

# 《伯杰氏鉴定细菌学手册》和“伯杰氏国际系统微生物学学会”历史回顾、发展现状及未来展望

李文均<sup>1,2\*</sup>, 陈瑛<sup>1</sup>, 田新朋<sup>3</sup>, 焦建宇<sup>1\*</sup>

- 1 中山大学生命科学学院 有害生物控制与资源利用国家重点实验室, 广东 广州 510275
- 2 中国科学院新疆生态与地理研究所 荒漠与绿洲生态国家重点实验室, 新疆 乌鲁木齐 830011
- 3 中国科学院南海海洋研究所 中国科学院热带海洋生物资源与生态重点实验室, 广东 广州 510301

李文均, 陈瑛, 田新朋, 焦建宇. 《伯杰氏鉴定细菌学手册》和“伯杰氏国际系统微生物学学会”历史回顾、发展现状及未来展望[J]. 微生物学报, 2023, 63(5): 1714-1723.

LI Wenjun, CHEN Ying, TIAN Xinpeng, JIAO Jianyu. Bergey's Manual of Determinative Bacteriology and Bergey's International Society for Microbial Systematics (BISMIS): past, present and future[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2023, 63(5): 1714-1723.

**摘要:** 2023年是《伯杰氏鉴定细菌学手册》出版一百周年。《伯杰氏鉴定细菌学手册》的诞生,旨在建立起原核微生物分类的明确标准,开启对原核微生物分类学探索的使命。随着生物学、物理学、化学、分子生物学、生物信息学及其相关研究技术的发展及学科交叉,微生物分类学逐渐发展为以系统发育和多相分类为基础、研究微生物物种进化与生物学特性和物种间相关性的学科,因此新发现的微生物物种及其生物学特征信息增加迅猛,该手册在2015年改名为《伯杰氏古菌与细菌系统学手册》,并采用了电子版,使得更新快捷,为原核微生物系统分类学领域注入新的生机和活力。《伯杰氏鉴定细菌学手册》是微生物系统分类学的经典之作,为微生物学者提供微生物物种分类信息的同时,也在引领该领域的学者探索更为广阔的微生物世界。“伯杰氏国际系统微生物学学会”于2009年成立,旨在促进国际微生物领域的学术交流,推动原核微生物系统分类学的发展。本综述全面回顾了《伯杰氏鉴定细菌学手册》和“伯杰氏国际系统微生物学学会”的发展历史及最新进展,并对其未来发展方向进行了展望。

**关键词:** 《伯杰氏鉴定细菌学手册》; 伯杰氏国际系统微生物学学会; 分类学; 系统学

资助项目: 国家自然科学基金(31972856, 91951205, 92251302, 32200007)

This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (31972856, 91951205, 92251302, 32200007).

\*Corresponding authors. E-mail: LI Wenjun, liwenjun3@mail.sysu.edu.cn; JIAO Jianyu, jiaojy5@mail.sysu.edu.cn

Received: 2023-01-27; Accepted: 2023-04-07

# Bergey's Manual of Determinative Bacteriology and Bergey's International Society for Microbial Systematics (BISMIS): past, present and future

LI Wenjun<sup>1,2\*</sup>, CHEN Ying<sup>1</sup>, TIAN Xinpeng<sup>3</sup>, JIAO Jianyu<sup>1\*</sup>

1 State Key Laboratory of Pest Biocontrol and Resource Utilization, School of Life Sciences, Sun Yat-Sen University, Guangzhou 510275, Guangdong, China

2 State Key Laboratory of Desert and Oasis Ecology, Xinjiang Institute of Ecology and Geography, Chinese Academy of Sciences, Urumqi 830011, Xinjiang, China

3 CAS Key Laboratory of Tropical Marine Bio-resources and Ecology, South China Sea Institute of Oceanology, Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510301, Guangdong, China

**Abstract:** The year 2023 marks the centenary of the publication of the *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology*. *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology* was created to establish clear criteria for the classification of prokaryotic microorganisms and to initiate a mission to explore the taxonomy of prokaryotic microorganisms. With the innovation and promotion of biology, physics, chemistry, molecular biology, bioinformatics and related research techniques, and the interdisciplinary nature of microbial taxonomy, which is based on phylogenetic relationships and polyphasic taxonomy, the study of the evolution and biology of microbial species and interspecies correlation has led to a rapid increase in the number of newly discovered microbial species and information on their biological characteristics. The *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology* was renamed to *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria* in 2015 and made available electronically, allowing for quick updates and a new dynamic in the field of systematic taxonomy of prokaryotic microorganisms. The "Bergey's International Society for Microbial Systematics (BISMIS)" was established in 2009 to enhance the dissemination of systematic microbiological biotechnology and to promote international academic exchange in the field of microbiology. This review provides a comprehensive overview of the history and recent developments of the *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology* and "Bergey's International Society for Microbial Systematics (BISMIS)", as well as an outlook on their future directions.

