

# 运用微型计算机进行肠杆菌科的鉴定

朱 光 明

(江苏省食品公司中等专业学校, 南京)

**摘要** 在微型计算机上采用 BASIC 语言和概率最大近似值模型法编制程序, 以肠杆菌科为鉴定模式, 用该科的 20 个种(属)的细菌为分类单位, 将各分类单位的 20 个生化试验的阳性概率值编入程序。在未知菌生化结果输入后, 计算出被鉴定菌与各分类单位相比较的相似值( $PX_n$ ) 和鉴定值( $PX_n/\Sigma PX_n$ )。程序规定鉴定值大于 0.995 时, 被鉴定菌与相比较的分类单位为同一细菌。运用该程序对 248 株肠道杆菌进行鉴定, 符合率达 93.9%。

**关键词** 微型计算机; 肠杆菌科鉴定

肠杆菌科是革兰氏阴性杆菌中形态极为相似的一大类群, 对该科细菌的鉴定必须做项目繁多的系统生化反应。对这些生化反应的结果, 如果依靠人工记忆或查阅资料进行比较, 困难较多。Friedman 认为<sup>[1]</sup>, 如果用 15 项生化反应和阳性阴性结果进行未知菌与已知菌的比较, 就有  $2^{15}$  个组合。此外, 即使是同一属、种的细菌作相同项目生化试验也可能表现出不同的反应结果。而且这种概率的差异因菌型不同呈现的差异也很大。特别是对那些较低的阳性概率更难判定。因此, 有必要对这些批量的结果建立起一种数学模式, 借助于电子计算机来完成对数据的处理和结果的判断。本文报道将用概率最大近似值模型法对 248 株肠道杆菌进行计算机的细菌学鉴定结果, 符合率达 93.9%。其软件程序结构组成如下:

1. 将肠杆菌科的细菌名称赋予程序中的字符串变量。

2. 通过电算机利用建立起来的数学模式进行数据处理后对未知菌进行鉴定。

3. 打印出鉴定结果。

4. 数据部分, 即贮存已知菌株的各种生化反应的阳性概率值。

按照概率法的要求首先要确定鉴定模式(即肠杆菌科), 然后要确立分类单位(taxa)。本试验程序的分类单位选择了肠杆菌科中 13 属中的 20 个种(属)的细菌: 1. 沙门氏菌属(*Salmonella*), 2. 艾希氏大肠菌属(*Escherichia*), 3. 亚利桑那菌属(*Arizona*), 4. 志贺氏菌属(*Shigella*), 5. 爱德华氏菌属(*Edwardsiella*), 6. 枸橼酸杆菌属(*Citrobacter*), 7. 沙雷氏菌属(*Serratia*), 8. 普通变形杆菌(*Proteus vulgaris*), 9. 奇异变形杆菌(*P. mirabilis*), 10. 摩尔根氏变形杆菌(*P. morganii*), 11. 雷极氏变形杆菌(*P. rettgeri*), 12. 普罗菲登斯菌属(*Providencia*), 13. 肺炎克雷伯氏菌(*Klebsiella pneumoniae*), 14. 臭鼻克雷伯氏菌(*K. ozaenae*), 15. 鼻硬结克雷伯氏菌(*K. rhinoscleromatis*), 16. 阴沟肠杆菌(*Enterobacter cloacae*), 17. 产气肠杆菌(*E. aerogenes*), 18. 哈夫尼亚肠杆菌(*E. hafnina*), 19. 液化肠杆菌(*E. liquefaciens*), 20. 果胶杆菌属(*Pectobacterium*)。

程序中所使用的 23 个生化试验项目尽可能选用便于操作、重复性好、结果判定明确客观的项目。按程序中的顺序排列如表 1。

表 1 肠杆菌科鉴定模式中的试验项目

1. 葡萄糖(产酸)	9. 卫矛醇	17. 苯丙氨酸脱羧酶
2. 葡萄糖(产气)	10. 山梨醇	18. 鸟氨酸脱羧酶
3. 蔗糖	11. 枸橼酸盐	19. 尿素酶
4. 阿拉伯糖	12. 硝酸盐	20. 硫化氢
5. 乳糖	13. 丙二酸钠	21. 吲哚
6. 甘露醇	14. 水杨苷	22. V-P
7. 肌醇	15. 七叶灵	23. 动力
8. 侧金盞花醇	16. 赖氨酸脱羧酶	

