

[澳] V. B. D. 斯克尔曼 著

细菌属的鉴定指导

(附方法及属的特征提要)

科学出版社

内 容 简 介

本书是为了进行细菌属的鉴定而编写的。书中所用的属名与含义主要根据“伯杰氏鉴定细菌学手册”(第七版),但在其“细菌属的综合检索表”中同时列举出克拉西里尼科夫氏系统和普里沃氏系统中所使用的相应的属名以及其他文献中的重要属名。书中除有“细菌属的综合检索表”外,还有各属的提要简介,概述各属的特性;还有关于属的鉴定所需的方法;属后还附有学习指导,便于根据少数突出的特性将属归群。书中对当前国外流行的“数值分析法”也做了扼要简短的介绍。

本书内容简明扼要,还附有1966年以前有关分类的重要文献,可供大专院校师生及科技人员进行细菌属的鉴定时参考。

V. B. D. Skerman

A GUIDE TO THE IDENTIFICATION OF THE GENERA OF BACTERIA

With Methods and Digests
of Generic Characteristics
(Second edition 1967)

细 菌 属 的 鉴 定 指 导

(附方法及属的特征提要)

[澳] V. B. D. 斯克爾曼 著

蔡妙英 凌代文 战立克 译

洪俊华 刘聿太 林锦桩

王大超 徐 浩 校

科 学 出 版 社 出 版

北京朝阳门内大街137号

中国科学院印刷厂印刷

新华书店北京发行所发行 各地新华书店经售

1978年11月第一版 开本: 787×1092 1/16

1978年11月第一次印刷 印张: 26

印数: 0001—5,300 字数: 599,000

统一书号: 13031·750

本社书号: 1076·13—9

定 价: 4.00 元

译 者 的 话

在毛主席革命路线指引下,细菌在工农业生产和医学方面的应用日益广泛,随之,对细菌分类的要求也逐步提高。遵照毛主席关于“洋为中用”的教导,我们翻译了斯克尔曼著的《细菌属的鉴定指导》(第二版)。该书主要根据《伯杰氏鉴定细菌学手册》(第七版)而编写的,同时又参考了《托普累氏及威尔逊氏细菌学及免疫学原理》(第五版)、普里沃著的《细菌分类学》(1961)、克拉西里尼科夫著的《细菌和放线菌的鉴定》以及其它论文。该书主要是为了进行细菌属的鉴定而用的。书中各属的提要中还归纳了伯杰氏手册(七版)以外的文献资料(至1966年),对于理解各属的概念很有助益。书后附有学习指导也便于依据少数突出特性将属归群,适于从事微生物工作的同志的需要。书中还集中介绍了有关各属鉴定的方法,这也是其它同类的书中少有的,但其中有些作法应根据我国具体情况而修改。第二版增添的“数值分析初步”一章,使我们对当前国外流行的“数值分类法”有个概要的了解。书中前部份属的检索表依各类菌的特性在名称方面列出了不同分类系统的同物异名,并注明了归于该属的某些种,是该检索表可取之处。但编排较为烦琐,不太便于应用,又有所欠缺。

学习外国的东西是为了研究和发展我们中国的东西。我们必须以毛主席的光辉哲学思想为武器,对译文予以批判地吸收,“如同我们对于食物一样,必须经过自己的口腔咀嚼和胃肠运动,送进唾液胃液肠液,把它分解为精华和糟粕两部分,然后排泄其糟粕,吸收其精华”,以发展我国的细菌分类学。

由于我们水平有限,在翻译中定有不妥之处,请批评指正。

译 者

1973.12.

第一版序言

“细菌属的检索表”是一本用于鉴定细菌属的一般性指导的技术书，它对科研工作者、教师和学生很有助益。此书也包括了伯杰氏细菌鉴定手册第七版中和一些原始文献中发表过的资料的“提要”。该书的内容包括“检索表和方法”，这就促进了在细菌描述中更普遍应用共同的程序。提要的主要目的是以更明确的方式使人们注意各属描述中的欠缺处，以便采取步骤修改它们。书中的“学习指导”综合了不同学科领域的知识，便于使用。

本书想作为“手册”的补充，并期望它的使用将为未来的版本的发展做出实际的贡献。

(摘译)

V. B. D. Skerman

1958年10月

第二版序言

“细菌属的检索表”是为了给研究工作者、教师和学生一本鉴定细菌属时用的一般性指导的书,此书载有为此目的所需要的方法。

由于系统分类学具有强烈的主观因素,而细菌间系统关系的观点,各国有所不同,所以力图在“检索表”中沟通其差异,亦即在“检索表”中,把列于本书首页上的系统细菌学的四个主要出版物所采用的命名并列起来,同时也结合了自第一版出版以来发表的资料。这个任务是不容易的。这并不等于给同一机体确定一下不同作者称呼它的名称就行了;它还是一个消化和转达概念的问题。也就是由于这一点,我可能没有完全成功。这使得有必要对检索表的内容作某些重大的改变,虽则其总结构仍然未予变动。

