微生物特别是細菌分类中的几个問題

閻逊初

微生物分类的目的，在于訊識各种微观的生物个体，并了解它們彼此之間的关系。

由于微生物分类学发展較晚，所以一开始就采用了林奈对于植物的分类法，即把各类微生物都分为种、属、科、目、綱、門等各級的分类单位。同时也采納了他的双重命名法：以属名为主，使用形容詞区别种。后来又根据較小的差别在种內細分为变种、型、品系等，只有病毒还沒有为大家所公訊的林奈式的分类系統[1]。

微生物的分类一般都是按照以形态特征为主，生理、生物化学特性和生态条件为輔的原則来划分的。只有少数类羣，特别是具有特殊功能的細菌，如光能合成和化学能合成的自养菌、醋酸菌、乳酸菌等才主要是以其生理特性来規定的。形态特征除了包括結构外，也包括大部分的培养特征，因作微生物分类时，时常必須进行微生物的培养，而在細菌分类中培养特征是一类主要的指征。

一　形态特征是否是最好的分类指征

按形态分类最为方便，且一目了然，所以一般在进行分类时，总喜欢把形态特征放在首要地位。

从細菌分类学发展史来看，就有以Cohn和 Koch 为代表的单形論派和 Naegeli、Zopf、Löhnis、Enderlein 等先后倡导的多形論或变形論派之間的长期爭論[2]。前一派訊为細菌的形态是固定的，即使略有变更，只要在正常条件恢复时还会复原。后一派訊为細菌的形态是变化多端的，时常有极其复杂的发育循环史，而且变幻莫測。显然，以上两种說法都是违反进化論的。現代絕大部分分类学家都承訊生物在一定的历史时期，形态是相对稳定的，而且应从每一种生物发育循环史的基础上来了解它的形态，通常并不很复杂。在分类上以形态为主，在絕大多数情况下是可以令人滿意的。多年来的研究証明，形态、构造和功能是有一定的关系的，一般承訊形态可以反映生物的本质。Красильников[3] 从生物进化上訊为，外界条件的改变首先引起生理上的变异，生理改变导致結构的改变，結构的改变最后才引起形态的改变，因此形态是比較稳定的特征。事实上，形态特征通常也是不易变异的特征。

但是形态上表面的相似有时会引人誤入迷途。例如，在 1927 年有一位德国的皮肤病医生 Benedek，曾把在人体上发現的巨大芽孢杆菌（*Bac. megatherium*）誤訊为是一种新的裂殖酵母，命名为人型裂殖酵母（*Schizosaccharomyces hominis*）。幸而在三年后，另一位微生物学家 Dorrepaal 根据原始培养的

显微检查指出了这一錯誤[4]。因此必須指出，只有能够表現本質的形态特征，才是可靠而重要的分类指征。

二 各种分类指征都按等級排列是否合理

一般微生物分类指征都有等級的差别。传統的分类，都是根据比較少数的指征，按等級划分各級分类单位。在一类机体中分布最广或最常見的特征，一般用以区别比較大的分类单位，如科、目等。只有少数微生物所共有的特征，則用以規定較小的分类单位，如种、属等。但是 Adanson 派分类学家持有不同的意見[5]。Adanson 是 18 世紀的一位法国軟体动物学家，他在 1757 年进行貝壳分类时提出两个分类原則：1. 必須按照最大多数的特征进行分类；2. 不能預先决定那些特征更为重要。最初由于对于微生物特征認識得不够，而以后資料虽逐漸丰富，但又感到整理困难，因此一直等到电子計算机发明以后，所謂"計数分类学"(numerical taxonomy) 才得到迅速发展。Sneath[5] 提出他們这一派的分类原則是：1. 理想的自然分类系統是以尽可能多的特征为根据的，其中的分类单位含有最多的"情报"；2. 在构成"自然的"分类单位时，任一特征都是同等重要的；3. 全面相似性(overall similarity)或近似性(affinity)决定于共同特征的比例；4. 不同的分类单位是以相关的特征为根据的；5. 近似性是和系統发育不同的。为此，Sneath 認为，使用 40—50 个特征最好有几百个特征才能得出接近实际情况的結果。若計算相似性(Similarity)，通常按 Sneath 的下列公式进行[6]：

$$S = ns/ns + nd$$

ns = 各株所共有的阳性特征的数目；

nd = 为一株所有而为另一株所无的特征的数目。

另外，这一派的 Cowan[7] 否認現存的微生物种，他把希望完全寄托在細胞学、生物化学以及遺传学等方面的研究上，認为現在試图进行微生物分类是浪費时間。

我們覚得，"預先"就根据少数的特征来进行分类是人为的分类，例如按体积大小和顏色排列图书是不科学的，必須在找出主要的指征和次要的指征之后才能进行分类。所以我們不同意現代 Adanson 派"在构成'自然的'分类单位时，任一特征都是同等重要的"这一提法。只能說，現在微生物的分类还远非完善，尤其种的范围还很难确定。我們也不同意認为目前进行微生物分类是浪費时間的說法。微生物分类学也和其他的学科一样，需要一个发展的过程，必須付出大量的劳动才能日臻完善。