分类单位和试验项目确定后,还应求出各分类单位的各试验项目的概率-模式概率值。模式概率值是将各分类单位的已知菌株做大量化的系统生化反应所得的阳性概率。为了使将来程序判定准确,根据统计学原理,样本试验的次数越多也就使结果越接近于真值。故这种试验的次数越多越好(数百次以上)。如果有已报道的资料也可以作为模式概率值编入程序。本文所用的模式概率值多引用《肠杆菌科鉴定》<sup>[1]</sup>一书。参照 Lapage 等<sup>[2]</sup>所制定的标准——一个分类单位在试验中始终得到阳性结果其概率值为 0.99,反之则为 0.01。在这个范围之间的概率值一般以 0.05 为一定值间隔(即 0.01, 0.05, 0.10……0.90, 0.95, 0.99)。如概率为 0.83, 0.77 其定值分别为 0.85, 0.75。也可以以其概率值直接作其定值。如上例中的 0.83, 0.77 其模式定值即为 0.83, 0.77。这种分类单位的试验结果的概率就是模式概率值。将这些概率值以分类单位为纵列,试验项目为横行列成方阵表。然后再将这些概率值按照从左到右、由上至下的顺序编入程序的 DATA 语句中(即程序的第四部分),连同整个程序输入微电脑的内存单元。也可将程序贮存到磁带或软盘上备用。

完成上述工作后就可以利用未知菌的试验结果输入电脑进行鉴定。微电脑对未知菌的鉴定原理和顺序见表 2 (范例)。

①首先确定未知菌和已知菌比较后的概率(P)值。如果试验项目是阳性结果,其概率值

就取被比较的已知菌的模式概率值;如果是阴性结果其概率取被比较菌的模式概率值的补数( $P_{\text{阴}} = 1 - P_{\text{阳}}$ )。如表 2 中,未知菌的三项试验结果分别为(+、-、-)。如未知菌和 A 菌相比较,未知菌的概率分别取 0.80、0.05 (1-0.95), 0.01 (1-0.99)。

表 2 鉴定模式的相似值和鉴定值的计算

分类单位	模式概率值 (试验项目)			相似值 (PX <sub>n</sub> ) PX <sub>n</sub> = P <sub>1</sub> · P <sub>2</sub> · P <sub>3</sub>	鉴定值 (P <sub>n</sub> ) P <sub>n</sub> = PX <sub>n</sub> / ΣPX <sub>n</sub>
	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>		
A 菌	0.80	0.95	0.99	PX <sub>A</sub> = 0.80 × 0.05 × 0.01 = 0.0004	P <sub>A</sub> = PX <sub>A</sub> / ΣPX <sub>n</sub> = 0.00429
B 菌	0.99	0.99	0.99	PX <sub>B</sub> = 0.99 × 0.01 × 0.01 = 0.000099	P <sub>B</sub> = PX <sub>B</sub> / ΣPX <sub>n</sub> = 0.00016
C 菌	0.99	0.05	0.01	PX <sub>C</sub> = 0.99 × 0.95 × 0.99 = 0.931095	P <sub>C</sub> = PX <sub>C</sub> / ΣPX <sub>n</sub> = 0.999465
				ΣPX <sub>n</sub> = PX <sub>A</sub> + PX <sub>B</sub> + PX <sub>C</sub> = 0.931594	
未知菌	+	-	-	结果: 被鉴定菌和 C 菌为同一细菌	

②用上述方法将未知菌与已知菌的每一试验项目相比较后的概率相乘就是未知菌与这一分类单位(已知菌)相比较的相似值 (PX<sub>n</sub> = P<sub>1</sub> · P<sub>2</sub> · P<sub>3</sub>)。

③用未知菌与各分类单位相比较的相似值做分子。各相似值的总和 (ΣPX<sub>n</sub>) 做分母就得到未知菌与各分类单位相比较后的鉴定值 (P<sub>n</sub> = PX<sub>n</sub> / ΣPX<sub>n</sub>)。

本试验程序中规定鉴定值大于 0.995, 被鉴定菌就是和相比较的已知菌是同一种细菌。只要将试验结果输入微电脑, 上述过程均由微电脑根据程序的要求自动完成。如被鉴定菌在鉴定模式范围内, 微电脑将打印出被鉴定后的细菌名称。如果所有的鉴定值都小于 0.995, 将打印出“非肠道杆菌科”, 即被鉴定菌不在鉴定模式内, 是非肠道杆菌科的细菌。

# 参 考 文 献

- [1] Friedman, R. et al.: *Ann. J. Clin. Pathol.*, 60: 395, 1973.
- [2] P. B. 爱德华, W. H. 爱文著, 郝士海等译: 肠杆菌科的鉴定, 1978.
- [3] Lapage, S. P. et al.: *J. Gen. Microbiol.*, 77: 273, 1973.