

温度对厚指海绵 *Pachychalina* sp. 体内真细菌的影响

方再光^{1,2}, 童春富², 冯永勤¹, 陆健健²

(¹海南大学热带生物资源教育部重点实验室, 海南省热带水生生物技术重点实验室, 海口 570208)

(²华东师范大学河口与海岸科学国家重点实验室, 上海 200062)

摘要: 温度是影响微生物多样性的重要因素之一。【方法】本研究采用 16S rDNAs 扩增产物酶切片段多态性 (amplified rDNA restriction analysis, ARDRA) 和 16S rDNAs 序列分析方法, 对生长在 16°C 和 30°C 条件下厚指海绵 *Pachychalina* sp. 体内真细菌 (eubacteria) 的多样性进行了研究。【目的】探讨温度对海绵体内细菌的影响。【结果】根据 ARDRA 聚类分析, 16°C 条件下海绵体内 100 个真细菌的 16S rDNAs 克隆片段被分成 34 个类群, 而 30°C 条件下, 海绵体内 100 个细菌的 16S rDNAs 克隆片段则被分为 32 个类群, 说明在不同温度条件下, 海绵体内真细菌的组成与群落结构有所变化, 但研究发现温度没有明显改变海绵体内真细菌总的群落结构。【结论】根据厚指海绵 *Pachychalina* sp. 体内真细菌的 16S rDNAs 序列分析结果发现: 在 16°C 和 30°C 条件下, 海绵体内的真细菌均属于 α 、 γ 、 δ -变形菌、硫细菌、硫还原菌和烃类分解菌, 此外还有少数放线菌。16°C 条件下海绵体内的优势菌为 γ -变形菌, 而且体内的硫细菌和硫还原菌主要是耐寒细菌, 而 30°C 条件下海绵体内的优势菌为 α -变形菌。该研究还发现: 同一 ARDRA 类型的克隆序列分析表明在同一 ARDRA 群内各组间彼此关系比较密切。

关键词: 厚指海绵 (*Pachychalina* sp.); 温度; 真细菌; ARDRA; 16S rDNA

中图分类号: Q938 文献标识码: A 文章编号: 0001-6209 (2009) 08-1102-07

在影响生物多样性的诸多因素中, 温度是影响生物多样性的的重要因素。微生物是构成地球生物多样性的的重要组成部分, 任何一种微生物都有它生存所需的适宜环境温度, 环境温度的改变势必引起微生物组成和种类发生改变。温度是引起河口、沿岸与淡水生态系统中微生物生长、生产以及丰度季节性变换的主要因素^[1-2]。温度可能直接影响细菌许多生理生化代谢途径^[3-5]。室内研究发现, 如果不限制培养基的补给, 温度会导致微生物的生长率以及培养基与微生物生长之间的半饱和指数产生指数式变化^[6-7]; Lovell & Konopka 研究发现, 环境温度

可以限制湖泊微生物的生长^[8]; Hoch & Kirchman 对特拉华州河口微生物的研究发现, 当温度低于 12°C 时, 微生物的生长率与温度成正相关^[9]; 同时, DucMow & Shiah 在对切萨皮克中部港口水域内的细菌进行研究时发现: 细菌生长仅与温度有关, 几乎不受水域中营养物质的影响^[10]; Shiah 在对切萨皮克港口和一个盐湖潮汐小港内细菌的丰度、生产力以及特定种的生长率的时空模式的研究发现, 它们强烈受到温度的调控, 因此认为环境温度小于 20°C, 细菌的生长只受温度限制而与微生物营养物质间没有关系^[11]。

基金项目: 上海市科委资助项目 (04DZ12049) 热带生物资源教育部重点实验室开放基金项目

作者简介: 方再光 (1975 -), 男, 湖南人, 博士, 主要从事海洋微生物和湿地微生物生态学领域内的研究。Tel: + 86-898-66279184; E-mail: abslont@hotmail.com

