这也进一步证实了生物进化和环境适应的重要性。

冷活性铁超氧化物歧化酶的纯化和鉴定——超氧化物歧化酶是一种能够催化超氧化物歧化的金属酶,通常分为三类:铜/锌超氧化物歧化酶,锰超氧化物歧化酶和铁超氧化物歧化酶。一般微生物的铁超氧化物歧化酶的最适酶活温度是在60~70℃,但是,Zhou Zheng等从*Marinomonas* sp. NJ522分离出一种

<http://journals.im.ac.cn/wwxtbcn>

冷活性的铁离子超氧化物歧化酶^[20]。*Marinomonas* sp. NJ522 分离自极端环境南极冰海,这种极端环境使南极生物遭受更高的氧胁迫,并且该菌能在温度为 0℃ 生长,因此,也造就了 *Marinomonas* sp. NJ522 产生特殊的超氧化物歧化酶。该酶在 pH 值 8~10 和温度为 40℃ 有最佳活性,并且在 0℃ 时仍有最高酶活的 35%。它对热是敏感的,60℃ 时的半衰期只有 10min。它的酶活会被二巯苏糖醇,β-巯基乙醇,尿素和硫脲处理略微加强,而用 EDTA 和 EGTA 处理会抑制酶活,PMSF 对酶活没有影响。冷活性超氧化物歧化酶在 40℃ 有最大酶活,与人的体温很接近,因此,该酶在医药和化妆品将会有潜在的应用价值。

抗菌蛋白 Marinocine 的发现-Marinocine 是分离自 *Marinomonas mediterranea* 一种广谱抗菌蛋白^[21]。由 Lucas-Elio P 等分离纯化 marinocine,并且用简并引物克隆到了编码 Marinocine 的基因 *lodA*。Marinocine 抗菌蛋白只有在含有 L-赖氨酸的培养基并且是在好氧条件下才具有抑制效应。产生过氧化氢,证实有 L-赖氨酸氧化酶活性。最近,Marinocine 被证实是一种新型的赖氨酸氧化酶^[22,23],能催化 L-赖氨酸的氧化脱氨反应,形成 6-半醛-2-氨基己二酸,氨气和过氧化氢。这种新酶和其它相关赖氨酸转化酶比较,它能释放过氧化氢,而其它的酶催化赖氨酸的终产物为 2-氨基己二酸,它们在动力学参数、底物特异性和抑制模式等方面显示出明显不同,并且对赖氨酸有高度的特异性,被其它底物类似物如尸胺、6-氨基己二酸和β-氨基丙腈所抑制,这也就暗示出酪氨酸衍生的苯醌辅因子存在它的活性位点。抗菌蛋白在自然环境细菌之间的相互作用和竞争中有着重要的作用。研究此类蛋白对于阐述其生理作用和潜在抗菌活性的应用是非常必要的。

抗冻蛋白(antifreeze proteins AFPs)——它是一类能在两种不同的状态抑制冰晶形成的冰结合蛋白。在冰冻的状态,具有抑制冰晶再次形成的能力,在零度以下破坏小晶体的形成。在寒冷的气候里,一些不能避免冰冻的植物和细菌利用抗冻蛋白来减轻由冰晶所造成的破坏。抗冻蛋白有弱的降低凝固点活性,可避免突发的和不可控的冰晶的生成。抗冻蛋白已经在动物、植物、真菌和真细菌中被发现。Gilbert 等在南极 vestfold 山分离到了几株 RI(Recrystallization inhibition,抑制再结晶)活性的细菌^[24],其中一株经鉴定为海洋单胞菌(*Marinomonas primoryensis*),并且,它的 AFP 活性在几株细菌中是

最高的,它分离自盐度为 1.9%、永久温度为-1℃ 到 +1℃ 和 1~2m 深冰覆盖的南极盐湖,推测正是由于这种环境使它进化为具有较高抗冻活性。包括分离自冰冻环境的其它有抗冻活性的细菌(如 *P. putida*、*R. erythropolis*、*M. cryophilus*、*Moraxella* sp and *P. fluorescens*) 都需要 RI 活性蛋白来阻止冰晶的再次形成,即使最大潜力的抗冻蛋白是不可能阻止在冰冻的环境下结冰的,当结冰必然发生时,高 TH 活性趋向于引起快速的、不可控冰晶的形成。但是,*Marinomonas primoryensis* 所产生的抗冻蛋白具有钙离子依赖活性,需要有钙离子协同作用,能降低凝固点 2℃ 以上。不像大部分抗冻蛋白,来自 *Marinomonas primoryensis* 的抗冻蛋白在热滞后状态下不能产生明显的晶体,这或许会导致 *Marinomonas primoryensis* 本身避免结冰。

