

第十一章 微生物的分类

Microbial Taxonomy



基本概念

1、微生物分类目的：根据微生物的亲缘关系分群归类，排成有规律的系统。

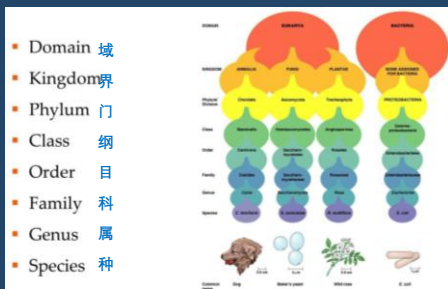
2、微生物分类任务：

分类 (classification)：根据微生物的相似性和进化关系将其分为类群，排放在适当的**分类单元**中。

鉴定 (identification)：是分类的操作过程，经过一系列测定来确定所研究的菌株属于哪个类群。

命名 (nomenclature)：根据命名的国际法则对所鉴定的菌株给以科学名称（学名）。

第十二章 微生物的分类



第十二章 微生物的分类

第一节 微生物的分类单元

第二节 微生物的分类系统

第三节 微生物分类鉴定方法

第四节 利用16S rRNA 序列进行

细菌系统发育学分析

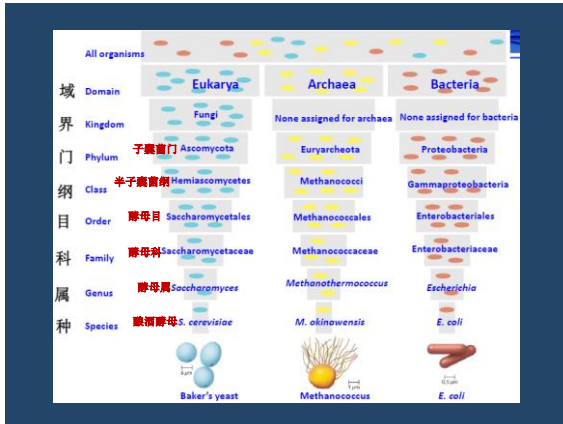
第一节 微生物的分类单元

- 微生物分类的基本单元也是**种 (species)**。
- **微生物种**：显示高度相似性、亲缘关系极其接近、与其他种有明显差异的一群**菌株**的总称。
- **模式菌株 (type strain)** 每个种中都有一个**菌株**被指定为模式菌株，它是这个种名称的**代表**，是这个种的永久的标准标本。
 - 不一定是一个种中最具有代表意义的成员，通常是该种中第一个被研究的，且微生物学特征最为全面；
 - 这个种的永久的标准标本，作为公共资源保存到不同国家和地区的菌种保藏中心。

一、种以上的分类单元

7级分类单元

- 界 Kingdom
- 门 Phylum 或 Division
- 纲 Class
- 目 Order
- 科 Family
- 属 Genus
- 种 Species



二、种以下的分类单元

- (一) 亚种 (subspecies, subsp., ssp.)
- (二) 型 (type)
- (三) 菌株 (strain)

二、种以下的分类单元

(一) 亚种 (subspecies, subsp., ssp.)

在一个种内，根据少数几个稳定的变异特征或根据遗传性状区分成小群，从而把一个种分成两个或多个小群，这些小的分类单位称为亚种，如金黄色葡萄球菌厌氧亚种。

(二) 型 (type)

- > 同一细菌种内显示很小生物化学与生物学差异的菌株，常用于细菌（尤其是致病菌）中紧密相关菌株的区分，是细菌亚种的再细分。
- > 根据抗原性的差异，可以分为不同的血清型；根据对噬菌体敏感性的区别，可以分成许多不同的噬菌体型。此外，还有形态型、生物型、生理型、生态型、化学型、溶菌型与致病型等。

(三) 菌株 (strain)

- > 菌株：又称品系，指由一个单细胞繁衍而来的克隆或无性繁殖系中的一个微生物或微生物群体。同一种微生物可以有許多菌株。
- > 表示方法：常用字母和或编号
- > 例如：*Escherichia coli* K12和*E. coli* B；
- > AS为中国科学院（Academia Sinica）的缩写，“ATCC”为American Type Culture Collection（美国典型菌种保藏中心）的缩写。

三、分类单元的命名

- > 俗名
- > 学名

俗名 (common name)	
结核杆菌	
绿脓杆菌	
金葡萄菌	
红色面包霉	
白念菌	

学名的命名

- 命名的方法：双名法
- 双名法的规则：

双名法 { 属名 (generic name)
+
种名加词 (specific epithet)

例1. 大肠埃希氏杆菌 (简称大肠杆菌)

Escherichia coli (Migula) Castellani et Chalmers 1919

例2. 枯草芽孢杆菌 (简称枯草杆菌)