自手册第七版出版以来,在系统分类学中又有几项重大贡献,而使手册中某些部分过时。这是不可避免的。尽管如此,我仍在“属的提要”部分中,保留从伯杰氏手册而来的资料,如有需要就按新资料修改,特别在大肠杆菌科(*Enterobacteriaceae*),则以国际分会给予的定义补充之。这样做的主要目的是提供一些正发生的过渡变化的情况。

“属的提要”没有包括那些在“检索表”中有、而在手册第七版没有的那些属。相应的原始文献引证于“检索表”中。

绝大多数情况下,“提要”的补充是自手册最后一版以来出现的分类学的参考文献的目录。在任何意义上说来,这目录不应作为完全的或最适当的。

在“方法”的部分扩充了由于“检索表”的增补所需要做的相应添加的方法。很显然一套方法总不能适应所有的目的。然而,有一种呼声是,除了特殊要求之外,一切工作者应采用一些共同的程序,从而可对不同群的细菌间的比较,提供一个较好的基础。

本书的“学习指导”已加以修改,以配合新属的学习。

本书另外增加了“数值分析”这一短章。基于 Adanson 氏等量重要原则的这些方法使用的迅速发展,有必要使分类工作者熟习这项技术,以便使他们理解最近发表的工作。这一章必然是初步的,但仅此目的,也就足够了。

V. B. D. Skerman

目 录

译者的话.....	iii
第一版序言.....	v
第二版序言	vii
引言.....	1
数值分析初步.....	3
细菌属的鉴定的综合检索表.....	14
属的提要.....	131
方法.....	293
学习指导.....	379
索引.....	386

引 言

“检索表”结构上与本书的前一版相同。主要是在内容上有较大的变化,并且在某些情况下,进行鉴定的顺序也有所改变,这是不同工作者以不同方式建立其分类单位时所必不可少的。在“检索表”的每项末尾指明各个作者所放置的菌的属(或群);在属名以后的括弧中的说明是资料的来源,而与命名人无关。在大肠杆菌科中应用的 ICNB 的缩写字系指国际细菌命名委员会大肠杆菌科分会的报告而言,发表于 Intern. Bull. Bacteriol. Nomen. Taxon.: 8, 1958, 25; 13, 1963, 69. 缩写 T 和 W 指 Topley 和 Wilson 氏的“细菌学和免疫学原理”(第五版, Arnold)、Ewing 氏资料主要指 W. H. Ewing 于 Intern. Bull. Bacteriol. Nomen. Taxon.: 13, 1963, 95. 发表的文章。普氏(Prévot)和克氏(Krassilnikov)的资料指在序言中已引过的他们的出版物。

对粘细菌目(Myxobaetales)和极微菌纲(Microtobiotes)的检索表仅是把手册提供的材料重新排列,以这种形式刊出是由原作者和出版者承允的。

“检索表”某些地方不是二叉分枝法的,这些变更发生于:(a)对插添(insertion)的妥当性有所怀疑,而用了二叉分枝法之外的方法,使以后修改时,可以不再重编和重排检索表的号码;(b)由于一项后加的插添,以至需要完全重编检索表号码;(c)显然除了二叉分枝之外的方法更为方便,例如在 B 部份。

分路(Shunt)用于解释发生分歧,或某一测定只有非普遍性用途。由于这个设计,有机体可能以二叉分枝法分为二群。某些属菌根据一些专用的测定划分出一个群,留下的菌由进一步的测定重新划分为另一群。这种分路用于处理多细胞有机体,而另一个则用于划分球菌。

作为 A 部分的脚注的术语定义被保留下来了。作者收到一些关于使用毛发体(trichome)一词的批评。大家都不希望用它。这一点作者是同意的,但是这个术语仍被应用于限定在手册中应用的不同方面。在以后手册的版本中和今后的文献中,免用它是可望实现的。

“多细胞”(multicellular)这一术语的应用也受到理所应受的批评。不凭借特殊的染色方法而在杆状体中有清晰的分隔的那些有机体,在“检索表”中被当作为多细胞体。例如显核菌属(*Caryophanon*)。然而,对那些较小的细胞像诺卡氏菌属(*Nocardia*)在“检索表”中藉助于分路以条款的方式规定了它们为多细胞,尽管还需要一些特殊的方法来证实这一点。

在“检索表”和“属的提要”中,随属名后的资料页数有两种形式。在前头写手册的是指在“Bergey 氏的细菌鉴定手册”第七版的页数;另外的是指本书的页数。

依照 Palleroni 和 Doudoroff 的意见(J. Bacteriol., 89, 1965, 264)似乎有必要对“不致病或还不知是植物致病菌”一项予以说明。人们常常发现从土壤中分离的有机体具有已知植物致病菌的属的特征。手册和另外的“检索表”往往根据致病性的证据,而在这种情况下,它的致病性又是尚不知道的。人们可以用整个植物界普遍地试测其致病性,或者,

也是更合理地,试用其它方法鉴定之。直至所有我们的一切菌都被重新描写过,并且我们能够用计算机来判断其同一性以前,我们只能做我们力所能及的事。在这些“检查表”中,所有植物致病菌都要既当作致病菌又当作不致病菌来测定。同样,产色素的假单胞菌(*Pseudomonas*)和沙雷氏杆菌(*Serratia*)也被当作不产色素的菌测定,而根瘤菌(*Rhizobium*)则如我们不知道它产生根瘤那样对待。因此,致病性的知识对属的鉴定不是根本性的,但如果有的话,是个有用的指导。因此,“不致病或不了解其致病性”的写法不带有Palleroni和Doudoroff可能设想的那种含意。尽管如此,由于这些知识有助于鉴定,所以它仍然包括在这些“检索表”中。