4 次生代谢产物的分离

黑色素(Melanin)是广泛存在于动物、植物和微生物体中结构复杂多样的黑色难溶性色素的总称。它作为一种次生代谢产物,对生长不是必要的,但与防御功能有关。它能防御很多胁迫因子(诸如紫外线、氧化剂、自由基等)^[25]。通常微生物黑色素的合成具有以下几条途径:1)以酪氨酸作为前体,在酪氨酸酶作用下合成黑色素;2)漆酶作用下合成黑色素;3)黑色素也能通过氧化尿黑素或 P-联苯酚产生;4)二羟基奈黑色素是通过聚酮合成酶途径,从乙酸衍生而来。*Marinomonas mediterranea* 产生的黑色素是在酪氨酸酶或漆酶作用下合成,然而,我们发现 *Marinomonas*.sp MWYL1 的黑色素合成不是由酪氨酸酶或漆酶控制,与真菌或链霉菌的黑色素合成途径相似(已经另文发表),推测是在细菌中发现的一条新的代谢途径。细菌中黑色素的主要功能表现在以下几个方面^[26]:在病原菌中作为毒力因子;在细菌介导的大气氮的固定中起着重要作用;在许多异化细菌中作为电子受体;结合环境中的重金属。因此,深入挖掘此次生代谢产物的作用机制及其功能,可能能够进一步探索细菌和真菌的进化,其分子机制正在进行深入研究。

5 展望

海洋单胞菌能够产生多种不同的胞外酶或胞内酶,表明它们的代谢途径具有多样性,有助于研究微生物的代谢作用及其调控机制,在微生物代谢组学研究领域具有重要的意义。海洋单胞菌在海洋和

陆地环境中的广泛分布, 表明它们的适应机制和存活策略具有多样性和适应性, 研究其适应机制和存活策略有助于我们深刻的了解海洋微生物生态系统的多样性和海洋与陆地生态系统间相互作用。对一些极端条件下海洋单胞菌生存机理的研究能揭示生物起源与进化。

重金属污染的生物修复是污染整治的重要手段之一, 是目前世界范围内的研究热点, 亦是目前仅见的土壤污染治理的环境友好技术。其中, 采用微生物修复研究得比较多, 也比较切实可行。Mio Takeuchi 等在比较海洋细菌和非海洋细菌对砷的抵抗和去除中发现^[27], *Marinomonas communis* 具有较强的砷抵抗和去除能力, 能抵抗砷的有效浓度达 510 mg/L。细菌 *Marinomonas communis* 生长在含 5 mg/L 砷酸盐的培养基后, 砷在细胞中累积能达到 2290 $\mu\text{g/g}$ (干重)。这也就暗示出 *Marinomonas communis* 可用作砷污染水体的微生物修复。此外, 研究极端环境条件的海洋单胞菌能够开发出极端酶应用于工业生产。同样, 对微生物菌种选育、改良和培养工艺等的创新具有重要理论价值。

事实上, 海洋单胞菌属和假交替单胞菌属在过去同属于交替单胞属^[28], 在假交替单胞菌属里已经发现很多结构新颖的生物活性物质和酶, 另外, *Marinomonas mediterranea* 本身就是一株能够产生丰富的次级代谢产物的海洋细菌。那么, 随着微生物研究领域的不断深入, 基因组学和功能基因组学的开展, 在未来必将有更多的海洋单胞菌物种被发现, 揭示和阐明新的代谢途径和结构新颖的化合物。*Marinomonas* sp. MWYL1 的 DMSP 降解途径和黑色素代谢网络将被了解得更加透彻。因此, 在这一领域的研究必将成为关注的热点, 为其它海洋微生物的研究提供参考, 也将为社会创造更高的价值。