**Keywords:** *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology*; Bergey's International Society for Microbial Systematics; microbial taxonomy; microbial systematics

## 1 微生物系统分类学的发展历史

微生物系统分类学是一门与相关研究技术和方法学共同发展的学科。从早期的形态学研究(依赖显微镜)、化学信息分析(化学方法的确立)、分子系统鉴定(测序技术的发展),直到当

今基因组系统学时代,系统分类学逐渐发展成为以系统发育关系和物种多相分类为手段,研究微生物个体和个体间关系的综合性学科。其主要研究内容是依靠现有微生物种系关系、分类、鉴定和命名的相关原理和方法,对微生物类群间的系统发育关系进行研究,并采用多相

分类手段对物种进行区分和归类。从哲学的角度来讲,微生物系统学从客体出发,重在认识类群之间的关系,是理论创新的源泉;分类学则是从主体出发,重在认知微生物物种,是理论创新的结果。对物种的分类鉴定脱离不了微生物系统学的知识框架,而微生物系统学的研究也不能脱离实实在在的分类个体,二者相互依存,缺一不可。微生物系统分类学最终解决的科学问题是“它是谁”和“它们的关系是什么”。《伯杰氏鉴定细菌学手册》正是微生物系统分类学发展的见证者,凝结了该学科领域专家学者 100 年来的辛勤和汗水,承载了微生物学的研究记忆。