用电子計算机統計的方法找出生物之間的异同，也就是它們之間的关系，可以說是現代分类研究的新途径。不过应該注意，如果按照任何特征都是同等重要的原則，不加愼重考虑就任意提供材料，只要其多而不选其精，就很可能得出非常混乱而无法分析的結果。我們随时都应想到，微生物分类已有百年的历史，已經积累了相当丰富的經驗。例如細菌中早已找出眞細菌、放綫菌、粘細菌、螺旋体等相当自然的类羣，每个类羣都是由少数主要的特征規定的，必須尽量利用这些宝貴經驗，而絕不能說它們的各种分类指征都是同等重要的。

三 关于种的概念

一般認为种是生物分类的基本单位，可是大家对于种的概念和許多具体的种的認識

都很不一致。大多数微生物学家承認种是实际存在的，但也有人[7]認为，只有个体是实际存在的，而所有分类单位都是假想虛构的，只在分类学家的想象中存在着。这样的看法其实是否認进化論的基本概念，同时也过低地估計了人的理性認識。因为通过对于无数个体的了解，就能知道某些个体基本上是相同的，它們可以构成一个种，例如巨大芽孢杆菌和向日葵同样是实际存在的种。虽然，絕不否認，我們关于許多微生物种的概念直到現在还相当模糊，而且有时是錯誤的，但总不能說某一微生物个体可以不属于一定的种，而只能承認我們对于它所属的种还了解得不够清楚。

一般認为，种是由来源相同且彼此相似的个体組成的，种与种間还必須有由于自然选择或自然淘汰所造成的間断，而我們关于种的概念是否正确要以是否符合实际情况来决定。种既然包括很多个体而各組个体之間必然多少会有一些差异，所以每个种都应有必要的指征和可以容許的变化范围，而很难由某一个体来代表。因此，在微生物特别是細菌分类中，标准株或模式培养的广泛应用就不是沒有缺点的。以一株菌代表一个种固然可以使人对于这个种有一个很明确的概念，但同时也把这个种的范围限制到最小的限度。以根据少数菌株或甚至一株菌形成的种的概念，来衡量在自然界存在的相近似的大量个体，必然会发現許多所謂非正常型，这是細菌分类工作者經常遇到的困难之一。

关于种的范围各家看法不同。例如在放綫菌分类学家中就有大种派（lumpers）和細分派（splitters）[8]之分。大种派一般認为形态和培养特征大体相似的菌株都属于同一种。有一些菌株也可根据較小的差别再分为亚种或变种或型（forma）。細分派則把种的范围看的很小，在某一方面有显著不同就另立新种。結果某一类羣研究的越多，建立的种也就越多。研究的株数越多，自然它們所代表的种就会越多；但发現眞正新种的实例一般要比把变种或类型提升为种的实例少得多。我們覚得，在“生物种”还无法确定的情况下，种的范围是可以暫时随着我們的需要而可大可小的。例如在微生物区系調查中以采用大种比較合适，但在研究拮抗菌的分类单位和所产生的抗菌素的关系时，最好把种的范围規定得小而明确，才易得到預期的結果。

Winogradsky[9]曾建議，不要再象以往那样，継續描述时常引起爭論的数目越来越多的細菌的属和种，而应建立适当数目的“生物型”（biotypes），然后把和某一生物型相近似的类型放在它的周围。Waksman[10]进行放綫菌分类时，一向主张建立种羣。Schaeffer[11]提倡以羣和亚羣代替属和种。可見大多数微生物学家都有把种的概念放寬的傾向。另一方面，Kauffmann[12]則建議在腸杆菌特别是沙門氏杆菌的分类中，以血清型代替种，这就会把种的范围縮小。

許多人[11]認为，現在的細菌种还只是分类鑒定的种，需要进一步的研究才能建立所謂生物种。我們研究微生物分类的目的，主要是要对于这些微小的机体有明确認識，以便更有效地利用或防治它們。所以当前最重要的問題是大家对于一些常見的种的認識要基本一致，这样才会有共同的語言，才能彼此互用所积累的資料。