参 考 文 献

- [1] Frette L, Johnsen K, Jorgensen NO, et al. Functional characteristics of culturable bacterioplankton from marine and estuarine environments. *Int Microbiol*, 2004, **7**(3): 219–227.
- [2] Mincer TJ, Spyere A, Jensen PR, et al. Phylogenetic analyses and diterpenoid production by marine bacteria of the genus *Saprospira*. *Curr Microbiol*, 2004, **49**(4): 300–307.
- [3] Macian MC, Arahal DR, Garay E, et al. *Marinomonas aquamarina* sp. nov., isolated from oysters and seawater. *Syst Appl Microbiol*, 2005, **28**(2): 145–150.
- [4] Romanenko LA, Uchino M, Mikhailov VV, et al. *Marinomonas primoryensis* sp. nov., a novel psychrophile isolated from coastal sea-ice in the Sea of Japan. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2003, **53**(Pt 3): 829–832.
- [5] Yoon JH, Kang SJ, Oh TK. *Marinomonas dokdonensis* sp. nov., isolated from sea water. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2005, **55**(Pt 6): 2303–2307.
- [6] Prabakaran SR, Suresh K, Manorama R, et al. *Marinomonas ushuaiensis* sp. nov., isolated from coastal sea water in Ushuaia, Argentina, sub-Antarctica. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2005, **55**(Pt 1): 309–313.
- [7] Ivanova EP, Onyshchenko OM, Christen R, et al. *Marinomonas pontica* sp. nov., isolated from the Black Sea. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2005, **55**(Pt 1): 275–279.
- [8] Gupta P, Chaturvedi P, Pradhan S, et al. *Marinomonas polaris* sp. nov., a psychrophilic strain isolated from coastal sea water off the subantarctic Kerguelen islands. *Int J Syst Evol Microbiol*, 2006, **56**(Pt 2): 361–364.
- [9] Yu Y, Li HR, Chen B, et al. Phylogenetic diversity and cold-adaptive hydrolytic enzymes of culturable psychrophilic bacteria associated with sea ice from high latitude ocean, Arctic. *Acta Microbiologica Sinica*, 2006, **46**(2): 184–190.
- [10] Weidner S, Arnold W, Stackebrandt E, et al. Phylogenetic Analysis of Bacterial Communities Associated with Leaves of the Seagrass *Halophila stipulacea* by a Culture-Independent Small-Subunit rRNA Gene Approach. *Microb Ecol*, 2000, **39**(1): 22–31.
- [11] Jensen S, Bergh O, Enger O, et al. Use of PCR-RFLP for genotyping 16S rRNA and characterizing bacteria cultured from halibut fry. *Can J Microbiol*, 2002, **48**(5): 379–386.
- [12] Jensen S, Ovreas L, Bergh O, et al. Phylogenetic analysis of bacterial communities associated with larvae of the Atlantic halibut propose succession from a uniform normal flora. *Syst Appl Microbiol*, 2004, **27**(6): 728–736.
- [13] Eichler S, Christen R, Holtje C, et al. Composition and dynamics of bacterial communities of a drinking water supply system as assessed by RNA- and DNA-based 16S rRNA gene fingerprinting. *Appl Environ Microbiol*, 2006, **72**(3): 1858–1872.
- [14] Kan J, Hanson TE, Ginter JM, et al. Metaproteomic analysis of Chesapeake Bay microbial communities. *Saline Systems*, 2005, **1**: 7.
- [15] Ansede JH, Friedman R, Yoch DC. Phylogenetic analysis of culturable dimethyl sulfide-producing bacteria from a spartina-dominated salt marsh and estuarine water. *Appl Environ Microbiol*, 2001, **67**(3): 1210–1217.
- [16] Miller TR, Belas R. Dimethylsulfoniopropionate metabolism by *Pfiesteria*-associated *Roseobacter* spp. *Appl Environ Microbiol*, 2004, **70**(6): 3383–3391.
- [17] Todd JD, Rogers R, Li YG, et al. Structural and regulatory genes required to make the gas dimethyl sulfide in bacteria. *Science*, 2007, **315**(5812): 666–669.
- [18] Lopez-Serrano D, Solano F, Sanchez-Amat A.. Identification of an operon involved in tyrosinase activity and melanin synthesis in *Marinomonas mediterranea*. *Gene*, 2004, **342** (1): 179–187.
- [19] Jimenez-Juarez N, Roman-Miranda R, Baeza A, et al. Alkali and halide-resistant catalysis by the multipotent oxidase from *Marinomonas mediterranea*. *J Biotechnol*, 2005, **117** (1): 73–82.
- [20] Zheng Z, Jiang YH, Miao JL, et al. Purification and characterization of a cold-active iron superoxide dismutase from a Psychrophilic Bacterium, *Marinomonas* sp. NJ522. *Biotechnol Lett*, 2006, **28**(2): 85–88.
- [21] Lucas-Elio P, Hernandez P, Sanchez-Amat A, et al. Purification and partial characterization of marinocine, a new broad-spectrum antibacterial protein produced by *Marinomonas mediterranea*. *Biochim Biophys Acta*, 2005, **1721**(1–3): 193–203.