收稿日期: 2009-01-08; 修回日期: 2009-04-17

海绵是一种最为古老的原生动物,它通过过滤海水中的浮游微生物与碎屑物作为的食物。海绵体内含有大量微生物,研究发现微生物平均约占海绵生物总量的 40%。海绵与珊瑚以及其它一些软体动物、腔肠动物等共同组成一个复杂而脆弱的生态系统,它们大量聚集在港口和沿海滩涂,形成一个独立的生态群落系统,对这些区域生态系统的改善和净化具有很重要的作用。厚指海绵 *Pachychalina* sp. 主要分布在南中国海域,是南中国海港口和沿海滩涂最常见的一种海绵。但是,目前,人们对生态因子如何影响海绵体内微生物群落结构与组成,以及其体内微生物的生态学意义等领域的知识仍比较缺乏。本研究采用 ARDRA 和 16S rDNA 序列方法研究不同温度条件下厚指海绵体内细菌的多样性,了解和掌握海绵体内细菌的组成和群落结构与环境温度之间的关系,为探索海绵及其体内细菌在海洋生态系统中的作用提供科学证据。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 样品采集与培养:于同一年度内 1 月和 7 月在湛江港湾滩涂地带,按 2 次/月采样方式采集厚指海绵 *Pachychalina* sp.。据当地气象纪录 1 月份当地海水平均温度为 $16 \pm 1^\circ\text{C}$,7 月份当地海水平均温度为 $30 \pm 1^\circ\text{C}$ 。在采集海绵样品时,所用器具全部经高温灭菌处理,在采集过程中严格采取防污染措施进行样品收集。样品采集好后,分别用 16°C 和 30°C 预处理一段时间后用大量灭菌海水反复多次清洗样品表面,将附寄在海绵表面的杂质清洗干净。置于灭菌海水中浸泡 2~4 h,清洗 2~3 次。预处理过的海绵样品经 -70°C 冷冻处理后,低温真空干燥。将同一月份内采集的海绵样品充分混合,最后取混合样品提取细菌基因组 DNA。

1.1.2 主要试剂和仪器:PCR 扩增试剂购自鼎国生化试剂公司;细菌通用引物 27F、1510R、F2 和 R2。测序引物 T7、SP6 由上海生工生物工程技术服务有限公司合成,UNIQ-10 柱式 DNA 胶回收试剂盒购自上海生工生物工程技术服务有限公司合成,pGEM-T 载体为 Promega 公司产品;银染试剂购自北京鼎国生物技术有限责任公司。

1.2 细菌 16S rDNA 限制性酶切片段长度多态性

(Amplified rDNA Restriction Analysis, ARDRA) 与序列分析

1.2.1 扩增细菌 16S rDNAs:本研究采用 Webster 等建立的方法从海绵体内提取细菌总基因组 DNA^[12]。用通用引物为 27F (5'-AGAGTTTGATCATGGCTCAG-3')、1510R (5'-GGTTACCTTGTTCAGACTT-3')、F2 (5'-CCAGGGCCTGTCCGCCATCAATAC-3') 和 R2 (5'-CCGGGCCGTAACCGTCCTTGAA-3') 扩增细菌 16S rDNA (注:在加入细菌基因组 DNA 之前,用限制性内切酶 *Alu* I 对不含模板 DNA 的 PCR 反应混合物进行预处理。)

1.2.2 16S rDNAs 克隆和序列进行分析:将纯化的 PCR 产物与 pGEM-T 载体连接,转入 XLI 感受态细胞,平板培养。分别从生长于 16°C 和 30°C 条件下海绵体内细菌 16S rDNAs 的转化平板上随机挑取一定数量的阳性菌落,用 27F 和 1510R 进行 PCR 扩增反应,回收纯化 PCR 扩增产物,用内切酶 *Hae* III 充分酶切后,采用两步银染法研究细菌 16S rDNAs 的 ARDRA。另外,从各转化平板上随即挑取 30 个阳性单菌落,对 XLI 细胞内 T-载体的克隆区内的 16S rDNA 片段进行测序,并采用 CLUSTALW、PHYLP (v 3.57) 和 BLAST 等软件对细菌 16S rDNAs 序列进行分析。

2 结果

2.1 细菌 16S rDNA 的克隆

本实验采用 Webster 等^[12]建立的方法从海绵 *Pachychalina* sp. 体内提取到了完整的总细菌基因组 DNA,经凝胶电泳检测,细菌基因组 DNA 大小约为 21.0 kb。用通用引物 27F 和 1510R 在含真菌基因组

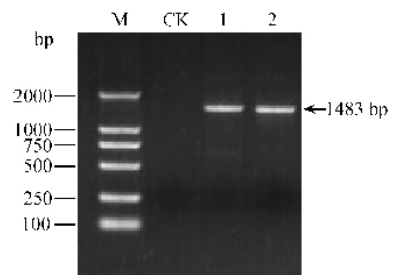


Fig. 1 真细菌 16S rDNAs 的 PCR 扩增产物

Fig. 1 The results of PCR for eubacteria 16S rDNAs with bacterial universal 16S rDNA primer. M. DNA Marker DL 2000; CK. control; 1-2. the results of PCR for eubacteria 16S rDNAs.