方法是从许多来源收集而来的。大部分在作者试验室里测定过的。在绝大多数情况下,都依照原始的操作,但是,特别对自养细菌的合成培养基,在原始方法之外,还提出了以一种通用的合成基本培养基为基础的一套全新的供选用的培养基。这些方法不能认为是“标准方法”。但是,我们希望一起普遍采用这些方法和“检索表”,导致在属的水平上的描述有更大的一致性。在提出的方法中,也包括了使用“检索表”直接有关的几个分离培养物的方法。

反对使用一个通用的方法的理由,是事实上不能保证这一方法就是原作者所用过的方法,即或如此,也不能保证以后的作者使用相似的方法。这种反对的理由虽是有根据的,但是,就是现在还不是不可能以通用的规范来重复鉴定诸种,并且将来也继续使用这一规范。

目前这种不加选择地使用测定方法只会导致混乱。采用较为统一的方法会使目前情况下的知识更为清晰,并且会成为更富有成效的研究的一种动力。

非常希望在方法问题上能达成某些国际协议。

“属的提要”一章是分析了手册中的材料而编制的。在许多事例中,特别是对硫细菌或铁细菌的较老的德文文献和最近描写的属,也查阅了原始文献。“提要”的目的是着重提出种的描述中的不足之处。除了在手册中放在极小菌纲(*Microtobiotes*)的有机体之外,“提要”分为二部分,即“鉴别特征”和“要点”。由于本书作者对极小菌纲(*Microtobiotes*)没有个人的亲身经验,所以把手册上每属所提供的属的描写放在“鉴别特征”项下。其它属的鉴别特征是“检索表”由下往上追溯而得的。

在“检索表”的编排中,作出了许多假定以应付资料的缺乏。在发生严重疑问时,其特征以阳性或阴性表示之。有些假定看来是合理的,例如无色的菌会缺乏叶绿素,就这样地假定它。当然,也可能有些假定是不合理的。

在“要点”内的材料不应看作是对属的不重要的描写。在某些情况下,归于这一部分的特征在整个属中是完全一致的,但未编入“检索表”中。在“要点”中材料的编辑方面,列出了描述种的数目,并且在测定过的种数之上,也列出了每项测定中的阳性种数。例如,在一个属内可能有82个种,吲哚测定引证了47个种,阳性的为28个。在本文中即总结为“产吲哚为28/47”。研究这些材料,对于每个属中那些种的测定项目的一致程度,会有一个数量的概念。

本书的“学习指导”希望能有助于学生学习分类。

对于更高级别的分类单位的参考书一般未引入。这样做的目的在于促使反复考虑在属的水平上的证据。

数 值 分 析 初 步

最近几年在系统细菌学研究的发展中突出的事情是在分类中又回到 Adanson 氏原则(即等量重要原则——译注)上去。应用这些原则于细菌分类学应归功于 Sneath。Sokal 和 Sneath (1963) 于数值分类学原理 (Principles of Numerical taxonomy W. H. Freeman and Co.) 一书中已彻底地回顾了各种提议。在此我只想提出一个关于这一方法的简短但可用的纲要, 并强调它的某些方面对未来的系统学的重要性。由于分析的形式是用数值, 所以这一学科一般称为“数值分类学”(Numerical Taxonomy)。

数值分析用于处理实验室研究细菌菌株时所积累的资料。每株菌株是一个“操作分类单位”(OTU, Operational Taxonomic Unit), 它在任何分类系统中都是最重要的单元。每个菌株是被一系列单个特征所说明的, 这些特征可能是解剖学的, 培养的, 生化的或血清学的, 或可能与噬菌体侵染的敏感性有关的, 虽然后二项并不认为是最合适的特征(见 Sokal 和 Sneath)。为了统计, 单个特征数目不应少于 60 个。单个特征应是互相独立的, 在分类范畴中, 即形态学、生理学、生化等项中, 要均匀分布。由于并不总是能够测定其独立性, 相关影响可由增加单个特性的数目而大大地抵消之。在最近的研究中, 特征数目已超过 150 个。每个单个特征的选择应该决定于所用的每株菌株。

选定的特征可以是定性的, 例如革兰氏染色, 或者是能定量的, 例如对某种抗菌素的敏感度。如果是后者, 必须设计出某些人为的方法以使用离散单位来表示定量的数值。例如, 对链霉素的敏感度可以用 0—5, 6—10, 11—20 或 21—50 微克/毫升诸级的敏感度来表示。定量数据处理的问题将在后文中讨论。

所有的测定必须在一套标准的情况下进行。发表任何数据时, 所有的资料, 包括方法, 必须详细说明。这就是完善的分类实践, 并不局限于数值分析要这样做。

为了图解解释方法, 用同样的几项试验测定过的少数操作分类单位(OTU)作为说明之用。表 1(I)表明了 11 个 OTU(A_1 — A_{11})对于 12 个独立的定性试验的反应。