我們关于种的概念是否正确，应以是否符合实际情况为标准。通过多方面分类鑒定实践的考驗，逐漸加以补充和修改，这样我們关于种的概念必然会越来越接近眞实。

四　細菌种的系統发育学說

一般認为，生物分类的最終目的在于找出生物之間的亲緣关系。但有人認为，現在存在的类型都是系統发育的頂端，不可能揭露某一类型源自另一类型。这种看法对于許多微生物来說未必是眞实可信的，例如放綫菌、原放綫菌和分枝杆菌彼此之間的关系就非常密切，而且可用实驗变异的方法使它們互相轉变[3]。不过，自然进化的方向有时很难确定，虽然一般所謂进化是由簡单到复杂，但由复杂到簡单的所謂退化演变的可能性也很大。必須指出，目前，我們只能对于細菌的系統发育提出一些假說，借以帮助我們了解各羣微生物之間的关系。某些細菌如螺旋体接近原生动物，貝氏硫細菌和粘細菌接近兰藻，已为大家所公認。

在生理方面，Lwoff 和 Knight[13] 相繼指出細菌进化表現漸次失去合成的能力，所以营养要求不严格的机体是最原始的。专化类型則代表进化的頂端，但来源不同的有机体也可演化为相似的生理型。Опарин 在 1960 年指出[14]，最初的机体是嫌气异养的，然后出現光合作用的生物，最后才产生自养或异养的好气类型。

在形态方面，Kluyver 和 van Niel 曾提出最簡单的球菌是原始型，分别进化为螺菌、芽孢杆菌和放綫菌。Stanier 和 van Niel[15] 又对这一学說加以修改和补充，提出由球菌发出四条进化綫：一条通向八迭球菌和芽孢八迭球菌；一条經过假单孢菌和弧菌达到螺菌；一条通过周生鞭毛菌达到芽孢杆菌；一条通过分枝杆菌和原放綫菌达到放綫菌。Красильников[3] 則認为放綫菌的演变是由放綫菌通过原放綫菌到分枝杆菌和芽生球菌，然后分两枝：一支从分枝杆菌到丙酸菌、乳酸菌和拟杆菌；另一支从芽生球菌到鏈球菌、細球菌和八迭球菌。我們覚得，这样的看法不如按球菌通过芽生球菌、分枝杆菌、原放綫菌到放綫菌的路綫显得更为自然。

Bisset[13] 指出，細菌进化的整个趋势和大部分生物进化是一致的，卽从水生到陆生。他否認球菌是最原始的类型，因为它們可能具有复杂的多胞結构。他还指出，最原始的細菌为水生、螺旋形、带极端鞭毛，以及营养要求不严格等，它們有的能够进行不同程度的光合作用或化学能合成作用。最进化的类型是眞杆菌、球菌或生枝菌絲（放綫菌）。周毛菌能在潮湿的表面上游动，时常具有能由空气传播的孢子，許多比較进化的細菌营养要求都相当严格，无一自养菌。最成熟的陆生型大概是芽孢杆菌和鏈霉菌。某些鏈霉菌适应特殊的环境，演化为小单孢菌。Bisset 又指出，大部口腔寄生細菌都是退化型，同时大部細菌由腐生变为寄生的过程是：体积变小，形态变簡单，失去革兰氏染色阳性的性能，失去某些酶系統（包括过氧化氢酶），最終寄生菌为嫌气、表面革兰氏阴性、营养要求严格。眞正革兰氏阴性細菌是从螺菌通过假单孢菌、弧菌到变形杆菌（*Proteus*），后者是高度进化的类型。

五　細菌在微生物界的位置

根据近年来关于微生物的細微結构和精密化学分析，对于各类微生物之間的关系和彼此的区别又有了进一步的認識[4,16,17]。

（1）細胞微生物和非細胞微生物

病毒构造比較簡单，沒有一般所謂細胞的結构，所以可称为非細胞微生物。噬菌体自然应包括在病毒之內。細菌和其他微生物

都有細胞結构，可統称为細胞微生物。

按照 Lwoff[18] 对于病毒所下的定义，可以看出这类超微生物和細菌的基本区别。病毒只含有一种核酸（DNA 或 RNA），以核酸的形式在寄主細胞內复制繁殖，不分裂；进入寄主細胞內的病毒侵染小体沒有产生提供能量的三磷酸腺苷（ATP）的酶系統。細菌是有細胞的机体，含有两种核酸（DNA 和 RNA），一般依賴于分裂而繁殖，具有产生 ATP 的酶系統。因此 Stanier 等[4,16] 訊为細菌和病毒之間是有明确的界限的。他們指出，立克次氏体以及砂眼、鸚鵡热和淋巴肉芽肿的病原体都是广义的細菌而非眞正的病毒。

（2）原核微生物和眞核微生物

19 世紀末叶微生物学家們就曾指出，眞菌有明显的細胞核，而細菌的核則很不明显。后来逐漸訊識細菌和兰藻的細胞核比較簡单。Chatton 1937 年就曾建議称这类生物为原核生物（Procaryotes）。眞菌、高等藻类、原生动物和高等动植物有比較完善的細胞核，称眞核生物（Eucaryotes）。最近 Stanier 等[4,16] 根据細胞学的新資料对于这两类細胞的結构与功能作了进一步的探討。