DNA 模板的反应体系中扩增到一条大小为 1483 bp 目的片段(图中箭头所指片段为目的片段。),而在用内切酶 *Alu* I 处理过的对照中扩增不出这一条带,说明无明显非特异性扩增现象,而且所扩增到的 16S rDNA 是真实可靠的(图 1)。

2.2 不同温度条件下厚指海绵 *Pachychalina* sp. 体内细菌 16S rDNA 的扩增酶切片段多态性 (Amplified rDNA Restriction Analysis, ARDRA)

本研究中,我们分别从生长于 16°C 和 30°C 条件下的厚指海绵 *Pachychalina* sp. 体内细菌 16S rDNAs 的转化平板上,随机挑取 100 个阳性菌落,用引物 27F 和 1510R 直接进行菌落 PCR 扩增,扩增产物快速纯化回收后,经内切酶 *Hae* III 酶切,变性 PAGE 凝胶电泳银染法后,获得了不同温度下海绵体内细菌 16S rDNAs 的限制性酶切片段长度多态性(ARDRA)银染图谱,根据细菌 16S rDNA 的 ARDRA 银染图谱发现:在两种不同温度下生长的厚指海绵 *Pachychalina* sp. 其体内细菌都具有丰富的多样性,而且,其体内细菌 16S rDNAs 的 ARDRA 银染图谱存在明显差异与变化,结果如图 2 所示。

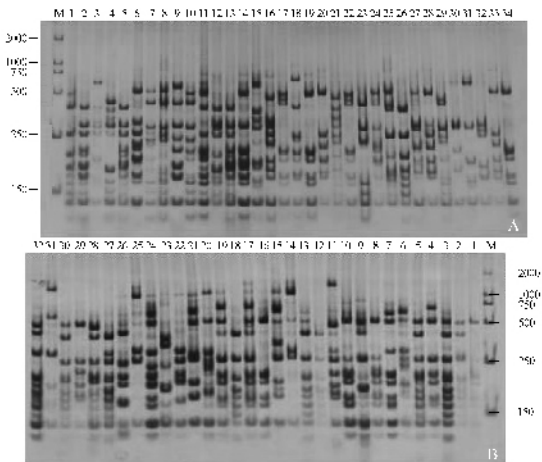


图 2 16°C (A) 和 30°C (B) 条件下海绵 *Pachychalina* sp. 体内细菌 16S rDNAs 的 ARDRA 结果

Fig.2 ARDRA patterns of 16S rDNAs from uncultured microorganisms associated with marine sponge *Pachychalina* sp. at 16°C (A) and 30°C (B). A: 1 to 34, *Hae* III ARDRA patterns of groups 1 to 34, The numbers on the left indicate the molecular sizes in base pairs. B: 1 to 32, *Hae* III ARDRA patterns of groups 1 to 32, The numbers on the right indicate the molecular sizes in base pairs.

2.3 聚类分析

根据厚指海绵 *Pachychalina* sp. 体内细菌 16S rDNA 的限制性酶切片段长度多态性,采用 UPGMA 聚类分析软件和 *Nei*&*Li* 相关系数法对细菌进行了聚类分析,结果如图 3 所示。聚类图从一定程度上

反映了生长在 16°C 和 30°C 条件下海绵体内细菌基本的群落结构与组成,同时也可以反映出在不同温度下,厚指海绵 *Pachychalina* sp. 体内细菌的某些变化情况。相对于 30°C 条件下厚指海绵 *Pachychalina* sp. 体内细菌的群落组成与结构来说,16°C 条件下海绵体内细菌的种类与细菌群落结构相对较为简单,群落之间的组成相对稳定。以相似系数 0.52 为结合点,16°C 条件下海绵体内细菌可分为二个大的类群,在大类群内又可分为若干小类群;如果以相似系数 0.66 为结合点,海绵体内细菌可分为 7 个类群,随着相似系数的增大,其体内细菌的群落结构就越复杂。而以相似系数 0.52 为结合点,30°C 条件下厚指海绵 *Pachychalina* sp. 体内细菌可分为 3 大群,以相似系数 0.66 为结合点,海绵体内的细菌可分为 7 个类群。16°C 和 30°C 条件下,海绵体内真细菌总的群落结构没有发生明显变化。