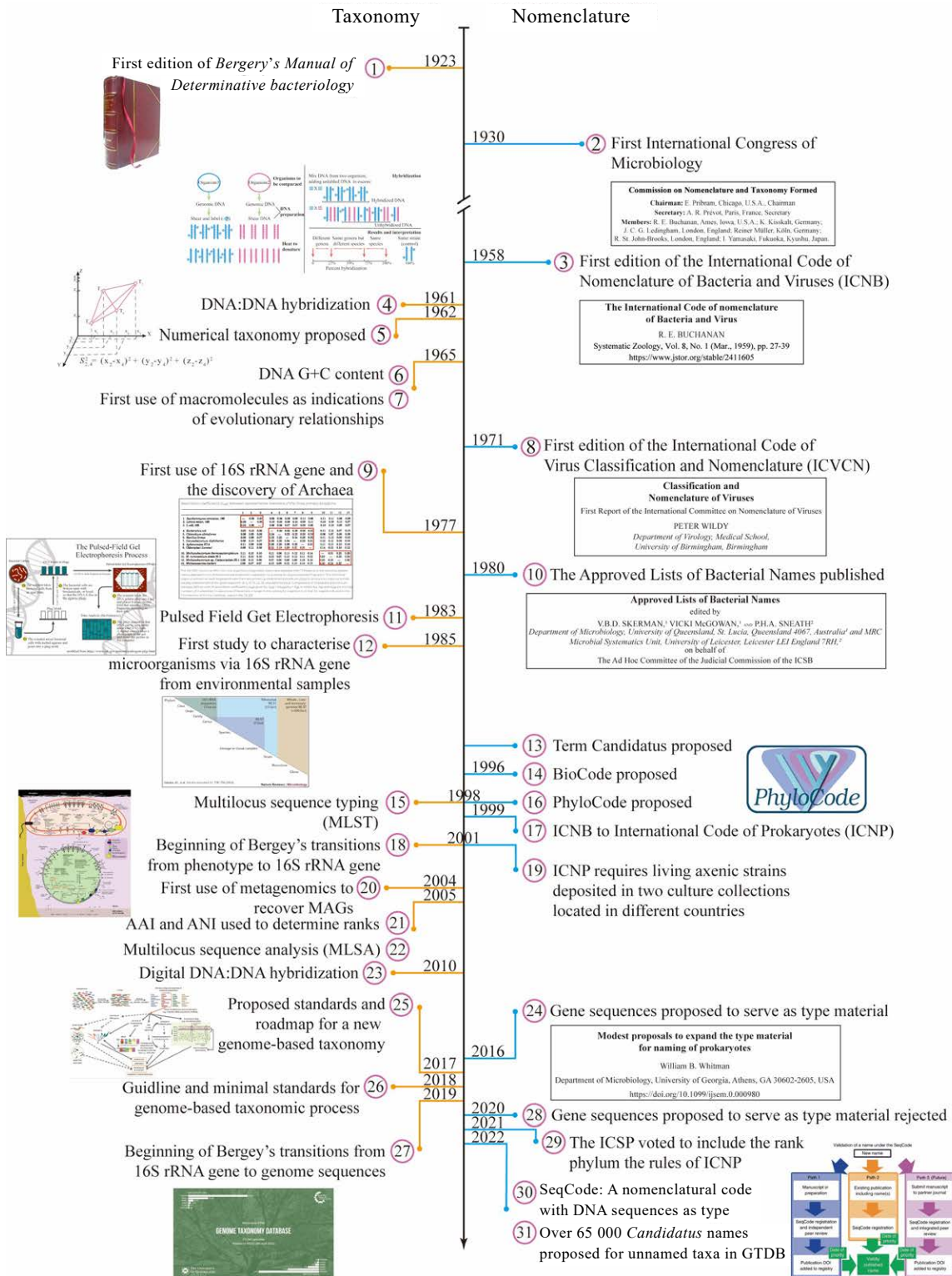
## 2 《伯杰氏鉴定细菌学手册》的历史回顾

1923 年,由大卫·伯杰(David Bergey)、弗朗西斯·哈里森(Francis Harrison)、罗伯特·布利德(Robert Breed)、伯纳德·哈默(Bernard Hammer)和弗兰克·亨顿(Frank Huntoon)组成的编辑委员会,发行了《伯杰氏鉴定细菌学手册》(*Bergey's Manual of Determinative Bacteriology*)第一版。在那个时代,整个原核微生物领域还处于混沌的状态,对科研工作者来说,原核微生物的分类缺乏一个明确的标准。在这样的背景下,美国微生物学会(American Society for Microbiology, ASM, 曾称为美国细菌学家协会)任命了《伯杰氏鉴定细菌学手册》的编辑委员会。第一版《伯杰氏鉴定细菌学手册》的诞生,为后续规范微生物分类学打下了良好的基础。

随着技术的革新,微生物系统分类学在理论上得到了一个飞速的发展,其发展历程中的大事件可见图 1<sup>[1-3]</sup>。《伯杰氏鉴定细菌学手册》也于 1925 年、1930 年分别出版了第二版和第三版。1936 年,“伯杰氏手册信托基金委员会”成

立,以此来管理手册的出版及制定各项活动的流程。从信托基金委员会成立以来,负责人出版了《伯杰氏鉴定细菌学手册》的第四版至第九版(最后一版于 1994 年出版)。而在 1977 年 DNA 测序技术开始成熟发展的背景下,1984 信托基金委员会开始组织专家学者撰写《伯杰氏系统细菌学手册》(*Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*),到 1989 年第一版出版面世。11 年后,第二版于 2001–2012 年出版,共 5 卷,汇聚了全球分类学领域近千名专家学者的贡献。《伯杰氏鉴定细菌学手册》提供了关于原核微生物物种的系统学和分类学信息,更是涉及到了生理生态学以及关于类群生境的描述。分类是科学准确地确定目标菌株的系统进化位置,鉴定是根据物种特征的异同定义物种的类别<sup>[4-5]</sup>。从《伯杰氏鉴定细菌学手册》发展到《伯杰氏系统细菌学手册》<sup>[6-7]</sup>,是对分类学科认知的深化,也是分类技术和依据革新的集成,特别是完成了从细菌经典的形态和生理分类,到后来主要以基因组 DNA 杂交、16S rRNA 基因序列相似性为依据的分子分类的变迁。随着微生物信息的爆炸式增长,纸质出版已经满足不了刊载最新信息的需要。2015 年 4 月开始,《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》(*Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*, BMSAB)开始在线发布更为快捷的电子版手册(详细地址见 <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/book/10.1002/9781118960608>),为原核微生物系统分类学领域注入新的生机和活力。