总的看来，眞核細胞的細胞核和細胞器，如綫粒体和叶綠体等都有外膜包着。而原核細胞只有原生質膜，而无細胞核膜；細胞器即使有，也比較簡单，且无外膜。据說这是和固醇含量小相关联的。原核細胞的內容物經常是靜止不动的，即使偶有流动，范围也很小，核区与非核区总不混淆，眞核細胞的原生質則經常流动，核和細胞器时常移动。Stanier 等訊为，眞核細胞內容物呈溶胶状态，原核細胞內容物呈凝胶状态。我們訊为，这样的說法也許过于簡化了一些。

原核細胞內确实有机能和化学成分都不同的各个区域，例如核区是和原生質区是明显分开的。核区充滿細絲至少部分是由 DNA 的长分子构成的。細菌生长期，核分裂先于細胞分裂，因此細胞时常是多核的。至于原生質內，含有核酸蛋白体（ribosomes）的成分是清楚的，即由 RNA 和蛋白質构成。在細菌內尚未发現与蛋白質結合的 DNA，这也是与眞核細胞不同的。原核分裂只是染色質体的簡单分裂，并无有絲分裂現象。根据現有少数資料，原核細胞染色体数目很小。例如大腸杆菌，按照 Wollman 和 Jacob[19] 的遺传学分析，只有一个染色体，平时呈环形，遺传因子呈綫形排列在上面。染色体可断开呈綫状，交配时可进入雌細胞（F^-）內，时常只部分进入而传递部分遺传因子，遂使雌細胞变成不完全接合子（merozygotes）。但 Delamater[20]，根据核染色和电子显微鏡观察，則訊为大腸杆菌有 3 个染色体，一长两短。現在电子显微技术不但还不能够洞察細菌染色体的构造，而且也不能确切表明染色体的数目。所以我們宁愿相信"遺传学是一种銳利的解剖工具"[21] 这一說法，而暫訊为大腸杆菌只有一个染色体。細菌的营养細胞是单倍体，只有不完全接合子是双倍体；大部眞核細胞則都是双倍体，只有配子是单倍体，这是原核細胞与眞核細胞的另一区别。

眞核細胞的呼吸作用是和綫粒体相关联着的。綫粒体含有三羧循环的酶系統和与氧联系的电子传递系統，以及合成 ATP 的酶系統。綫粒体有双重膜，从內頁长出綫粒体冠或称嵴突，区分为几个小間。保証电子传递的酶就在嵴突內。原核細胞如巨大芽孢杆菌和藤黃八迭球菌，其呼吸部位好象就在原生質膜內，电子传递的酶系統完全在原生質膜內，大部分三羧循环的酶則分布在原生質

內。Fitz-James 等[4,16]在革兰氏阳性細菌和放綫菌的超薄切片內发現管状或圈卷形的頁片結构，称間隙体或中頁体(mesosomes)，訊为是由原生質膜內陷突长而成的，可能是呼吸作用的中心，也可以把它們看做雛形的綫粒体。在革兰氏阴性細菌內尚未发現間隙体。

眞核細胞如果具有光合作用的机能，就是在叶綠体內进行。叶綠体含色素和电子传递系統，二者协調地把光能轉化为化学能。叶綠体还含有整整一系列的酶类把二氧化碳轉变为淀粉。典型的叶綠体外有双重膜，中含大量扁圓盘，每个扁圓盘似是双重頁片，圓盘四周为均匀区，无細微結构，称为基質。在扁圓盘內部进行能量的轉化。生物合成的酶可能在基質內。原核細胞如兰藻的光合作用也在原生質所含的双重頁片內进行。这些双重頁片相当于叶綠体的扁圓盘，只是沒有外膜包着，頁片四周有未分化区，相当于叶綠体的基質。光合作用細菌的原生質內有囊状載色体(chromatophores)，其作用相当于兰藻的双重頁片。在一种紅螺菌-莫氏紅螺菌(*Rhodospirillum molischianum*)的原生質內发現少数頁片区很象兰藻或叶綠体的頁片。

眞核細胞的呼吸和光合作用是在完全分开的两种不同的細胞器內进行的；在原核細胞內这两种机能的关系比較密切，在光合作用細菌內这两种机能的电子传递系統可能是依賴同样一些成分(如細胞色素等)进行的。光照时常抑制呼吸。曾在紅螺菌內发現呼吸酶系統中的琥珀酸氧化酶位于載色体內。有人[11]說，光合作用細菌的呼吸酶系統和光合作用結构一起都位于載色体上。