对那种称为“传统”的分类, 人们通过这样一个表格试行重新排列这些群, 结果, 显示有共同特征的那些菌是以表 1(II)所示的方式而归成群。如果形成的群似乎与另一群还具有足够的差别, 人们可能倾向于在一个共同的属内分别给予每一个群一个种名, 或如果所成的群大不相似, 那么就放在不同属内定为种。

如果有人面对如表 1 那样的事实, 并且他不了解特征的性质或 OTU 的来源, 则重新排列会是没有侧重的, 每个特征都被看作具同样重要的价值。这是 Adanson 氏分析的一个必要的出发点(M. Adanson 1963, *Familles des Plantes*, Vincent, Paris)。另外, 在任一群中, 不需要对某种特征的测定完全是阳性的, 分群是根据属于一群中的一对 OTU 之间的各项测定的总的相似性而划分的。虽然分析方法确实如此, 但最终形成一群的所有的 OTU 事实上都具有若干共同特征的机会将会是很高的, 实践中也就是这样的情况。

在数值分析的行话中, 以这样方式形成的群称之为多元群(polythetic group)。另一方

表 1 Adanson 氏式的分析——“A”菌系分群

I 特征													III "A" 菌系												
菌系	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	菌系	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	
A 1	+	+	-	+	+	+	-	+	+	-	-	+	1	100											
A 2	+	+	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	2	50	100										
A 3	+	-	-	+	+	-	-	+	+	-	-	+	3	50	83	100									
A 4	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	-	+	4	75	75	58	100								
A 5	+	+	-	+	+	+	-	-	+	+	-	+	5	83	50	42	75	100							
A 6	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	+	6	67	67	83	58	50	100						
A 7	+	-	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	7	50	100	83	75	50	67	100					
A 8	+	+	-	+	+	-	-	+	+	-	-	+	8	92	58	58	83	75	58	58	100				
A 9	+	+	-	+	+	-	-	+	+	-	+	+	9	75	58	42	83	92	42	58	83	100			
A 10	+	-	-	+	+	-	+	+	-	-	+	+	10	58	92	92	67	42	75	92	67	50	100		
A 11	+	-	-	+	+	+	+	+	-	-	-	+	11	75	75	75	67	58	83	75	67	50	83	100	

II 特征													IV "A" 菌系												
菌系	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	菌系	1	8	5	9	4	2	7	10	3	11	6	
A 1	+	+	-	+	+	+	-	+	+	-	-	+	1	100											
A 8	+	+	-	+	+	+	-	+	+	-	-	+	8	92	100										
A 5	+	+	-	+	+	+	-	-	+	+	-	+	5	83	75	100									
A 9	+	+	-	+	+	-	-	-	+	+	-	+	9	75	83	92	100								
A 4	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	-	+	4	75	83	75	83	100							
A 2	+	-	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	2	50	58	50	58	75	100						
A 7	+	-	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	7	50	58	50	58	75	100	100					
A 10	+	-	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	10	58	67	42	50	67	92	92	100				
A 3	+	-	-	+	-	-	+	+	-	-	+	+	3	50	58	42	42	58	83	83	92	100			
A 11	+	-	-	+	+	+	+	+	-	-	-	+	11	75	67	58	50	67	75	75	83	75	100		
A 6	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	+	6	67	58	50	42	58	67	67	75	83	83	100	

面,如果有人主张在一群中所有的有机体都必须具有某些共同的特征,这种群叫做单元群(monothetic group)。绝大多数自然存在的多元群实际上在某种程度上是单元群。

相似性的估计

如上所述,菌株的“传统”归类一般用肉眼进行,非常重要是辅之以工作者自己所具有的,而在文献中通常又没有记载的关于菌株的详尽知识。这一点经常是决定性的。不幸的是当人们面前有一大堆数据时,用直接观察来精确地判断其相似性,即使不是不可能的话,也是极其枯燥的。因此,人们必须凭藉数学来估计各株菌株测定结果一致(阳性的或阴性的)的项目数目和不一致的测定项目数目。人们也必须以某种常用的方法来表达这种一致性的测量。

如果有人要这样做时,特征必须以某些离散的形式表示之,以使用数学方法处理。坚持使工作者必须认真地考虑特征的表示方式,并将它化为最简单的形式,这或许是数值方法对分类学的最大贡献之一。

