



从 IJSEM 发表的论文看我国的微生物分类

徐丽华 姜成林*

(云南大学云南省微生物研究所教育部微生物资源重点实验室 昆明 650091)

摘要: 介绍了各国 2003 年在 IJSEM 杂志发表论文的情况, 我国学者在微生物分类学领域所做的工作, 并对几个值得重视的问题进行了述评。

关键词: 微生物, 分类学

中图分类号: **文献标识码:** A **文章编号:** 0253-2654 (2004) 02-00-0

International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (简称 IJSEM) 是 2000 年从以前的 International Journal of Systematic Bacteriology (简称 IJSB) 更名而来的。它是国际微生物联盟主办的微生物分类学国际性专业杂志。原来主要是刊登细菌分类学论文。改名 IJSEM 以后, 真菌方面的论文也有刊登。可以说, 这份杂志是国际微生物分类学界公认的一份权威性杂志, 可以从一个侧面反应一个国家微生物分类研究的状况。以下重点介绍 2003 年各国在该杂志发表论文的情况, 并对一些值得重视的问题谈一些初浅的看法。

1 各国发表的论文情况

按第 1 署名单位初步统计, 今年, 全世界在 IJSEM 发表论文最多的国家是日本, 共计 40 篇。按发表论文数量的多少, 顺序如下: 第 2 德国 30 篇, 第 3 美国 27 篇, 第 4 俄罗斯 25 篇, 第 5 韩国、比利时各 21 篇, 第 6 中国、西班牙各 17 篇, 第 7 法国 16 篇, 第 8 英国 12 篇, 第 9 奥地利 10 篇。值得一提的是韩国, 最近几年在该杂志上发表的论文逐年增多, 大有后来居上之势。如果仅以微生物分类而言, 韩国可以算一个大国。

2 微生物分类比较集中的单位

根据作者的了解, 目前细菌 (含放线菌) 分类作得最出色的单位是 DSMZ (德国国家菌种保藏中心) 以 Stackebrandt 教授为首的实验室。他本人今年在 IJSEM 发表的论文就有 24 篇 (在该杂志发表 170 多篇)。以 16S rRNA 序列构建系统发育树, 作为细菌分类的现代分子分类程序都是 Stackebrandt 等^[1-3]最先提出来的。Waksman 因从链霉菌发现了链霉素而获得了诺贝尔奖, 从而他开创了放线菌分类及抗生素学。为了纪念这位科学家, New Jersey 大学成立了 Waksman 微生物研究所。在以后的 1960~1980 年, Lechevalier 夫妇^[4,5]继承 Waksman 的事业, 在放线菌分类领域做了许

* 联系人 Tel: 0871, 5034139, Fax: 0871-5173878, E-Mail: lihxu@ynu.edu.cn

收稿日期: 2003-12-12

多出色的贡献, 化学分类系统就是他们建立的。但是随着这对夫妇退休, 到今年, 该所的研究方向完全改变, 已没有学者从事微生物分类, 今年在 IJSEM 已没有论文发表。

3 国内状况

中国科学院微生物研究所今年在 IJSEM 发表的论文 10 篇, 云南大学云南省微生物研究所教育部微生物资源重点实验室发表的 6 篇, 中国农业大学发表的 1 篇。以第一作者发表论文最多的作者是李文均 (4 篇), 李铭刚、张琦、ZHAO Jian-Hua, WANG Qi-Ming, ZHU Fei, ZHU Lin, XUE Yan-Fen, CAO Xian-Hua, ZHANG Jian-Li, TONG Hui-Chun, LU Zhi-Tang, WEI Ge-Hong 等发表的都是 1 篇。以通讯作者发表的论文姜成林 6 篇, 东秀珠 3 篇, 刘志恒 2 篇, 白逢彦 2 篇, 周培谨、马延和、陈文新各 1 篇。我国这样一个大国, 地域辽阔, 微生物资源丰富。相比之下, 微生物分类的研究人员实在太少, 研究的实验室也太少, 工作的深度和广度都嫌不够。从我国学者发表论文的内容来看, 新的分类单位描述较多, 而其在微生物分类理论、方法的创新明显不足。

4 几个值得重视的问题

(1) 在以 rRNA 为主的分子分类已经比较普及的今天, 应该按照分类学的要求, 吸取基因组学、生物信息学的最新成就, 探索新的生物大分子, 用以建立新的分类系统, 使分类学更能反应生物进化的本来面目和生物之间的真实关系, 例如 DNA 拓扑异构酶、解旋酶基因就可作为选择对象。(2) 一般认为, 如果两个菌株的 16S rRNA 序列相似性在 98% 以上, 就得做 DNA 分子杂交。但现行的几种杂交方法都有较大误差, 应该探索新的途径, 如新的酶切 DNA 图谱等技术。(3) 特定类群的快速鉴定, 例如 *Nocardiosis* 属描述的菌种并不多, 如何尽早排除已知菌就成了急待解决的问题; 现在已经描述的链霉菌有 3000 多“种”以上, 如何尽早鉴别出已知链霉菌也很重要。(4) 放线细菌是一个很大的类群, 产生的生物活性物质很多, 是很有开发潜力的资源, 很有必要加强这群微生物的分类工作。(5) 国内外的工作表明, 未知微生物无穷。因此, 设计新的独特的分离方法, 分离未知菌, 为分类学和资源开发利用提供新菌源^[6]。

参 考 文 献

- [1] Stackebrandt E, Woese C R. Symp Soc Gen Microbiol, 1981, 32: 1~31.
- [2] Stackebrandt E, Woese C R. Curr Microbiol, 1981, 5: 197~202.
- [3] Stackebrandt E, Wunner-Fussel B, Fowler V J, et al. Int J Syst Bacteriol, 1981, 31: 420~431.
- [4] Lechevalier M P, Lechevalier H A. Biol Actinomycetes Relat Org, 1976, 11: 78~92.
- [5] Lechevalier M P, Lechevalier H A. The chemotaxonomy of actinomycetes. In: Dietz and Thayer (editors), Actinomycete taxonomy, Special Publication 6, Society for Industrial Microbiology, Arlington, VA, 1980, 227~291.
- [6] 刘志恒, 姜成林. 放线菌现代生物学与生物技术. 北京: 科学出版社, 2004.