兰藻和細菌都是由原核細胞构成的，它們之間的关系非常密切。就如貝氏硫細菌(*Beggiatoa*)和絲硫細菌(*Thiothrix*)簡直就可称为无色素的兰藻。兰藻和細菌的区别主要在光合色素方面，兰藻都含有叶綠素和藻兰素，都能进行光合作用；細菌絕大部分无此机能。能够进行光合作用的細菌所含的色素也和兰藻不同[17]，为細菌叶綠素和脂族类胡罗卜素或 1—2 种綠硫細菌叶綠素和单环类胡罗卜素，永无藻兰素。此外，許多眞細菌都靠鞭毛进行运动，而兰藻只能滑行。

六 細胞壁的結构和成分在微生物特别是細菌分类中的意义

細胞壁的主要功能在于賦予細胞一定的形状和強度，使耐渗透压，起保护作用。这一点对于大部分都是单細胞和单行列細胞的微生物特别重要。眞核微生物的細胞賴纖維素、半纖維素、几丁質或硅化物等物質保証細胞壁具有一定的強度。細菌細胞壁則沒有上述各类物質，它的坚固性是由另一类粘肽化合物賦予的。粘肽至少含 3—4 种基本氨基酸和两种氨基糖，一般还有其他的氨基酸和糖类，有时还有脂类。基本氨基酸是谷氨酸、丙氨酸和二氨庚二酸或賴氨酸，后两种氨基酸很少并存。氨基糖是乙酰氨基葡萄糖和乙酰膜酸(图 1)，膜酸或称氨基糖肽酸[22]是带羧基的氨基葡萄糖(*3-0*-carboxyethyl-*D*-glucosamine)。一般膜酸的羧基与氨基酸分子或短鏈相連(图 2)。

少数革兰氏阳性細菌的細胞壁几乎完全

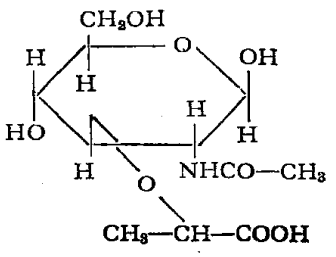

图 1 N-乙酰膜酸

是由上述粘肽构成的，而大部阳性細菌除粘肽外还有粘多糖，二者結合构成粘复合体。有时还有壁酸(teichoid acid)。壁酸是磷酸甘油或磷酸核醇的聚合物，其与膜酸和氨基酸的連結方式可参閱文献[23]。主要由粘肽构成的細胞壁可能完全被溶菌酶所分解，特别是氨基糖和膜酸的1,4鍵被破坏。青霉素的作用与此不同，它是阻止把粘肽的成份加到生长的細菌細胞壁內。革兰氏阴性細菌的細胞壁也总含有粘肽，但含量較阳性細菌者少。阴性細菌細胞壁的結构和組分較为复杂，含有相当多的脂类，且氨基酸种类也比較多。Weidel 等[4,16] 曾仔細研究大腸杆菌的細胞壁，发現共有三层，外两层分别为脂蛋白和脂多糖，內层为由粘肽鏈連結着的蛋白質。

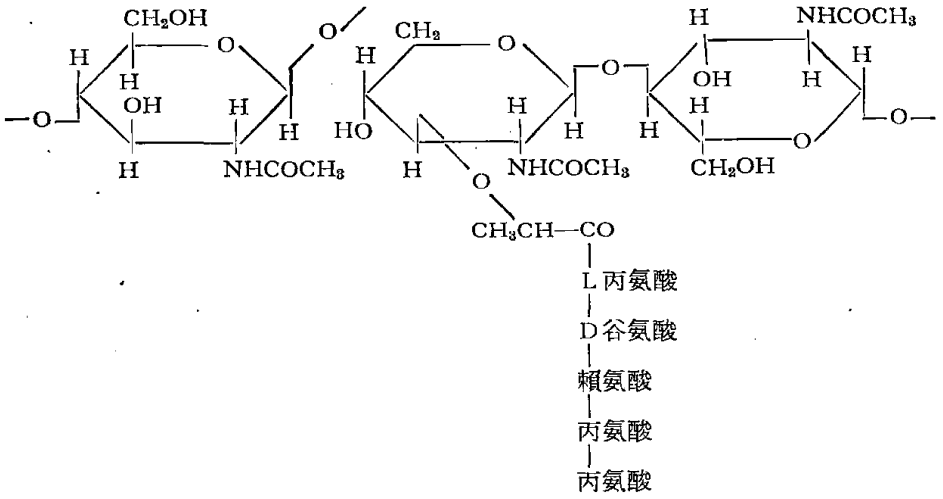

图 2　粘肽的一部分

細菌、放綫菌和立克次氏体的細胞壁都含有粘复合体。兰藻的細胞壁，根据 Salton[16] 的資料，所含組分很象革兰氏阳性細菌。粘細菌（含相当多的二氨庚二酸）、螺旋体以及砂眼、鸚鵡热和淋巴肉芽肿的病原体至今尚无細胞壁成分的分析資料，但根据它們都对青霉素敏感推测大概都含有粘复合体。此外，在眞核細胞內从未发現粘肽。