Bacillus subtilis (Ehrenberg) Cohn 1872

例3. 金黄色葡萄球菌

Staphylococcus aureus Rosenbach 1884

学名 = 属名 + 种名加词 + (首次定名人) + 现名定名人 + 现名定名年份
排斜体字 排正体字(一般省略)

属名可用缩写，但种名不能缩写

属名可以单独用，但种名必须与属名一起用

属名和种名必须要用斜体，当手写时需用下划线

Escherichia coli K12

属名 种名 菌株名

例: *Escherichia coli*, *E. coli*, *Escherichia* sp. K12,

Escherichia sp., *Escherichia* spp., and "the genus *Escherichia*"

文章中第一次用学名时需要用全称，第二次开始属名可以用缩写（但必须与种名一起用）。

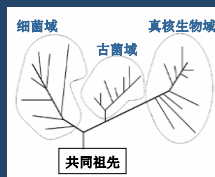
如果用缩写后可能与其它属引起混淆，就不能用缩写。

四、细菌分类和伯杰氏手册

- 《伯杰氏手册》：最初由美国细菌学教授伯杰 (D. Bergey) (1860~1937)及其同事编写，名为《伯杰氏鉴定细菌学手册》(Bergey's Manual of Determinative Bacteriology)。
- 细菌分类鉴定工作的权威性参考书：1923年问世，进行过8次修改，现已发行第9版。

第二节 微生物的分类系统

从19世纪中期起，随着人们对微生物认识的逐步深化，生物的分界历经三界、四界、五界甚至六界等过程，最后又提出了一个崭新的“三域”学说。



图示生物三域分类系统

第三节 微生物分类鉴定方法

对某一未知菌种进行分类鉴定首先要获得该菌种的纯培养物，然后对其形态特征、生理生化特性、遗传特性以及分子生物学特性进行深入研究，在此基础上确定其分类地位。

- 常规分类法
- 遗传特征分类法
- 化学特征分类法
- 数值分类法

一、常规分类法

- (一) 形态特征
- (二) 生理生化特征
- (三) 生态特征
- (四) 抗原特征

经典指标	形态	群体：菌落形态，在半固体或液体培养基中的生长状态等 个体：细胞形态，染色反应，各种特殊构造等
	生理、生化反应	营养要求：能源，碳源，氮源，生长因子等 酶：产酶种类和反应特性等 代谢产物：种类，产量，显色反应等
	生态特性	生长温度，对氧的需要，宿主种类等
	生活史特点	
	血清学反应	
	噬菌体的敏感性	
	其他	

微生物自动鉴定系统

- ※ **API 20 系统**：法国 Bio-梅里埃公司生产，有 20 种不同的生化反应，可鉴定 700 多种细菌，分不同系列，如 20A—厌氧菌，20E—肠道菌。
- ※ **Enterotube 系统**：美国罗氏公司生产，有 15 种生化反应，专门鉴定肠道菌。
- ※ **Biolog 系统**：美国 BIOLOG 公司生产，可自动化鉴定超过 2650 种微生物（细菌、酵母、丝状真菌等）。

二、遗传特征分类法

- (一) 对于 DNA 的分析：(G+C) mol%、核酸杂交等
- (二) 对于 RNA 的分析：16S rRNA

(一) 对于 DNA 的分析

依据：对某一特定微生物，其 DNA 的 (G+C) mol% 恒定

1、DNA 碱基组成 (G+C) mol%

- 解链温度法 (T_m值)
 - (G+C) mol% 值差别 > 5, 属不同的种;
 - (G+C) mol% 值差别 > 10, 属不同的属。

2、核酸分子杂交法

- ※ DNA 同源性 20~70% (同属)
- ※ DNA 同源性 ≥ 70% (同种)

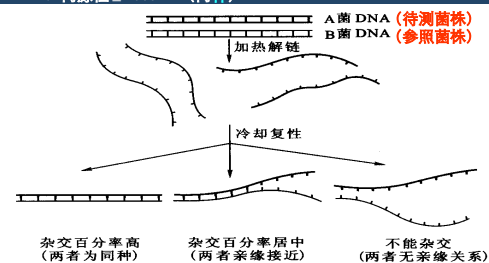


图 10-8 用 DNA-DNA 分子杂交测定核酸同源性的原理

(二) 对于 RNA 序列分析

16S rRNA → 原核 18S rRNA → 真核

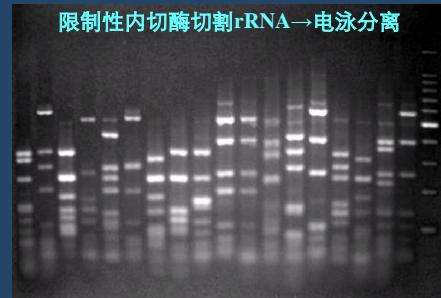
- 生物共有的
- 一定的信息量 (1542 个核苷酸)
- 一定的保守性
- 便于比较研究