自 1936 年成立以来,“伯杰氏手册信托基金会”通过出版关于微生物系统分类学的手册,为细菌和古菌的分类学提供了最全面、最系统、最权威的数据和知识宝库。从 1974 年的第 8 版开始,已经成为世界通用的“官方分类”。在《伯杰氏鉴定细菌学手册》中,读者可以窥见各个原核微生物群体的分类学、系统学、生理学和生态学等。



Modified from Philip Hugenholtz, ISME J, 2021

图 1 过去 100 年里国际原核微生物分类学上的重要里程碑事件(引用并修改自文献[1])

Figure 1 Important milestones in international prokaryotic taxonomy over the past 100 years (modified from reference [1]).

多方面信息，也能了解到多维度的、反映其进化历史的原核生物个体和个体间关系。

### 3 《伯杰氏鉴定细菌学手册》的发展现状

截至 2023 年初，《伯杰氏鉴定细菌学手册》累计刊载的原核微生物，共计约 58 个门类、123 个纲、214 个目和将近 2 576 个种。《伯杰氏系统细菌学手册》凝聚了信托基金会与全球的近千名微生物学家的心血和研究成果，如第二版第 5 卷，该卷展示了国内外放线菌领域的成果<sup>[8]</sup>，全球有 125 位专家受邀撰写章节，其中包括我国的 8 位专家学者(陶天申、刘志恒、黄英、陈文峰、李文均、崔晓龙、唐蜀昆、职晓阳)。古菌方面，以崔恒林、许学伟和李文均等为代表的中方学者团队做出了一定的贡献，而细菌领域的中国学者贡献者众多，不一一赘述，可参考《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》编辑及贡献者名录网站(<https://onlinelibrary.wiley.com/page/book/10.1002/9781118960608/homepage/editorscontributors.html>)。对于从事古菌、细菌分类的学生或相关科研人员来说，这是一个全方面了解原核生物及其多样性的绝佳资源。《伯杰氏鉴定细菌学手册》也被誉为微生物研究者的“圣经”，是微生物系统学研究中的权威工具书。

在过去 10 年中，原核生物新分类群的分离和描述激增。而细菌的分类单位的确立，需要在《国际系统与进化微生物学期刊》(*International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, IJSEM*)上得到公开，方可生效发表<sup>[9]</sup>。这种信息的快速更新也催生了对《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》电子版的需求，两者结合能够将有关特定原核生物群的新信息与原有的知识相结合，更好地服务于读者，并让他们更深刻地理解原核微生物。

伯杰氏国际微生物系统学会(BISMIS)成立暨首届会议于 2011 年 5 月 19 日至 23 日在中国北京友谊宾馆成功举行，且以后计划每 2-3 年举行一次。但由于 2019 年末暴发的新型冠状病毒(COVID-19)大流行，原定于 2021 年在广州举办的第五届 BISMIS 会议暂定推迟到 2023 年，这也将焕发出微生物领域的新光彩(五届会议的信息见表 1)。2011 年 5 月 22 日，我国著名放线菌系统分类学家、中国科学院微生物研究所阮继生教授和刘志恒教授在 BISMIS 的会议上，被伯杰氏基金会主席 Michael Goodfellow 教授授予了伯杰氏基金会颁发的“伯杰氏奖章”。该奖项是国际微生物领域的最高终身成就奖，用于表彰他们对微生物系统学做出的卓越贡献。

伯杰氏国际微生物系统学会(Bergey's International Society for Microbial Systematics, BISMIS)的现任主席是印度孟买的卡姆莱什·詹吉德(Kamlesh Jangid)教授，秘书长是中山大学的李文均教授，财务官是来自佐治亚大学的威廉·惠特曼(William B. Whitman)教授。从 2006 年“伯杰氏手册信托基金委员会”的构思，到 2011 年最终获得批准的 BISMIS 章程，BISMIS 的目标始终是促进微生物系统学、分类学家之间的全球交流，并且积极成为微生物系统学和多样性国际的倡导者(详细信息可查看网址 <https://www.bismis.net/>)。