2.4 真细菌 16S rDNAs 序列聚类分析结果

通过对 XL1 感受态细胞内 T-载体上所包含的不同温度条件下海绵体内的细菌 16S rDNAs 片段的测序分析,共获得 38 条非重复序列。经与 GENBANK 所收录细菌的 16S rDNAs 进行 BLAST 分析后发现:两种温度条件下厚指海绵 *Pachylila* sp. 体内的细菌主要是 α 、 γ 、 δ -变形菌、部分硫细菌、硫还原菌、烃类分解细菌和少数放线菌。温度虽然没有改变海绵体内真细菌的种类,但不同温度条件下,海绵体内细菌的群落结构与组成发生了改变,海绵体内的优势细菌群落发生了变化,低温条件下,嗜寒菌的数量明显增多。根据细菌 16S rDNAs 序列间的最大相似性系数,获得了海绵体内细菌的系统进化树,结果如图 4 所示。

3 讨论

海绵是一种低等的海洋生物,进化十分原始,主要依靠体内的微生物来提供生长繁育所必需的营养物质,在其体内含有大量共生、附生或寄生的细菌和其他微生物。目前,有关海绵体内微生物组成与多样性的研究报道越来越多,但绝大多数报道只是涉及其体内的微生物资源和细菌共生体^[13-15]。海绵一直被视为海洋污损生物,生态因子对海绵体内微生物的影响以及海绵和它体内丰富的微生物资源的生态价值仍没有引起人们的重视。已有的研究发