二氨庚二酸只在原核細胞壁內发現，是其特有的成分。但有些細菌如球菌和乳酸菌以及嫌气寄生的放綫菌等，就沒有这种氨基酸，它为賴氨酸所代替，因此大家訒为膜酸是粘肽的最好的指示成分。

根据 Salton[24] 的报导，一向把細菌分为两大类的革兰氏染色是阳性还是阴性也主要决定于細胞壁的結构和組分。碘結晶紫复合体对于阳性和阴性細菌的染色作用几乎相同。但碘与阳性細菌細胞壁內多糖的 OH 基結合，再用浓酒精脫色时，細胞壁的小孔卽縮小，色素就不能漏出。阴性細菌則沒有这一特点。曾有人用放射性 P^{32} 的化合物作出了証明。因此当細胞壁的完整性遭到破坏时，革兰氏阳性細菌就都变为革兰氏阴性了。根据 Mitchell 和 Moyle[25] 的估計，細球菌、藤黃八迭球菌和金黃色葡萄球菌的細胞壁小孔直径約为 1 毫微米，直径 2.5 毫微米的葡萄糖胶分子卽不能进入。

L-型細菌是不能合成粘复合体的畸型微生物，对于渗透压特别敏感。在自然界特定的环境中也有不能合成完整粘复合体的微生物，那就是胸膜肺炎类微生物，在 Bergey 細菌学鉴定手册第七版[26]中列为裂殖菌綱的一目——枝原質体目（Mycoplasmatales）。

七　运动器官和方式在細菌分类中的意义[16,27]

細菌类有三种比較常見的运动方式，都是目或綱的分类指征。

（1）鞭毛划动　鞭毛是眞細菌所常有的运动器官，它們的生长位置在眞細菌的分类中占很重要的地位。Bergey 手册[26]中，周生鞭毛是眞細菌目的特征，极生鞭毛为假单胞菌或极毛杆菌目的特征。

細菌的鞭毛时常是由一根原纤維构成的，粗約 100—200 埃，无鞘膜包裹。生物化学分析表明，原纤維属于角质-肌球蛋白組的比較簡单的蛋白质。少数眞細菌的鞭毛是由 2—3 根很細的原纤維螺捲交織而成的，鞭毛从原生质内的基粒长出，在某些单生极毛的根部看得特别清楚。

細菌的鞭毛和某些眞核微生物如眞菌、高等藻类以及原生动物的鞭毛和纤毛的結构是不同的。后一些运动器官是由 11 根原纤維构成的，2 根位于中央，其余 9 根环繞四周。整个鞭毛由原生质膜长出的鞘膜包着，眞核微生物的鞭毛长在基体上。基体与細菌的基粒不同。一根原纤維的大小与細菌鞭毛纤維大致相同。

（2）軸絲伸縮　这是螺旋体目[26]或綱[3]的运动方式。軸絲成螺旋地分布在螺旋体表面，使螺旋伸縮并旋轉而迅速前进。軸絲由原纤維束构成，两端固定在細胞内的基粒上。

（3）滑行　这是粘細菌和貝氏硫細菌目[26]的运动方式，也是兰藻的运动方式。至于这种运动的机制[27]，有人說是由于表面张力，有人說是由于渗透压力，还有人認为是由于菌体曲伸，說法很多。更多的人認为和粘液的分泌有关，Красильников[3]也說是由分泌粘液时所发生的反冲作用而前进或侧行。总之，这是一个需要进一步加以証明的問題。

除了以上三种运动方式外，Fauré-Fremiet 等[28]报导，大卵硫細菌（*Thiovolum majus*）具有特殊的运动器官。这是一种跃动很快的大型无色硫細菌。电子显微鏡观察表明，在原生质膜内有彼此平行的原纤維束，长达 0.3 微米，原纤維直径 100 埃；一端与原生质膜内面相連，另一端与一基膜相連，这可能是使这种細菌活泼跃动的器官。

某些眞核微生物如变形虫、粘菌等，有时原生质不为僵硬細胞壁所約束，可进行阿米巴运动，而原核微生物还沒有发現能这样地运动。这大概是由于原核細胞时常呈靜止不动的凝胶状态的緣故。

八　微生物特别是細菌分类学的发展前景

現代微生物分类学已不能局限于形态、培养特征和簡单生理特性的描述，而要設法利用所有可以利用的多方面的資料来充实分类学。否則就不能确定細菌种，从而闡明各种羣或各个种之間的系統发育上的关系。