近两年来，由于暴发全球范围内的新冠病毒大流行，BISMIS 组委会为了伯杰氏国际微生物系统学会的活力，同时为了分享国际范围内的微生物系统分类学的新理论、新技术方法的最新进展，决定自 2021 年 3 月起，每个月会开展一次线上学术交流会议，每次会议能够邀请到微生物系统分类学领域的一些专家对某个专题进行前沿学术报告和同行线上交流，近两年组织的 20 场线上会议汇总见表 2。月度研讨会从 2021 年 3 月 20 日开始，在每个月的第 3 个星期六举行。

表 1 “伯杰氏国际系统微生物学学会”系列会议信息

Table 1 The information on the series meetings of BISMIS

Year	Theme	Place	Sessions
2011	Microbial Systematics: Concepts, Practices and Recent Advances	Beijing, China	1. Microbial Systematics and Diversity 2. Technological Advances in Systematics and Biotechnology 3. Archaeal Systematics and Diversity 4. Microbial Systematics and its Impact on Biotechnology
2014	Defining Microbial Diversity in the Genomic Era	Edinburgh, Scotland	1. Use of Genomic Sequences in Microbial Taxonomy 2. Chemotaxonomy <i>in vitro</i> vs. <i>in vivo</i> 3. Microbial Systematics in the Classroom 4. Lessons for Systematics from Metagenomic Studies 5. New Approaches and New Taxa
2016	Microbial Systematics and Metagenomics	Pune, India	1. Genomic/Metagenomic Description of Novel Taxa 2. Cultures and Culturing of As-Yet-Uncultivated Microbes 3. The Role of Cultures in the Twenty First Century 4. Modern Approaches to Identification/Diagnosis 5. Minimum Standards for the Description of New Taxa 6. Cyanobacterial Taxonomy
2018	Capturing Species Diversity	Johannesburg, South Africa	Not present
2023	Microbial Systematics in Meta-data Era: Opportunities and Challenges	Guangzhou, China	1. Cultivating Previously Uncultivated Microbes 2. Changes in Microbial Systematics 3. How to Name Uncultivated Prokaryotes 4. Intra- & Inter- Species diversity and Speciation 5. Microbial Systematics and Its Impact on Biotechnology Research 6. Bridging the Gap Between Microbial Systematics and the Larger Microbiology Community

表 2 2021–2022 两年内 BISMIS 组织的历期月度线上学术研讨会信息

Table 2 Detailed information on the monthly seminars of BISMIS in the past two years of 2021–2022

举办期数	邀请嘉宾	工作单位	国家	报告主题
一	Prof. Philip Hugenholz	生态基因中心主任、昆士兰大学	澳大利亚	The Genome Taxonomy Database (GTDB) —lessons learned
二	Prof. Lain Sutcliffe	国际原核生物系统学委员会 (ICSP)主席、诺森比亚大学	英国	Microbial taxonomy: Where are we now and where are we going?
三	马俊才 研究员	中国科学院微生物研究所	中国	GCM 2.0: WDCM 10K sequencing project for type strains
四	李文均 教授	中山大学	中国	Mining the microbial dark matter: Challenges and opportunities
五	Prof. Aharon Oren	耶路撒冷希伯来大学	以色列	Naming new taxa of prokaryotes in the 21st Century
六	Prof. Brian Hedlund	内华达大学-拉斯维加斯分校	美国	Taxonomy of uncultivated microorganisms: The good, the bad, and the ugly
七	Dr. Marike Palmer	内华达大学-拉斯维加斯分校	美国	Microbial species concepts-the status quo in the-omics era

(待续)

(续表 2)