<http://journals.im.ac.cn/wwxtbcn>

- [22] Lucas-Elio P, Gomez D, Solano F, *et al.* The antimicrobial activity of marinocine, synthesized by *Marinomonas mediterranea*, is due to hydrogen peroxide generated by its lysine oxidase activity. *J Bacteriol*, 2006, **188**(7): 2493–2501.
- [23] Gomez D, Lucas-Elio P, Sanchez-Amat A, *et al.* A novel type of lysine oxidase: L-lysine-epsilon-oxidase. *Biochim Biophys Acta*, 2006, **1764**(10): 1577–1585.
- [24] Gilbert JA, Davies PL, Laybourn-Parry J. A hyperactive, Ca²⁺-dependent antifreeze protein in an Antarctic bacterium. *FEMS Microbiol Lett*, 2005, **245**(1): 67–72.
- [25] Plonka PM, Grabacka M. Melanin synthesis in microorganisms--biotechnological and medical aspects. *Acta Biochim Pol*, 2006; **53**(3): 429–443.
- [26] Nosanchuk JD, Casadevall A. The contribution of melanin to microbial pathogenesis. *Cell Microbiol*, 2003, **5**(4): 203–223.
- [27] Takeuchi M, Kawahata H, Gupta LP, *et al.* Arsenic resistance and removal by marine and non-marine bacteria. *J Biotechnol*, 2007, **127**(3): 434–442.
- [28] Ivanova EP, Zhukova NV, Svetashev VI, *et al.* Evaluation of phospholipid and fatty acid compositions as chemotaxonomic markers of *Alteromonas*-like proteobacteria. *Curr Microbiol*, 2000, **41**(5): 341–345.

(上接 p.34)

征 稿 简 则

3.4 摘要写作注意事项

3.4.1 英文摘要:

1) 建议使用第一人称, 以此可区分研究结果是引用文献的还是作者的; 2) 建议用主动语态, 被动语态表达拖拉模糊, 尽量不用, 这样可以避免好多长句 (毕竟不是我们的母语), 以求简单清晰; 3) 建议使用过去时态, 要求语法正确, 句子通顺; 4) 英文摘要的内容应与中文摘要一致, 但可比中文摘要更详尽, 写完后务必请英文较好、且专业知识强的专家审阅定稿后再返回编辑部。5) 摘要中不要使用缩写语, 除非是人人皆知的, 如: DNA, ATP 等; 6) 在英文摘要中, 不要使用中文字体标点符号。

3.4.2 关键词: 应明确、具体, 一些模糊、笼统的词语最好不用, 如基因、表达……

4 特别说明

4.1 关于测序类论文

凡涉及测定 DNA、RNA 或蛋白质序列的论文, 请先通过国际基因库 EMBL (欧洲) 或 GenBank (美国) 或 DDBJ (日本), 申请得到国际基因库登陆号 (Accession No.) 后再投来。

4.2 关于版权

4.2.1 本刊只接受未公开发表的文章, 请勿一稿两投。

4.2.2 凡在本刊通过审稿、同意刊出的文章, 所有形式的 (即各种文字、各种介质的) 版权均属本刊编辑部所有。作者如有异议, 敬请事先声明。

4.2.3 对录用的稿件编辑部有权进行文字加工, 但如涉及内容的大量改动, 将请作者过目同意。

4.2.4 文责自负。作者必须保证论文的真实性, 因抄袭剽窃、弄虚作假等行为引发的一切后果, 由作者自负。

4.3 审稿程序及提前发表

4.3.1 来稿刊登与否由编委会最后审定。凡被录用的稿件将及时发出录用通知, 对不录用的稿件, 一般在收稿 1 个月之内通过 E-mail 说明原因, 打印稿不退。稿件经过初审、终审通过后, 作者根据编辑部返回的退修意见进行修改补充, 然后以投稿时的用户名和密码登陆我刊网址上传电子版修改稿, 待编辑部复审后将给作者发送稿件录用通知单, 请作者将修改稿纸稿和签字盖章后的承诺书一并寄回编辑部, 按照稿号顺序进入排队发表阶段。

4.3.2 对投稿的个人和单位一视同仁。坚持文稿质量为唯一标准, 对稿件采取择优先登的原则。如作者要求提前发表, 请在投稿的同时提出书面报告, 说明该研究成果的重要性、创新性、竞争性和提前发表的必要性, 经过我刊的严格审查并通过后, 可予提前刊出。

5 发表费及稿费

论文一经录用, 将在发表前根据版面收取一定的发表费并酌付稿酬、赠送样刊及单行本。

6 联系我们

地址: 北京市朝阳区大屯路中国科学院微生物研究所 B401 《微生物学通报》编辑部 (100101)

Tel: 010-64807511

E-mail: tongbao@im.ac.cn

网址: <http://journals.im.ac.cn/wwxtbcn>

<http://journals.im.ac.cn/wwxtbcn>