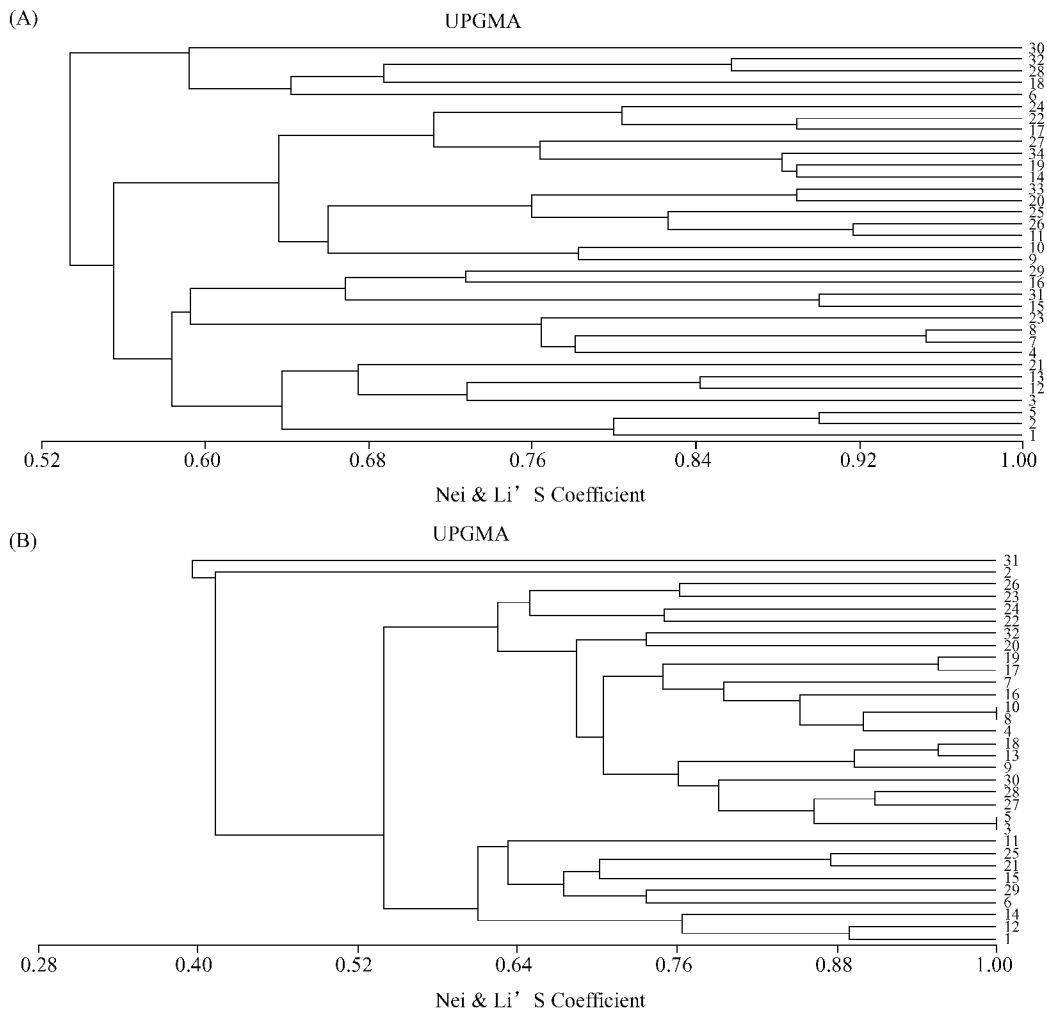
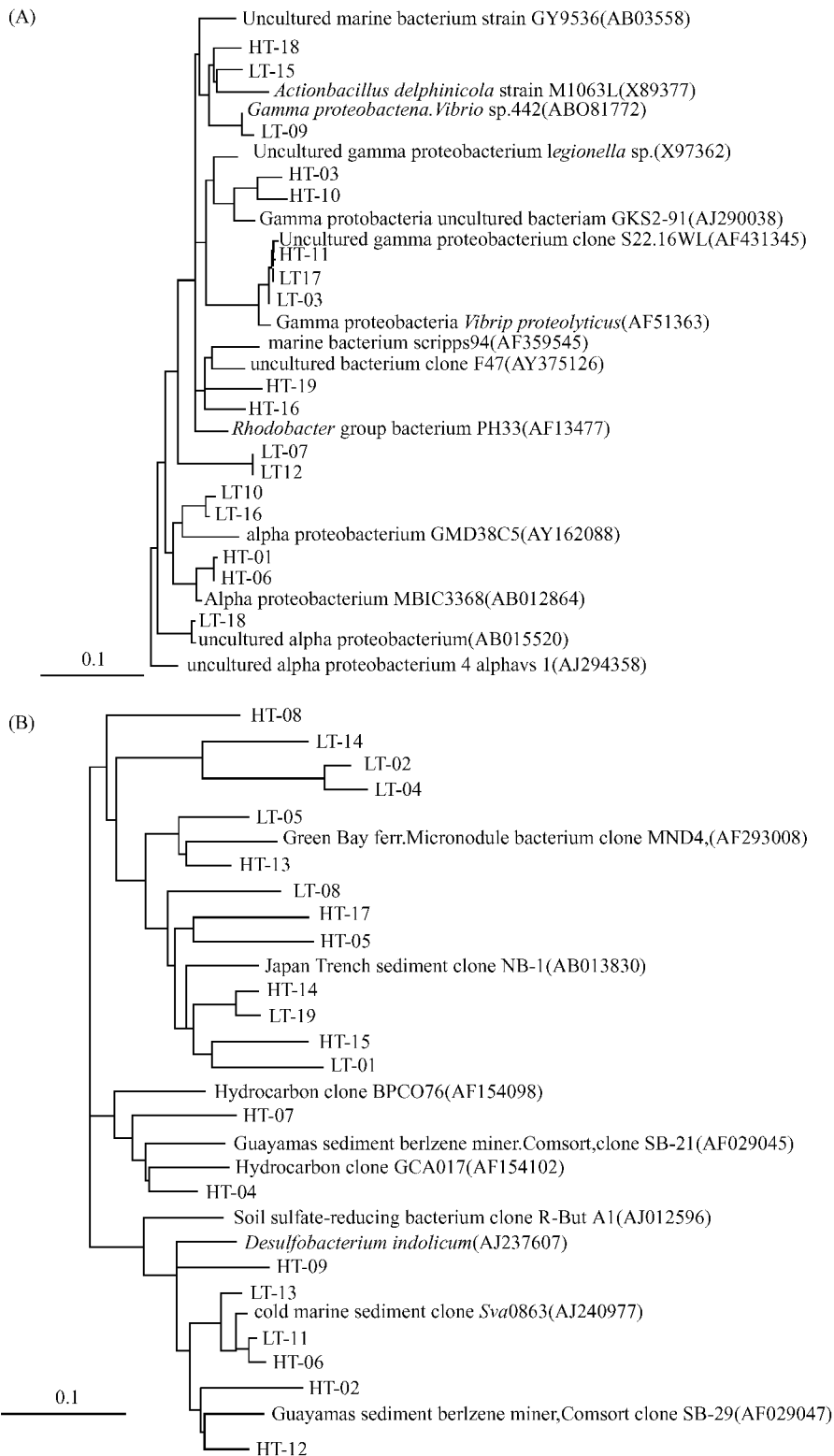


图 3 根据 Nei & Li's Coefficient 构建的 16°C (A) 和 30°C (B) 条件下海绵 *Pachychalina* sp. 体内真细菌的 UPGMA 聚类图

Fig. 3 Cluster tree of UPGMA of eubacteria associated with marine sponge *Pachychalina* sp. according to Nei & Li's coefficient. A: Cluster tree of UPGMA of eubacteria associated with marine sponge *Pachychalina* sp. at 16°C; B: Cluster tree of UPGMA of eubacteria associated with marine sponge *Pachychalina* sp. at 30°C.