举办期数	邀请嘉宾	工作单位	国家	报告主题
八	Prof. Kostas Konstantinidis	乔治亚理工学院土木与环境工程学院	美国	Classifying prokaryotic genomes using the 95% ANI threshold and the Microbial Genomes Atlas (MiGA) webserver
九	Prof. Ramon Rossello-Mora	巴利尔斯大学地中海先进研究所	西班牙	Lessons learned from the LTP that reinforces the robustness of the 16S as phylogenetic marker for biodiversity studies
十	Prof. Martha Trujillo	萨拉曼卡大学微生物学和遗传学系	西班牙	Taxonomic descriptions and reviews: In need of a new working frame
十一	Prof. Mark Pallen	四方研究所、东英吉利大学	英国	Nomenclature of archaea and bacteria in the age of genomics: From pedantry to pragmatism
十二	Prof. William Whitman	乔治亚大学	美国	Why we need the International Code of Nomenclature of Prokaryotes Described from Sequence Data or the SeqCode
十三	主持人: Prof. Iain Sutcliffe Prof. Fanus Venter Prof. Henrik Christensen Prof. Dr. Jörg Overmann Prof. William Whitman	诺森比亚大学 普雷塔里亚大学 哥本哈根大学 微生物菌种保藏中心莱布尼茨研究所 乔治亚大学	英国 南非 丹麦 德国 美国	SeqCode: An alternative code for naming the uncultivated
十四	主持人: Prof. Brian Hedlund Prof. Aharon Oren Dr. Karen Lloyd	内华达大学-拉斯维加斯分校 耶路撒冷希伯来大学 田纳西大学	美国 以色列 美国	Implications of including the rank of phyla in the rules of ICNP
十五	Dr. Taiki Katayama	日本产业技术综合研究所	日本	Cultivation and characterization of a member of novel bacterial phylum Atribacterota (formerly OP9 or Atribacteria)
十六	Dr. Mauricio Chalita	韩国生物科学中心	韩国	EzBioCloud: An evidence-based sequence identity database for microbial drug discovery
十七	Dr. Maria Chuvochina	昆士兰大学	澳大利亚	Short lessons on the etymology of prokaryotic species or when Latin is not your mother tongue
十八	Prof. Patrick Forterre	巴斯德研究所	法国	The position of Asgard Archaea in the tree of life: Evidences for ancient genes exchange between Asgard and proto-eukaryotes
十九	Dr. Luis M. Rodriguez-R	因斯布鲁克大学	奥地利	The SeqCode Registry, a semi-automated platform for the proposal and exploration of names of prokaryotes described from sequence data
二十	Prof. Paul A. Lawson Dr. Krithivasan Sankaranarayanan	俄克拉荷马大学微生物学和植物生物学系	美国	Genome inferred taxonomic analysis: Beyond gene inventories

## 4 《伯杰氏鉴定细菌学手册》的发展展望

《伯杰氏鉴定细菌学手册》自第一版刊发以来, 其对微生物系统分类学的意义巨大, 不仅规范了微生物分类学的依照标准, 也是原核微生物分类学的百科全书, 被人们公认为“分类学的圣经”。当想要研究微生物的致病力、遗传变异或生理生化特征, 一个必要的前提是确定该菌种的类别, 知道它的名称。因此, 《伯杰氏鉴定细菌学手册》可以称为是微生物领域的研究基础, 现更名为《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》。随着数据的与日俱增和理念的与时俱进, 《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》的未来发展应该围绕着“信息数字化”“学科交叉化”“内容前沿化”“理念包容化”和“社群活跃化”来进行。具体而言, 《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》今后发展的重点应该包括如下内容。

### 4.1 信息数字化

《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》的在线发布一定程度上解决了信息更新的问题, 能加快大众跟进微生物分类最新内容的速度。随着新物种发现速度的增加, 在做好物种信息更新的同时, 也应当将物种数据数字化, 从而在面对海量的信息时, 能够方便搜索和查阅。

### 4.2 学科交叉化

《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》是承载了微生物学科研成果的见证者, 其发展史也是生物、物理、化学、分子生物学、生物信息学等多学科交叉融合的结果。学科的交叉化也能一定程度突破认知壁垒, 辨清微生物系统分类学的学科前进方向。

### 4.3 内容前沿化

《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》目前统计

的还是可培养微生物系统分类的信息, 还没有很多未培养微生物类群的描述。对于未培养微生物的命名难题, 需要在《国际原核生物命名法则》(*The International Code of Nomenclature of Prokaryotes*, ICNP)的基础上寻求改变<sup>[10-11]</sup>, 一是将 DNA 序列一样应该视同为模式材料; 二是为未培养的古菌和细菌创造一个命名代码 SeqCode<sup>[11]</sup>。另外, 环境中存在着大量的未培养微生物, 研究人员用微生物“暗物质”<sup>[12-13]</sup>来代表它们, 现在也逐步采用宏基因组技术和单细胞基因组技术来实现这部分资源的挖掘<sup>[14-15]</sup>。SeqCode 和未培养类群信息更新也将会是《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》与时俱进的体现。