对 OTU 的相似性的估计曾提出过几个方法。在微生物学上常用的一个方法是 Sokal 和 Michener 的符合系数(matching Coefficient) (S_{SM}), 我们在这里应用它,并不意味着它较其它方法,例如相关系数(Correlation Coefficient)、距离的测量(measures of distance)和中心倾向测定法(measures of central tendency),更为优越。

$$S_{SM} = \frac{\text{阳性的和阴性的符合的总和}}{\text{总测定数}}$$

一般应用的公式修改为:

$$S_{SM} = \frac{\text{阳性的和阴性的符合的总和}}{\text{总的测定数} - \text{无效测定数}}$$

后一公式是为了应付当资料中有一项或多项测定不能使用的情况,例如当把自己的

工作与已发表数据比较时,或当采用特殊方法以减少定量测定可能超过定性测定份量时
用之。通常,但不是法定的,以%数表示相似性。

比较表 1 (I) 中的 OTU A_1 和 A_2 , 我们发现阳性符合的数目是 5, 而阴性符合的数目
是 1, 总测定数是 12。

$$S_{SM} = \frac{5+1}{12} \times \frac{100}{1} = 50\%$$

在表 1 (III) 中, 被研究的每个 OTU 和每个其它的 OTU 之间的相似性以三角矩阵的
形式排列出来。

程序中的下一步是构成“簇群”(clusters)。在簇群中每个 OTU 与本簇群中至少一个
另外的 OTU 具有最低水平的相似性。首先寻找具有最高水平相似性的独立的对子, 其它
的 OTU 环绕它们形成“簇群”。就这样地逐项寻找最高水平的相似性, 但不计在对角线上
而不在矩阵中的 100%。在表 1 (III) 中, 在矩阵中的最高水平是 A_2 和 A_7 之间的 100%,
表明绝对相同(这在实践中是很罕见的现象)。

将这一对子从矩阵中取出而贮存起来。再在此矩阵中继续寻找次一级的最高水平的
相似性对子(在这例子中是 92%)。在不断的逐列寻找过程中遇到的第一个对子是 A_1 和
 A_8 。将它放在第二次“贮存”中, 即 92% 符合中, 但在贮存以前, 先检查第一次贮存(即
100%)的符合对子中, 看看后一对 OTU 的任一个是不是已经贮存过。由于并非如此, 所
以这一对子就要放在新的贮存中。继续进行寻找, 下一对 92% 是 OTU A_2 和 A_{10} 。由于
 A_2 已经与 A_7 配对在 100% 的贮存中, 因此这一对子的另一个 OTU (A_{10}) 则连接于 A_2 —
 A_7 对, 这一群就贮于 92% 的贮存中。因为没有打算证明 A_{10} 是否与 A_7 一致到 92% 的程
度, 所以这被称为单连锁群(single-linkage group)。在这种特殊形式的“簇群”分析的
情况下, 对于任一个 OTU 而言, 与形成的群内的任何一个 OTU 达到所需的相似性的水平就
足以把它放在这一群内了。它可能与这一簇群中其它的 OTU 只有很低的相似性。这是
此方法的缺点之一。关于这个问题, 本文的范围不允许我们来讨论(可见 Sokal 和 Sneath)。

只要在各个相似性的水平上, 对整个矩阵进行检查, 就可以形成几个簇群。当一对对
子中二个 OTU 已经以更高的相似性水平分别归属于两个不同的簇群时, 则形成簇群间的
连锁。

如果以此方式继续分析, 在表 1 中所有 OTU 会象表 2 表示的那样形成一个具有 75%
的水平簇群。在这表中, 连接线表示通过这些线连续累积 OTU 而形成一个簇群, 或通
过这些线使分开的簇群连结起来。最后的步骤是决定其次序。要把 OTU 重新排列, 使之
在矩阵中形成多个“簇群”, 如表 1 (IV) 所示。表 2 表示在 83% 的水平上形成两个簇群。
这些在表 1 中用线框出, 并相应地组成 X 和 Y 簇群。

表 2

100%	2-7		
92%	1-8	2-7-10-3	5-9
83%	1-8-5-9-4	2-7-10-3-6-11	
75%	1-8-5-9-4	2-7-10-3-6-11	

注: 在 83% 水平上形成的 1-8-5-9-4 及 2-7-10-3-6-11 两个簇群是表 1 中的 X 及 Y 簇群。

尽管在每一组中我们有了一个 83% 的单连锁簇群,但要注意在簇群中的 OTU 对子中还可能大大地低于这个水平(在 Y 中是 67)。对 X 簇群的进一步检查会发现在簇群内最低的相似值是 75%。可称之为 75% 的多连锁簇群 (multilinkage cluster), 因为每个 OTU 与其余的 OTU 的一致性不少于这个值。

在 Sneath 氏的程序中,测定连结两个三角形的矩形中的所有符合系数的平均值,可得到 X 与 Y 簇群之间的关系。在这个例 2 中,此值为 57%。

表 1 (II) 显示合乎簇群分析结果的重新排列的原始资料。

以同样一些特性检查第二套 OTU 的类似的分析如表 3 所示。B 群的 OTU 的分析结果表明形成两个簇群(1-7-8-3-10 和 2-5-6-4),它们除了 OTU 9 之外都在 83% 水平上。两群之间的连锁首先以 75% 的水平出现在 OTU 2 和 8 之间,OTU 9 则通过 B₅ 于 75% 水平上连接此连合的簇群。提出第二表的目的是为了说明发表 OTU 详细资料的重要性和在不同试验室的工作者对这些资料的可接受性。

在讨论这一点之前,另外一种簇群分析的三角矩阵的方法必须顾及到。人们可以发表符合系数的实际的数值或画一张描影图,更便于用目测来理解三角矩阵。图 1 就是表 1 的这样一个图解。这方法肯定有助于工作者判断在矩阵中存在可能有的簇群,但当其它工作者想将他的观察与已发表的工作相联系时价值就不大了。

