



关于细菌新分类单元描述的标准化

徐丽华* 李文均 张玉琴 姜成林

(云南大学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: 为了提高微生物新分类单元描述的质量, 便于撰稿和编审, IJSEM 编辑部对新分类单元的描述提出了要求。对论文写作格式, 使用的实验方法, 分子分析, 新物种的确定及描述等相关问题进行了介绍, 供国内同行撰文时参考。

关键词: 细菌分类, 描述, 标准化

中图分类号: Q93 **文献标识码:** A **文章编号:** 0253-2654 (2004) 06-0126-02

Int J Syst Evol Microbiol (简称 IJSEM) 是国际公认的微生物系统与进化学杂志。在该杂志上发表微生物新物种, 就会得到国际承认, 并录入有效发表名录。为了提高新分类单元描述的质量, 便于撰稿和编审, IJSEM 编辑部要求尽量以短文格式发表新物种, 并提出稿件必须满足的“最低标准”^[1]。撰稿人可参考 Stackebrandt 等人《关于重新评价新种的定义》^[2] 和《放线细菌分类系统》^[3] 两篇论文。下面以 Actinobacteria 纲、Micrococccineae 亚目的 *Yania halotolerans* 新属^[4] 为例, 简述新物种描述的“标准化”内容, 供同行参考。

1 引言

在大多数稿件中, 这部分内容可以省略。为了避免重复叙述已知属、种已描述过的内容, 只需列出所参考的相近属和种及其文献, 以代替大量的过程描述。多数情况下, 不必陈述分离该新分类单元的理由。也不必单独列出“Introduction”条目。

2 材料与方法

这是改变最大的部分。由于多项分类程序已经比较普及, 关于材料和方法部分的条目都可以省去。

3 结果及讨论

由于取消了“材料和方法”的条目, 所以“结果和讨论”的条目也自然取消, 而是将方法和结果放在同一条目下叙述。即以菌种来源及培养条件, 形态学特征, 生理生化特性或代谢特性, 化学分类特性, 系统进化分析或分子分析, 分类讨论, 菌种描述等条目进行陈述。

* 联系人 Tel: (0871) 5035263, E-mail: lihxu@ynu.edu.cn

收稿日期: 2004-06-21, 修回日期: 2004-07-18

4 关于化学分类

除了全细胞糖、胞壁氨基酸、极脂^[5]、醌^[6]、脂肪酸^[7]的分析结果外,通常新物种应该有肽桥 N-末端氨基酸 (N-terminal amino acid of the interpeptide bridge)^[8], 氨基酸分子比 (Molar ratios of amino acids)^[9], 及肽聚糖异构体 (Enantiomers of peptidoglycan)^[6,10]等的分析结果。一般以引用文献的方式,代替方法本身的陈述。如果采用的方法有改进,需加以说明。化学分类的部分分析程序国内有的实验室还没有建立,应尽早建立,以便与国际“接轨”。

5 关于分子分析

最近相关的调查资料显示,分子方法和系统发育分析得到了相当广泛的应用。很多情况下,引用文献即可。只在描述新属时才有必要对 rRNA 基因序列变化、系统发育,和已发表的数据进行尽可能简要的比较。系统进化分析至少要用邻位相连法和最大简约法两种算法,并用 bootstrap 值以提供证据进行充分的分析。而且比较的已知有效种也不宜多(20 种左右即可),外群菌株的差异不宜过大。特别注意,新属描述时,最好要有特征性碱基 (Unique 16S rDNA signature nucleotides) 的比较结果^[3]。至于特征性碱基的位置,在各个属以上分类单元应该有所不同,目前也没有统一的说法,这有待进一步研究。而且应该设计相应的计算机程序予以“标准化”。描述新种时,只有在新种和已知种的系统发育树显示出较大差异时,才有必要重新画出系统发育树。详尽的材料要存入 IJSEM 在线的补充资料上。

6 关于确立新种

目前比较通行的办法是,与相近种的 16S rRNA 序列相似性在 98% 以上,就必须作 DNA-DNA 分子杂交;DNA 同源性在 70% 以下就可定为一个新种。实际上,为了区分相近种,还可以采用其他分子方法,诸如各种酶切图谱,特定基因序列比较等等。同一属内在系统发育树上的相近种,它们的表型特征和基因型特征都可以列表进行比较,也可在正文中作比较。但主要比较有区别的特征,而相同特征则不列出。

参 考 文 献

- [1] Kampfer P, Buczolits S, Albrecht A, *et al.* International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2003, **53**: 893 ~ 896.
- [2] Stackebrandt E, Frederiksen W, Garrity G, *et al.* International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2002, **52**: 1043 ~ 1047.
- [3] Stackebrandt E, Rainey F A, Ward-Rainey N L. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 1997, **47**: 479 ~ 91.
- [4] Li W J, Chen H H, Xu P, *et al.* International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 2004, **54**: 525 ~ 531.
- [5] Ventose A, Marquez M C, Kocur M, *et al.* International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 1993, **43**: 245 ~ 248.
- [6] Groth L, Schumann P, Rainey F A, *et al.* International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 1997, **47**: 1129 ~ 1133.
- [7] Kampfer P, Kroppenstedt R M. Canadian Journal of Microbiology, 1996, **42**: 989 ~ 1005.
- [8] Schleifer K H. Methods of Microbiology, 1985, **18**: 123 ~ 156.
- [9] Mackenzie S L. Japanese Associate Of Analysis Chemistry, 1987, **70**: 151 ~ 160.
- [10] Frank H, Rettermeier A, Welcker H, *et al.* Clinical Chemistry Acta, 1980, **105**: 201 ~ 211.