现, 环境温度、pH 值和环境水体与土壤中的化学成分是影响微生物种类、数量以及分布的重要因素, 其中温度对微生物的影响更明显。研究发现温度可以改变微生物体内酶的种类及其活性, 特别是细胞膜上许多酶类的活力^[16-19, 20], 此外, 温度还可以改变细胞内 RNA 的修饰方式, 调控细菌的生长繁衍速度和数量^[21-22]。温度对海绵体内细菌组成的影响, 国外已有报道^[23-24]。最新的研究发现: 在 27°C 和 31°C 间, 温度不会使海绵 *Rhopaloides odorabile* 体内细菌的群落结构和组成发生改变, 根据 16S rDNAs 发现体内的细菌与其它海绵体内已知的细菌间具有很高的同源性, 海绵体内的细菌主要是变形菌、放线菌、硝化细菌、嗜酸菌和光合细菌, 但当温度从 31°C 升高至 33°C 后, 其体内可培养的主要共生细菌在 24 h 里完全消失, 3 d 后海绵细胞也开始坏疽^[24]。然而

在该研究中, 根据厚指海绵体内真细菌的 16S rDNAs 限制性酶切结果, 认为温度使海绵体内真细菌的群落组成发生了改变, 但没有明显改变真细菌总的群落结构。根据真细菌 16S rDNAs 序列分析结果, 海绵体内的真细菌主要属于 α 、 γ 、 δ -变形菌, 一部分属于硫细菌、硫还原菌、烃类分解细菌和极少数放线菌, 不同温度条件下, 海绵体内的优势菌发生了变化。在 16°C 条件下, 海绵体内存在大量 γ -变形菌, γ -变形菌是化能自养型细菌, 它们大量存在与低温状态下海绵正常的生命代谢活动是否存在必然联系, 仍有待进一步的研究。另外, 在海绵体内发现丰富的硫细菌、硫还原细菌和烃类分解细菌等化能自养型微生物, 这些化能自养型微生物的存在, 也许对海绵生存环境中碳、氮、硫等化学物质的地球化学循环具有重要的作用。



4 根据细菌 16S rDNAs 碱基组成的最大相似系数构建的 16°C 与 30°C 条件下厚指海绵 *pachychalina* sp. 体内细菌的系统进化树 (A) 和 (B)。其中 LT 表示 16°C, HT 表示 30°C

Fig.4 Maximum likelihood 16S rDNA tree showing positions of phylotypes of eubacteria associated with marine sponge *pachychalina* sp. cultured at 16°C and 30°C. A :phylotypes affiliated with Gammaproteobacteria ,Alpha- ,Gamma- ,proteobacteria ,other uncultured bacteria and actinobacteria. Partial 16S rDNA sequences obtained from the clone libraries of eubacteria associated with marine sponge *pachychalina* sp. cultured at 16°C and 30°C and their closest matching entries in GenBank were included in the analysis ; B :phylotypes affiliated with Sulfate bacteria ,Desulfobacteria and Hydrocarbon bacteria. Partial 16S rDNA sequences obtained from the clone libraries of eubacteria associated with marine sponge *pachychalina* sp. cultured at 16°C and 30°C and their closest matching entries in GenBank were included in the analysis. LT + No. means the bacteria associated with marine spong cultured at 16°C ,HT + No. means the bacteria associated with marine spong cultured at 30°C. The scale bar indicates 10% nucleotide change per 16S rDNA position.