资料的发表

重新排列在表 1 (II) 和表 3 (II) 的形式通常以表 4 那样发表于刊物上。用每个簇群的总集表示法,特别是以“V”来表示的可变性,实际上不可能比较两个来源(A 和 B)的 OTU。可变性的多少如表 4 下半部所示那样以阳性反应的 % 方式来表示,也好不了多少。

从表 4 的下部分看,有理由感到 Y 和 W 簇群之间有某些关系,因为在 12 个特征中,在它们之间有 5 个是一致的,并在特征 4, 8, 10 和 12 的正反应的 % 上显示出高水平的一致性。

真正解决比较研究的办法还是要使用菌株的数据。从表 1 和表 3 来的两套数据集中,在表 5 中。在分析前,对相似性矩阵粗略检查,某些有趣的资料是显而易见的。OTU 中的 A₅ 和 B₉ 是相同的, A₆ 和 B₁ 也是那样。不触及到 OTU 的数据是不能发现这个事实的。从表 5 矩阵分析来看,所有的 OTU 正如以前分析中所期望的那样,合并于 75% 的水平。在 83% 水平上有三个群,其中包括 B₉, 而 B₉ 在 B 群中独自仅归群于 75% 的水平,分入 A 群时则具 83% 的水平。

于表 6 中重新排列矩阵,显出有三个 83% 的单连锁群,其中之一联结原始簇群 W 和 Y。在大簇群中,有三个高水平(83—92%)的多连锁群。在 X 和 W+Y, X 和 Z, Z 和 W+Y 之间的相互关系分别是 52%, 58% 和 60%。

由于这些理由,竭力建议将原始 OTU 数据以标准版面在刊物上列出。

命名

Sneath 称每个簇群为一个表观群 (phenon), 并宁愿在这个阶段不认真地试图将表观群与任何传统的分类单位(分类群), 例如一个属或种相联系。这样小心谨慎是值得称赞

表 3 Adanson 氏式的分析——B 菌系分群

I 特征												
菌系	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
B 1	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	+
B 2	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+
B 3	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	+
B 4	-	+	-	+	+	+	+	-	-	+	+	+
B 5	-	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+
B 6	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	+	+
B 7	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	+	+
B 8	+	-	-	+	-	+	+	+	-	+	-	+
B 9	+	+	-	+	+	+	-	-	+	+	-	+
B 10	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-

III 菌系												
菌系	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10		
1	100											
2	67	100										
3	83	67	100									
4	50	83	50	100								
5	58	92	58	92	100							
6	58	92	58	92	83	100						
7	92	58	75	58	50	67	100					
8	92	75	75	58	67	83	100					
9	50	67	50	67	75	58	42	58	100			
10	75	58	92	42	50	50	67	67	42	100		

II 特征												
菌系	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
B 1	+	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	+
B 7	+	-	-	+	-	+	+	+	-	+	-	+
B 8	+	-	-	+	-	+	+	+	-	+	-	+
B 3	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	+
B 10	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	+
B 2	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+
B 5	-	+	-	+	+	+	+	-	-	+	-	+
B 6	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	+	+
B 4	-	+	-	+	+	+	+	-	-	+	+	+
B 9	+	+	-	+	+	+	-	-	+	+	-	+

IV 菌系												
菌系	1	7	8	3	10	2	5	6	4	9		
1	100											
7	92	100										
8	92	83	100									
3	83	75	75	100								
10	75	67	67	92	100							
2	67	58	75	67	58	100						
5	58	50	67	58	50	92	100					
6	58	67	67	58	50	92	92	100				
4	50	58	58	50	42	83	83	92	100			
9	50	42	58	50	42	67	75	58	67	100		

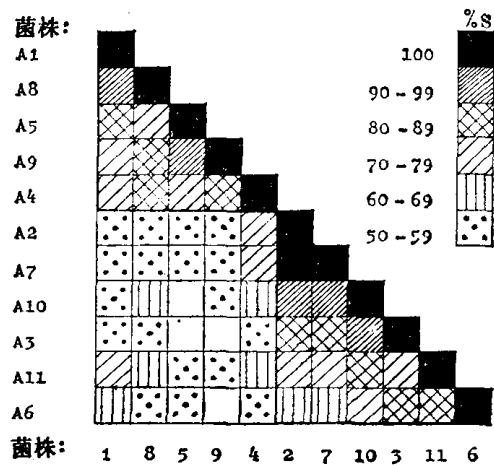


图 1

表 4 菌系“A”及“B”用两种方法简化的数据

特 征												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
X	+	+	-	+	+	✓	-	✓	✓	✓	-	+
Y	+	-	-	+	✓	✓	+	+	-	✓	✓	+
W	+	-	-	✓	-	+	+	✓	-	✓	✓	✓
Z	✓	✓	-	+	+	+	✓	-	✓	+	✓	+

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
X	+	+	-	+	+	40	-	60	80	60	-	+
Y	+	-	-	+	66	33	+	+	-	33	66	+
W	+	-	-	60	-	+	+	60	-	20	20	80
Z	20	60	-	+	+	+	80	-	20	+	40	+