### 4.4 理念包容化

传统分类和现代分类之间会存在角度的不同, 而面对分歧, 科学界达成了共识声明<sup>[10,16-17]</sup>。正是专家学者秉承期望学科更繁荣的初心, 面对困难才能迎刃而解, 这份包容理解对《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》的未来十分关键。

### 4.5 社群活跃化

BISMis 月度研讨会的学术报告让学术交流更频繁, 而学科的生机和活力需要新鲜的血液, 微生物系统分类学也应该积极培养吸纳有建树的年轻学者, 为《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》的未来发展“添砖加瓦”。

## 5 结语

本文回望《伯杰氏鉴定细菌学手册》出版一百年间, 系统阐述了其为微生物系统分类学发展领域做出的贡献, 并对其发展现状进行了阐述。也揭示了从“鉴定”到“分类”的变化是微生物领域的工作者对系统学发展认识逐步清晰的



过程。作为微生物系统分类学发展的见证者，《伯杰氏鉴定细菌学手册》是一代又一代投身于微生物系统分类的专家学者努力奋斗的缩影。在基因组学和生物信息学迅猛发展的今日，《伯杰氏鉴定细菌学手册》也会做到与时俱进，推陈出新，更加直观地反映出微生物系统分类学上的进步。2023年11月，正迎第五届伯杰氏国际系统微生物学学会在广州举办之际，也将诚挚邀请各位有志于从事经典和现代微生物系统分类学研究的国内外同仁一起相聚于羊城广州，并一起探讨国际微生物系统分类学领域的未来发展，为微生物分类学作出贡献。百年之后，伯杰氏国际系统微生物学学会将坚定继承《伯杰氏鉴定细菌学手册》出版的初心，延续《伯杰氏鉴定细菌学手册》的研究价值，引领微生物系统分类学未来发展。

## 致谢

感谢本团队的连政汉博士生对过去百年国际原核微生物分类学的历史进行了系统梳理，汇总成了图1这幅精美的时间轴图；感谢美国佐治亚大学微生物系的William B. Whitman教授提供的关于《伯杰氏古菌和细菌系统学手册》的最新信息。

## 参考文献

- [1] HUGENHOLTZ P, CHUVOCHINA M, OREN A, PARKS DH, SOO RM. Prokaryotic taxonomy and nomenclature in the age of big sequence data[J]. *The ISME Journal*, 2021, 15(7): 1879-1892.
- [2] OREN A, GARRITY GM. Valid publication of the names of forty-two phyla of prokaryotes[J]. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 2021, 71(10): 005056. doi: 10.1099/ijsem.0.005056.
- [3] SCHLEIFER KH. Classification of Bacteria and Archaea: past, present and future[J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 2009, 32(8): 533-542.
- [4] 李文均, 职晓阳, 唐蜀昆. 我国放线菌系统学研究历史、现状及未来发展趋势[J]. *微生物学通报*, 2013, 40(10): 1860-1873.  
LI WJ, ZHI XY, TANG SK. Actinobacterial systematics in China: past, present and future[J]. *Microbiology China*, 2013, 40(10): 1860-1873 (in Chinese).
- [5] 阮继生. “伯杰氏系统细菌学手册(第二版)”第5卷与我国的放线菌系统学研究[J]. *微生物学报*, 2013, 53(6): 521-530.  
RUAN JS. Bergey's Manual of Systematic Bacteriology (second edition) Volume 5 and the study of actinomycetes systematic in China[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2013, 53(6): 521-530 (in Chinese).
- [6] 何晓青. 《Bergey's Manual of Systematic Bacteriology》[J]. *微生物学通报*, 1984, 11(6): 276.  
HE XQ. Bergey's manual of systematic bacteriology[J]. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, 1984, 11(6): 276 (in Chinese).
- [7] 廖延雄. 《伯杰氏鉴定细菌学手册》与《伯杰氏分类细菌学手册》[J]. *微生物学通报*, 1992, 19(4): 249.  
LIAO YX. Berger's handbook of identification bacteriology and Berger's handbook of classification bacteriology[J]. *Microbiology China*, 1992, 19(4): 249 (in Chinese).
- [8] WHITMAN W, GOODFELLOW M, KÄMPFER P. *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*. vol. 5 the Actinobacteria[M]. 2nd edn, vol. 5. New York: Springer, 2012.
- [9] GUERRERO R. Bergey's manuals and the classification of prokaryotes[J]. *International Microbiology*, 2001, 4(2): 103-109.
- [10] MURRAY AE, FREUDENSTEIN J, GRIBALDO S, HATZENPICHLER R, HUGENHOLTZ P, KÄMPFER P, KONSTANTINIDIS KT, LANE CE, PAPKE RT, PARKS DH, ROSSELLO-MORA R, STOTT MB, SUTCLIFFE IC, THRASH JC, VENTER SN, WHITMAN WB, ACINAS SG, AMANN RI, ANANTHARAMAN K, ARMENGAUD J, et al. Roadmap for naming uncultivated Archaea and Bacteria[J]. *Nature Microbiology*, 2020 5(8): 987-994.
- [11] CHUVOCHINA M, RINKE C, PARKS DH, RAPPÉ MS, TYSON GW, YILMAZ P, WHITMAN WB, HUGENHOLTZ P. The importance of designating type