参考文献

- [1] Li WKW , Dickie PM. Temperature characteristics of photosynthetic and heterotrophic activities : seasonal Variations in temperate microbial plankton. *Applied and Environmental Microbiology* ,1987 ,53(10) 2282 – 2295 .
- [2] Fuh-Kwo Shiah , Hugh W Ducklow. Temperature and substrate regulation of bacterial abundance ,production and specific growth rate in Chesapeake Bay ,USA. *Marine Ecology Progress Series* ,1994 ,103 297 – 308 .
- [3] Delille D ,Perret E. Influence of Temperature on the Growth Potential of Southern Polar Marine acteria. *Microbiology Ecology* ,1989 ,18 :117 – 123 .
- [4] Rutter M ,Nedwell DB. Influence of changing temperature on growth rate and competition between two psychrotolerant Antarctic bacteria :competition and survival in non-steady-state temperature environments. *Applied and Environmental Microbiology* ,1994 ,60(6) :1993 – 2002 .
- [5] Knoblauch C , Jørgensen BB. Effect of temperature on sulphate reduction ,growth rate and growth yield in five psychrophilic sulphate-reducing bacteria from Arctic sediments. *Environmental Microbiology* ,1999 ,1(5) :457 – 467 .
- [6] Nedwell DB. Effect of low temperature on microbial growth : lowered affinity for substrates limits growth at low temperature. *FEMS Microbiology Ecology* ,1999 ,30 :101 – 111 .
- [7] Whlte PA ,Kalff J ,Rasmussen JB ,et al. The effects of temperature and algal biomass on bacterial production and specific growth rate in freshwater and marine habitats. *Microbiology Ecology* ,1991 ,21 99 – 118 .
- [8] Lovell CR ,Konopka DA. Seasonal bacterial production in a dimictic lake as measured by increases in cell numbers and thymidine incorporation. *Applied and Environmental Microbiology* ,1985 ,49 492 – 500 .
- [9] Hoch M ,Kirchman DL. Seasonal and inter-annual variability in bacterial production and biomass in a temperate estuary. *Marine Ecology Progress Series* ,1993 ,98 283 – 295 .
- [10] Ducklow HW ,Shiah F. Bacterial production in estuaries // Ford T. ed. *Aquatic Microbiology :An Ecological Approach* , Vol. 11. New York :Blackwell Scientific Publications ,1993 : 261 – 288 .
- [11] Shiah FK. Multi-scale variability of bacterioplankton abundance ,production and growth rate in the temperate estuarine ecosystems. Ph. D. thesis. University of Maryland ,Cambridge ,1993 .
- [12] Webster NS ,Wilson KJ ,Blackall LL ,et al. Phylogenetic diversity of bacteria associated with the marine sponge *Rhopaloeides odorabile*. *Applied and Environmental Microbiology* ,2001 ,67 434 – 444 .
- [13] Erwin PM ,Thacker RW. Cryptic diversity of the symbiotic cyanobacterium *Synechococcus spongiarum* among sponge hosts. *Molecular Ecology* ,2008 ,17(12) 2937 – 2947 .
- [14] Schmitt S , Angermeier H , Schiller S , et al. Molecular microbial diversity survey of sponge reproductive stages and mechanistic insights into vertical transmission of microbial symbionts. *Applied and Environmental Microbiology* ,2008 , 74(24) :7694 – 708 .
- [15] Hentschel Ute ,Hopke J ,Horn M ,et al. Molecular evidence for a uniform microbial community in sponges from different oceans. *Applied and Environmental Microbiology* ,2002 ,68 : 4431 – 4440 .
- [16] Huston AL ,Krieger-Brockett BB ,Deming JW. Remarkably low temperature optima for extracellular enzyme activity from Arctic bacteria and sea ice. *Environmental Microbiology* , 2000 ,2(4) 383 – 388 .
- [17] Feller G , Narinx E , Arpigny JL , et al. Temperature dependence of growth ,enzyme secretion and activity of psychrophilic Antarctic bacteria. *Applied and Environmental Microbiology* ,1994a ,61 477 – 479 .
- [18] Christian JR ,Karl DM. Bacterial ectoenzymes in marine waters :Activity ratios and temperature responses in three oceanographic provinces. *Limnology and Oceanography* , 1995 ,40(6) :1042 – 1049 .
- [19] Lo Giudice A ,Michaud L ,de Pascale D ,et al. Lipolytic activity of Antarctic cold-adapted marine bacteria (Terra Nova Bay ,Ross Sea). *Journal of Applied Microbiology* , 2006 ,101(5) :1039 – 1048 .
- [20] Könneke M ,Widdel F. Effect of growth temperature on cellular fatty acids in sulphate-reducing bacteria. *Environmental Microbiology* ,2003 ,5(11) :1064 – 1070 .
- [21] Paleckova P ,Felsberg J. tmRNA abundance in *Streptomyces aureofaciens* , *S. griseus* and *S. collinus* under stress-inducing conditions. *Folia Microbiologica (Praha)* ,2007 , 52(5) 463 – 470 .
- [22] Shershneva LP ,Egorova LA ,Mikrobiologiya M ,et al. tRNA-methylase study of the extreme thermophile ,*Thermus flavus*. *Microbiology* ,1979 ,48(2) 222 – 225 .
- [23] Nishiguchi MK. Temperature affects species distribution in symbiotic populations of *Vibrio* sp.. *Applied and Environmental Microbiology* ,2000 ,66(8) 3550 – 3555 .
- [24] Webster NS ,Cobb RE ,Negri AP. Temperature thresholds for bacterial symbiosis with a sponge. *Multidisciplinary Journal of Microbial Ecology* ,2008 ,2(8) 830 – 842 .