注：数字表示阳性反应%。

菌系的联合分析

注: 在表中的右上方的簇群构成细节中, 凡是“B”菌系的下面均加横线。

表 6 以分析联合菌系数据所得的连锁群为基础的“A”菌系及“B”菌系的重新排列

的。我们仍然不知道以什么形式表达相似性最好，尽管单连锁系统在发展数值分析的概念中有显著的贡献，但不能把它看作为最合适的；在满意地解决之前，仍有待于做许多工作。我们也还不知道相似性的水平到底怎样才能确定各分类范畴，例如种、属等。然而，从现有种的描述中调查大量数据显示出 65% 单连锁簇群约相当于传统的属，而 75% 则相当于种。也曾有些例外，对二者都提出过较高水平。因此，我们在数值分析中也正如传统分析那样面对着同样的问题。

尽管这个事实,我们仍然得到表观群,而且可以从应用这一概念而得到许多好处。在最初的研究中,进行OTU调查时,如包括模式株,新模式株及其它标准菌株,则能得到表观群与传统命名的关系的概念。当一个已命名的菌株和其它的 OTU 一起落入一个非常明确的表观群中,这就有理由提出这一表观群可当做同于此“标记”(已命名)菌株的名称。

这个实践必然引起几个所谓的“种”合并于一个种(见 Cowell 和 Mandel, J. Bacteriol. 89, 1965, 454)或者甚至几个属,例如黄单胞菌属(*Xanthomonas*)和假单胞菌属(*Pseudomonas*)合并为一个属。这个“归并”至少是基于以客观的分析为基础的事实。

另一个使用表观群的目的是没有模式或新模式菌株时,试图确定一个表观群中的哪几个 OTU 会构成一个模式菌株。当一模式菌株已不存在时,要选择一个尽可能近似原始描述的菌株,并把这株菌推荐到细菌命名的永久性的国际委员会的裁决委员会(Judicial Commission of the Permanent International Committee on Nomenclature of Bacteria)批准。一个流行的倡议是选择新模式种应该依赖于一大群菌株的数值分析,而这一群中最富有代表性的菌株应被选出。为实现这种想法还有不同的倡议,并且,对这问题我没有偏见,我想引用 Liston, Wiebe 和 Colwell 的倡议(J. Bacteriol. 85, 1963, 1067)。这一倡议在他们的文章中已予详述。它的要点将在这里讨论。这些作者描述了被他们称之为一个假设的中心菌株(hypothetical median organism)。它的判断方式参见表 7 中他们对铜绿色假单胞菌(*Ps. aeruginosa*)的数据则最易了解。第一步是确定每项测定对诸 OTU 的阳性频率。这些资料依递减次序排列,并依此表,将每项测定单个出现的概率定出。例如 16, 59, 68 和 74 号测定对于 33 个 OTU 有 32 个是阳性,对于任何一个被选定的 OTU 测定的阳性概率是 $32/33=0.97$ 。与此相仿,5 号测定对 33 个 OTU 中 25 个是阳性,任何一个 OTU 对 5 号测定的阳性概率为 $25/33=0.76$ 。

第二步是计算阳性测定的同时出现(mutual occurrence)的概率。这是将每项测定的各个概率相乘而得。在表列的开头的 17 项测定中,每个概率均为 1,因此它们概率的乘积也是 1。这 17 项与下面 4 项(16, 59, 68 和 74 号测定)同时出现的概率是 $1^{17} \times 0.97^4 = 0.89$ 。30 号测定(第 35 项测定)的同时出现的概率是 0.02。再添上 7 号测定,它就降至 0.01,再添上 58 号测定,则降至 0.004。所以看来那个有机体不会有 35 项以上的阳性测定结果。然而,由于某些特征缺乏独立性,这种情况竟然会出现。为了补偿某种特征缺乏独立性这一点,假设的中心菌株可确定为一株具有 35 ± 3 的阳性测定的菌株。在这个情况下,应包括 30 号测定在内的所有的测定。

有人提出假设的中心菌株应该被指定为新模式种。对于这一点是有些反对意见的。由于新数据的获得,即使改变很小,这种指定是易于改变的。它不可能冷冻干燥或保藏于菌种保藏机关以供别人检查。最好的代替方法是选择自然存在的,最近似于它的菌株,例如铜绿色假单胞菌便是这样做的。

且不谈指定作为一个模式或新模式的这方面的目的,假设的中心菌株还能作为估计种的范围的核心。Liston, Wiebe 和 Colwell 提出:所有的与假设的中心菌株具有 75% 或更大的相似性的 OTU 都应该组成种。但应该注意到,所引证的特定例子中,那些作者们测定相似性时只计算阳性符合的情况。若进一步研究这些菌株并把阴性符合包括在内,在一般情况下,对结果的唯一的影响就是产生更高水平的相似性。