- material for uncultured taxa[J]. *Systematic and Applied Microbiology*, 2019, 42(1): 15-21.
- [12] JIAO JY, LIU L, HUA ZS, FANG BZ, ZHOU EM, SALAM N, HEDLUND BP, LI WJ. Microbial dark matter coming to light: challenges and opportunities[J]. *National Science Review*, 2021, 8(3): nwa280.
- [13] RINKE C, SCHWIENTEK P, SCZYRBA A, IVANOVA NN, ANDERSON I, CHENG JF, DARLING A, MALFATTI S, SWAN B, GIES E, DODSWORTH J, HEDLUND B, TSIAMIS G, SIEVERT S, LIU WT, EISEN J, HALLAM S, KYRPIDES N, STEPANAUSKAS R, RUBIN E, et al. Insights into the phylogeny and coding potential of microbial dark matter[J]. *Nature*, 2013, 499: 431-437.
- [14] 周恩民, 李文均. 未培养微生物研究: 方法、机遇与挑战[J]. *微生物学报*, 2018, 58(4): 706-723.  
ZHOU EM, LI WJ. Uncultivated microorganisms study: methods, opportunities and challenges[J]. *Acta Microbiologica Sinica*, 2018, 58(4): 706-723 (in Chinese).
- [15] 李斌斌, 吴丹妮, 聂国兴, 周宇光, 蔡曼, 李文均. 未/难培养微生物可培养策略研究: 机遇与挑战[J]. *微生物学通报*, 2023, 50(2): 832-844.  
LI BB, WU DN, NIE GX, ZHOU YG, CAI M, LI WJ. Isolation and culture techniques of uncultured microorganisms: challenges and opportunities[J]. *Microbiology China*, 2023, 50(2): 832-844 (in Chinese).
- [16] HEDLUND BP, SUTCLIFFE IC, TRUJILLO ME. Special issue: the 3rd meeting of the bergey's international society for microbial systematics (BISMIS)[J]. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 2017, 110(10): 1245-1246.
- [17] ZHI XY, ZHAO W, LI WJ, ZHAO GP. Prokaryotic systematics in the genomics era[J]. *Antonie Van Leeuwenhoek International Journal of General and Molecular Microbiology*, 2012, 101(1): 21-34.

**李文均**, 中山大学生命科学学院百人计划/珠江学者、逸仙学者特聘教授, 中国科学院新疆生态与地理研究所兼职特聘研究员(百人计划 B 类), 博士生导师。现任国际原核微生物系统学委员会(International Committee on Systematics of Prokaryotes, ICSP) 国际委员, 伯杰氏国际系统微生物学会(BISMIS)创始会员及秘书长。同时兼任中国微生物学会微生物教学工作委员会副主任委员、国际交流工作委员会委员、普通微生物专业委员会委员、地质微生物专业委员会委员、微生物资源专业委员会委员。主编或参编专著 10 余部, 受邀撰写新版《伯杰氏系统细菌学手册》20 余章, 专利 30 余件。先后建议并命名、发表包括细菌、古菌 2 个新门, 5 个新纲, 23 个目, 40 余个新科, 100 个新属, 超 600 余新种。2014-2019 连续 6 年均入选由世界著名出版公司爱思唯尔(Elsevier)发布的中国高被引学者“免疫和微生物学”榜单、2020-2021 连续两年入选“生态学”榜单。