Effect of temperature on the eubacteria associated with marine sponge *Pachychalina* sp.

Zaiguang Fang^{1,2*}, Chunfu Tong², Yongqin Feng¹, Jianjian Lu²

(¹ Key Laboratory of Tropical Biological Resources of Ministry of Education, and Key Laboratory of Biotechnology of Tropical Aquatic Organisms of Hainan Province Hainan University, Haikou 570228, China)

(² The State Key Laboratory for Estuarine and Coastal Research (SKLEC), East China Normal University, Shanghai 200062, China)

Abstract Temperature is important factor affecting the bacterial diversity. [**Objective**] In order to disclose the effect of temperature on the diversity of microorganisms. [**Methods**] The diversity of microorganisms associated with the sponge *Pachychalina* sp. at 16°C and 30°C of the seawater in the Gulf of Zhanjiang was examined by a restriction fragment length analysis termed ARDRA (amplified rDNA restriction analysis) and 16S rRNA-encoding DNA (rDNA) sequence analysis. The computer-aided clustering was performed after separate restriction analysis with enzymes *Hae* III. [**Results**] By this method, 100 cloned 16S rDNA fragments were clustered into a total of 34 different groups at 16°C and 32 different groups at 30°C. *Hae* III ARDRA patterns showed different among eubacteria living at different temperature degree, whereas the whole communities of eubacteria were not changed distinctly. Screening 60 clones by sequence analysis suggested vast majority of eubacteria related to α , γ , δ subclasses of the class *Proteobacteria*, some related to sulfur bacteria, *desulfobacter*, and hydrocarbon utilizing bacteria, minority belonging to *actinomyceten* at 16°C and 30°C. α subclass of the class *Proteobacteria* were the predominant bacteria at 30°C, and γ -*Proteobacteria* were predominant bacteria at 16°C, additionally sulfur bacteria and *desulfobacter* were mainly attributed to chilly-enduring bacteria. Sequence analysis of clones with an identical ARDRA pattern confirmed that members of an ARDRA group were closely related to each other.

Keywords : *Pachychalina* sp. ; temperature ; eubacteria ; ARDRA (amplified rDNA restriction analysis) ; 16S rDNA

(本文责编 : 王晋芳)

Supported by Shanghai Technology & Science Administration Key Project (04DZ12049).

* Corresponding author. Tel : + 86-898-66279184 ; E-mail : abslont@hotmail.com

Received 3 January 2009 / Revised 17 April 2009

《微生物学报》答作者问——关于审稿

问 : 我想知道我的稿件的处理状态, 如何查询 ?

答 : 您可以登录网上查稿区, 输入您的用户名、密码, 即可查询到审稿状态。如果不是太明白远程中获取的信息, 您也可以通过 e-mail 询问, 请注意务必要提示稿件编号, 编辑部会在收到您的来信的当天或者次日及时给予回复。

问 : 我想尽早得到审稿结果, 或者提前发表, 有没有好的办法能使审稿老师快点。比如我们增加审稿费等方法 ?

答 : 如上述所言, 我们已经告知了本刊处理稿件的程序和大致时间进度。

- (1) 在作者向我刊投稿之前, 应详细了解我刊的规定。审稿人评审一篇文章, 并给出谨慎的评审意见是需要一定时间的。所以, 作者在投稿之前应该留出足够多的时间给编辑部, 以便于进行评审。我们的承诺是在 2 个月之内给予答复, 5~7 个月之内刊出。
- (2) 如要求提前发表, 请在投稿的同时提出书面报告, 说明该研究成果的重要性、创新性、竞争性和提前发表的必要性, 经过我刊编委会讨论并通过后, 可予提前刊出, 无需另加任何费用。

问 : 我的文章现已审查完毕, 并收到了编辑部发来的“审稿意见”。我想咨询, 如果文章修改后, 再次投递, 是否还需要交稿件受理费? 是否仍然用原论文编号提交?

答 : 这要分两种情况,

- (1) 如果你的文章已经被通知“退稿”了, 那么修改之后再投来的文章将按“新稿件”处理, 从程序上来讲和新投稿件是一样的, 仍需要缴纳稿件受理费。但是为便于稿件审理, 请作者在投稿时在文题的后面加上“原稿件号+修后再投”字样。
- (2) 如果是编辑部在审稿意见中要求您修改后再经本刊“复审”, 则不作为新稿处理, 请作者直接将修改稿上传到远程系统中, 不再另交稿件受理费。