这些推荐在能够被普遍接受之前,必然还有待于进一步的研究,但在此期间,它们已是一个非常有用的方法了。

定量法的问题

为了提出一幅使分析浅说成为尽可能清晰的图案,我有意地推迟关于定量法的讨论。

定量特征的应用,使得对那种更依靠定量特性而非依靠定性特性的分析过程中引入了“衡重”这一因素。

表 8 表达了两种稍有差别的所谓非递加编码法(non-addition coding) 的建议。这最初是由 Sneath (J. Gen. Microbiol., 17,1957,201)以及 Beers 和 Lockhart (J. Gen. Microbiol., 28 ,1962,633)提出的。在每个例子中,计数结果是基于两种不同的估算相似性的方法。一个计算方法 S(I)只计入阳性符合。把阴性符合和“无效测定”特征(nc)二者从分母中的测定总数目内减去。第二个 S(II)是 Sokal 和 Michener 修改的符合系数的公式。在这例子中,我选择了大小的定量法。用 S(I)时,在 Beers 和 Lockhart 的方法中每个比

表 7 在33株铜绿色假单胞菌 (*Ps. aeruginosa*) 样品中特征出现的频率

特 征*	出 现 频 率	计算出的概率
11,14,17,18,28,38,41,51,56,60,62,64,65,69,71,72,76	33	1.00
16,59,68,74	32	0.97
43	31	0.94
45	30	0.91
29,54	29	0.88
21,25,36	28	0.85
22	26	0.79
5	25	0.76
27,32	24	0.73
42	20	0.61
8	19	0.58
30	17	0.52
7	14	0.43
58	13	0.39
26	10	0.30
4,33,73	9	0.27
44	7	0.21
20,67	6	0.18
24,75	5	0.15
31,37	4	0.12
1,46	2	0.06
3,39,52,53,55,56,63,70	1	0.03

* 最低限度计算过的菌株所取特征为 11, 14, 17, 18, 28, 38, 41, 51, 56, 60, 62, 64, 65, 69, 71, 72, 76; 最大限度计算过的菌株具有一切阳性特征 (由 11 到 70)。由 Liston, Wiebe 及 Colwell 同意,转载自 J. Bacteriol., 85, 1963, 1067。

表 8

定量记数方法

供衡重补偿用

例: 对大小而言,取用 5 个菌,其长度为 A=1.7, B=3.0, C=4.0, D=1.5, E=6.0 μ 。

记数法: 方法 I 忽略不计一切阴性符合及一切“nc”(无效测定)的记载。

方法 II 包括一切阴性符合及一切“nc”的记载*。

$$S(I) = \frac{(\sum +)}{\text{全体} - [(\sum -) + (\sum \text{nc})]}$$

$$S(II) = \frac{(\sum +) + (\sum -)}{\text{全体} - \sum \text{nc}}$$

编 码					特 征					相 似 性	
大小	1	2	3	4		1	2	3	4		S(I) S(II)

Beers and Lockhart

2	+	-	-	-	A	+	-	-	-	A-B	$\frac{0}{1}$	$\frac{2}{3}$
2-5	nc	+	-	-	B	nc	+	-	-	A-C	$\frac{0}{1}$	$\frac{2}{3}$
5-8	nc	nc	+	-	C	+	-	-	-	A-D	$\frac{1}{1}$	$\frac{4}{4}$
8	nc	nc	nc	+	D	nc	+	-	-	A-E	$\frac{0}{1}$	$\frac{1}{2}$

Sneath

大小	1	2	3	4	5		1	2	3	4	5		S(I)	S(II)
2	+	+	-	-	-	A	+	+	-	-	-	A-B	$\frac{1}{2}$	$\frac{3}{4}$
2-5	+	nc	+	-	-	B	+	nc	+	-	-	A-C	$\frac{1}{2}$	$\frac{3}{4}$
5-8	+	nc	nc	+	-	C	+	+	-	-	-	A-D	$\frac{2}{2}$	$\frac{5}{5}$
8	+	nc	nc	nc	+	D	+	nc	nc	+	-	A-E	$\frac{1}{2}$	$\frac{2}{3}$

* 原文如此，若上文方法Ⅱ指 S(Ⅱ)公式，则原文似应为“包括一切阴性符合而忽略不计一切“nc”的记载”。——译者注

表 9 多 态 特 征 的 编 码

递 加 编 码					非 递 加 编 码				
菌 株	状 态	1	2	3	4	菌 株	状 态	X	Y ₁ Y ₂ Y ₃
A	没有	0	-	-	-	A	0(检查不出)	-	nc nc nc
B	+	1	+	-	-	B	1(弱+)	+	+ - -
C	++	2	+	+	-	C	2(中+)	+	nc + -
D	+++	3	+	+	+	D	3(强+)	+	nc nc +
E	++++	4	+	+	+				

相 似 性

$$S = \frac{(\sum +)}{\sum \text{全体} - \sum \text{nc}}$$

B-D	$\frac{1}{4}$	作为两个状态的特征	$\frac{1}{2}$
B-C	$\frac{1}{4}$	计数，而未企图减低	$\frac{1}{3}$
C-D	$\frac{2}{4}$	多态特征所占的份量	$\frac{1}{2}$
A-D	$\frac{0}{4}$		$\frac{0}{1}$

注：采自 Sokal 和 Sneath 著“数值分析原理”，W. H. Freeman 出版。

较的分母是 1，而在 Sneath 方法中则是 2。这个数字与各个定量特征划分的情况的数目