根据发酵能力和某一代謝途径的有无，可把各羣細菌分为不同的組，也可确定一些属和种[29]。例如兼性好气的气芽孢杆菌（*Aerobacillus*）能够发酵葡萄糖，而絕对好气的芽孢杆菌（*Bacillus*）一般沒有这种能力。这两属之間的关系同兼性好气的气极毛菌（*Aeromonas*）和极毛杆菌（*Pseudomonas*）之間的关系相同。

免疫血清学的分析是各类細菌分型分种的常用的方法，也时常用噬菌体分型。例如 Kauffmann[12] 对于腸杆菌科进行分类时就建議用生化特性建立属，以血清型代替种，发酵型和噬菌体型則相当于亚种。

代謝产物的分析早已广泛地应用到細菌分类中来，例如早就应用于乳酸菌、丙酸菌、丁酸菌等类羣。抗菌素的产生在現代拮抗性放綫菌分类学中占据着重要的地位，已

經应用的有抗菌譜的测定、放綫菌相互拮抗、抗菌素紙层析、对抗菌素的敏感性等多种分类方法[30]。

关于新技术的应用，除用电子显微鏡广泛观察放綫菌的表面結构[31]，以期找到确定某些种的补充根据外，目的也在于用到分类中的細菌菌体紅外綫吸收光譜的研究也已展开。Arai 等[32]已用这一方法証实諾卡氏菌是分枝杆菌和鏈霉菌的中間型。

遺传学对于微生物特别是細菌的分类学已有很多的貢献[11,21,33,34]。通过杂交、轉变和轉导的方式，在沙門氏杆菌的血清型之間、嗜血杆菌不同的"种"之間、肺炎双球菌和某些鏈球菌之間、大腸杆菌和志賀氏杆菌之間、大腸杆菌和沙門氏杆菌之間、土壤杆菌和根瘤菌之間以及放綫菌中金霉菌和紅霉菌之間都曾实現了遺传重組，这至少可以进一步証明这些細菌种或属之間的亲緣关系。随着遺传学資料的积累，将可考虑某些种、属的調整，使之更有生物学的意义。

由于細菌細胞学的研究和化学成分的分析，已使这一学科逐漸达到細胞水平和分子水平。Cummins 等[35,36]在放綫菌細胞壁組分的分析方面，成績尤为突出，他們为各属的区分找到了化学的依据（表 1），并根据这些資料对于某些种、属提出了調整的建議。例

表 1　各属放綫菌細胞壁的主要組分[36]

对氧的需要	属 种 名 称	細胞壁主要組分		
		糖	氨 基 酸	氨 基 糖
好　气	*Streptomyces*	时常无糖，有时有葡萄糖或半乳糖	丙氨酸、谷氨酸、甘氨酸、*LL*-二氨庚二酸或 *LL* + *DL*-二氨庚二酸	总有氨基葡萄糖和膜酸，有时还有氨基半乳糖
	Nocardia	阿拉伯糖、半乳糖，有时还有葡萄糖和甘露糖	丙氨酸、谷氨酸、*DL*-二氨庚二酸	
微量好气或嫌气	*Actinomyces israeli*	只有半乳糖	丙氨酸、谷氨酸和賴氨酸	
	Act. bovis	鼠李糖、黑藻糖和其他甲基戊糖如 *6*-desoxy-*L*-talose	丙氨酸、谷氨酸、賴氨酸，时常还有天門冬氨酸	

如白乐杰諾卡氏菌(*Nocardia pelletieri*)本来分类位置就很难明确，有人訊为是諾卡氏菌，有人訊为是鏈霉菌。經 Cummins 等分析，3 株这种菌的細胞壁，都沒有諾卡氏菌之特征的阿拉伯糖，而有鏈霉菌的 4 种氨基酸。因此这个种无疑属于鏈霉菌。果然在 Waksman 1953 年的专論[37]里这个种尚属于諾卡氏菌，而在 1961 年的专論[10]里就属于鏈霉菌了。

还有一些关于核酸的研究已可用于細菌分类，至少已为細菌分类的深入研究展开了一个引人注目的前景。Vendrely[38] 曾指出，DNA 內腺嘌呤＋胸腺嘧啶和鳥便嘌呤＋胞核嘧啶的比值在細菌分类中可表明种的区别。一般在細菌內，其比值范围为0.38—2.7，例如 *Micrococcus pyogenes* 的比值为 2.26，而 *M. lysodeikticus* 仅为 0.39。Белозерский 等[39]指出，核酸特异性組成的系統研究証明核酸組成有一定的分类意义。細菌中DNA比RNA变化更大。DNA 組成的特异性差别在某种程

度上反映細菌的种如何划分为科和属。RNA的微小差别可以作为把細菌分为更大的类羣的指征。核酸成分特别是DNA和RNA內核苷酸排列次序的进一步研究，将有助于闡明各个种的亲緣关系和建立进化系統。

最后必須強調指出，細菌分类学必須在传統分类学的基础上才能正常发展。物理化学的渗透和新技术的应用虽可促使現代細菌学的迅速发展，可使經典分类学逐漸深入和更加合理化，但决不能代替分类学。現在有許多发展比較快的学科，如生理学、生物化学、遺传学等时常使用微生物作研究材料。可以期望，它們的研究結果对发展微生物学特别是微生物分类学会有很大的推动作用。

[1] Pirie N. W., Prerequisites for virus classification, Microbial Classification, 12th Symposium of the Society for General Microbiology, University Press, p. 374—393, 1962.