16s rRNA核苷酸序列分析:

1、DNA-PCR法 提取基因组DNA



2、限制性片段长度多态性分析法 (RFLP)



三、化学特征分类法

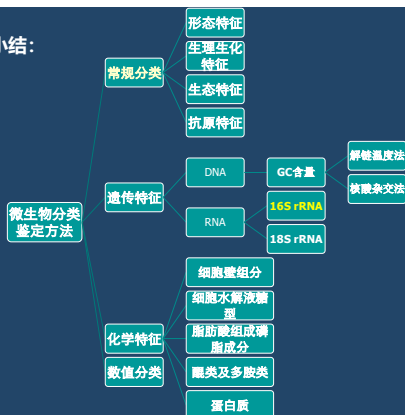
- 1、细胞壁的化学组分及分枝菌酸分析
- 2、全细胞水解液的糖型
- 3、脂肪酸组成及磷脂成分分析
- 4、酰类及多胺类的分析
- 5、蛋白的分析: 电泳、质谱等

四、数值分类法

数值分类:是根据数值分析,借助电子计算机将拟分类的微生物按其性状的相似度归类的方法。

- (一) 分类单元与性状的选择
- (二) 性状编码
- (三) 相似度系数的计算
- (四) 系统聚类及结果的表示

小结:



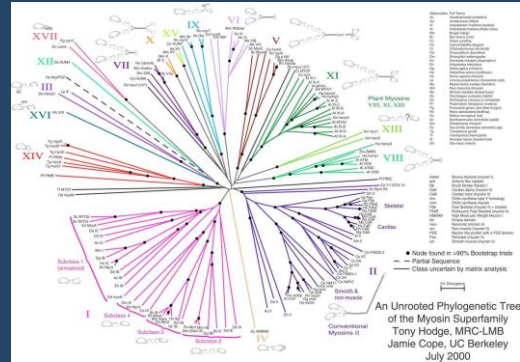
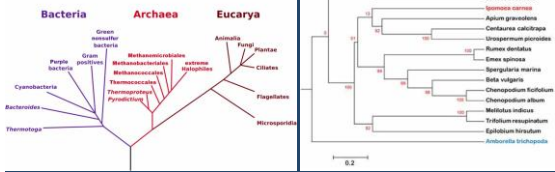
第四节 利用16S rRNA序列进行细菌系统发育学分析

- 一、系统发育学
- 二、16S rRNA 基因及其特点
- 三、16S rRNA 基因用于分类鉴定和系统发育学分析
- 四、系统发育学分析方法

一、系统发育学

- 1、定义：研究各类微生物进化关系的科学
- 2、常用方法：系统进化树 (phylogenetic tree)
- 3、分类：有根树、无根树

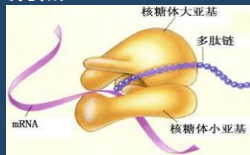
Phylogenetic Tree of Life



二、16S rRNA 基因及其特点

1、16S rRNA 基因相关知识

- ✓ **核糖体组成**：两个亚基结合形成，主要成分是相互缠绕的RNA（核糖体RNA，rRNA）和蛋白质。
- ✓ **存在**：原核及真核生物细胞中
- ✓ **功能**：蛋白质合成的场所
- ✓ **16S rRNA**：原核生物蛋白质合成所必需的一种核糖体RNA。
- ✓ **16S rRNA 基因**：细菌染色体上编码rRNA相对应的DNA序列，按5'到3'顺序分为：16S、23S、5S。



核糖体的组成			
核糖体	亚单位	rRNA	蛋白质
原核生物 (70S)	小亚基(30S)	16S rRNA	21种
	大亚基(50S)	5S rRNA 23S rRNA	31种
真核生物 (80S)	小亚基(40S)	18S rRNA	33种
	大亚基(60S)	5.8S rRNA 5S rRNA 28S rRNA	49种

16S中的“S”是一个沉降系数，亦即反映生物大分子在离心液中向下沉降速度的一个指标，值越高，说明分子越大。

2、16S rRNA (细菌化石) 特点

- ① **多拷贝**，检测敏感性高；
- ② **信息量大**，易于分析，由**可变区+保守区**组成，进化相对保守，分子序列变化缓慢，具有生物分子计时器特点，素有细菌“活化石”之称；
- ③ **长度适中**，编码基因（**16S rRNA 基因**）长约1500bp；
- ④ **普遍存在于原核生物中**，真核生物中的同源分子是18S rRNA。适合作为研究微生物进化和系统发育的工具。

三、16S rRNA 基因用于分类鉴定和系统发育学分析

- ✓ 是细菌系统分类研究中最**有用**和**常用**的工具
- ✓ 方法：**同源性比较分析**
- ✓ 标准：一般认为，16S rRNA 基因序列同源性**<98%**（不同种）；**<93%-95%**（不同属）

Thank you!



The End