[2] Winogradsky S. «土壤微生物学»，閻逊初譯，科学出版社，1962。

[3] Красильников Н. А., «細菌和放綫菌的鑒定»，閻逊初譯，科学出版社，1957。

[4] Stanier R. Y., *Ann. Inst. Pasteur*, **101**, 297—312 (1961).

[5] Sneath P. H., Microbial Classification, p. 289—332, 1962.

[6] Bojalil L. F. & Cerbón J., *J. Bact.*, **81**, 338—345 (1961).

[7] Cowan S. T., Microbial Classification, p. 433—455, 1962.

[8] Gottlieb D., *Intern. Bull. Bact. Nom. Tax.*, **9**, 13—14 (1959).

[9] Winogradsky S., *Ann. Inst. Pasteur*, **82**, 125—131 (1952).

[10] Waksman S., The actinomycetes vol. II London, Baillère, Tindall & Cox, LTd, 1961.

[11] Schaeffer P., *Ann. Inst. Pasteur*, **94**, 167—178, (1958).

[12] Kauffmann F., *Int. Bull. Bact. Nom. Tax.*, **9**, 1—6 (1959).

[13] Bisset K. A., Microbial Classification, p. 361—373, 1962.

[14] Гелман Н. С. и Лукоянова М. А., Микробиология, **31**, 556—569 (1962).

[15] Stanier R. Y. & van Niel C. B., *J. Bact.*, **42**, 437—466 (1941).

[16] Stanier R. Y. & van Niel C. B., *Arch. Microbiol.*, **42**, 17—35 (1962).

[17] Murray R. G. E., Microbial Classification, p. 119—144, 1962.

[18] Lwoff, A., *J. Gen. Microbiol.*, **17**, 239—253 (1957).

[19] Wollman E. L. & Jacob F., La sexualité des bactéries, Paris, Masson éd., 1959.

[20] Delamater E. D., Bacterial Anatomy. The 6th Symp. Soc. Gen. Microbiol., p. 215—260, 1956.

[21] 盛祖嘉，«微生物学进展»，高尙蔭主編，武汉大学出版，p. 103—117, 1963.

[22] Drews G., *Naturw. Rdsch.*, **11**, 425—431 (1962).

[23] Rogers H. J., *J. Gen. Microbiol.*, **32**, 19—24 (1963).

[24] Salton M. R. J., *J. Gen. Microbiol.*, **30**, 223—235 (1963).

[25] Mitchell P. Ф., Moyle, J., Bacterial Anatomy, Univ. Press, p. 150—180, 1956.

[26] Bergey's manual of determinative bacteriology, 7th ed., 1957.

[27] Weibull C., Movement, The Bacteria, vol. **1**, Structure, Acad. Press, p. 153—205, 1960.

[28] Murray R. G. E., The Bacteria, vol. **1**, Structure, Acad. Press, p. 35—96, 1960.

[29] De Ley J., Microbial Classification, p. 164—195, 1962.

[30] 閻逊初，微生物学报，**2**, 139—144; 188—193; 227—240 (1960)。

[31] 閻逊初，«微生物学进展»，高尙蔭主編，武汉大学出版，p. 217—230, 1963。

[32] Arai T., Kuroda S. & Koyama Y., *J. Gen. Appl. Microbiol.*, **9**, 119—136 (1963).

[33] Roper J. A., Microbial Classification, p. 270—288, 1962.

[34] 刘頤屏，金霉菌和紅霉菌的杂交育种，中国微生物学会1963年年会学术会議宣讀的論文报告。

[35] Cummins C. S. & Harris H., *J. Gen. Microbiol.*, **18**, 173—189 (1958).

[36] Cummins C. S., *Ann. Inst. Pasteur*, **103**, 385—391 (1962).

[37] Waksman S. A. & Lechevalier H. A., «放綫菌及其抗生素分类鑒定指南»，閻逊初譯，科学出版社，1958。

[38] Vendrely R., *Ann. Inst. Pasteur*, **94**, 142—166 (1958).

[39] Белозерский А. Н. и Спирин А. С., *Исвестия АН СССР*, **1**, 64—81 (1960).