

基于相似度理论的黄曲霉定性标准样品定值统计分析

刘淑艳¹, 李宏², 刘冉¹, 周宇晨³, 郑江^{1*}

(1. 辽宁出入境检验检疫局, 大连 116001; 2. 中国合格评定国家认可委员会, 北京 100062;
3. 大连标准检测技术研究中心, 大连 116021)

摘要: **目的** 应用相似度理论, 对黄曲霉定性标准样品定值特性进行分析, 确定定值最小特性数及各特性值权重。**方法** 以黄曲霉原变种 ATCC 9643 特性中心为基准点, 计算特性值与基准点的相似度, 通过相似度的比较得出分类定值结果。**结果** 采用 6 个最大权重特性对黄曲霉定性标准样品进行定值分析时, 分离效率最高, 目标类边界相似度为 78%, 即相似度大于 78% 的黄绿组物种可确定归属为黄曲霉。**结论** 相似度理论适用于黄曲霉等多指标定性标准样品的定值分析。

关键词: 相似度理论; 黄曲霉; 定性标准样品; 定值

Statistical analysis of property attribute to qualitative reference material of *Aspergillus flavus* based on the similarity theory

LIU Shu-Yan¹, LI Hong², LIU Ran¹, ZHOU Yu-Chen³, ZHENG Jiang^{1*}

(1. Liaoning Entry-Exit Inspection and Quarantine Bureau, Dalian 116001, China; 2. China National Accreditation Service for Conformity Assessment, Beijing 100062, China; 3. Dalian Standard Testing Technology Research Center, Dalian 116021, China)

ABSTRACT: Objective To analyze the property attribute of qualitative reference material of *Aspergillus flavus* by similarity theory and determine the minimum number of characteristic values and weights of each characteristic value. **Methods** With central characteristic values of *Aspergillus flavus* ATCC 9643 as the reference, similarity of property attribute of the reference material was calculated, and classification result was obtained by comparing the similarity between the reference material and ATCC 9643. **Results** The highest separation efficiency was found when using 6 large-weight characteristic values for characterization of the property attribute of *Aspergillus flavus* reference material, while the boundary similarity of the target class was 78%, i.e. species of the yellow green group whose similarity was greater than 78% could be identified as *Aspergillus flavus*. **Conclusion** The similarity theory can be applied to the characterization of *Aspergillus flavus* reference material with multiple characteristics.

KEY WORDS: similarity theory; *Aspergillus flavus*; qualitative reference material; characteristic values

基金项目: 质检公益性行业科研专项(201310230)

Fund: Supported by Public Welfare Program of General Administration of Quality Supervision (201310230)

*通讯作者: 郑江, 研究员, 主要研究方向为标准化与数理统计学技术研究。E-mail: zheng-jiang@vip.sina.com

*Corresponding author: ZHENG Jiang, Professor, Liaoning Entry-Exit Inspection and Quarantine Bureau, Dalian 116001, China. E-mail: zheng-jiang@vip.sina.com

1 引言

标准样品(reference material)是具有一种或多种足够均匀且稳定规定特性的材料^[1],已被确定其符合测量过程的预期用途,是计量溯源途径中的关键环节。测量不仅适用于定量测量,也包含对特定事物按其指定特性进行分类的定性测试^[2]。定性标准样品的定值统计分析,是目前国际标准样品领域的研究热点和难点,并在近年来获得一些突破性进展。国际标准化组织(ISO)已成立专门的工作组,对定性标准样品的定值、溯源等技术进行研究^[3]。2010年,国际统计方法应用标准化技术委员会(ISO/TC69)出台了技术报告,采用 Kappa 指数等阐述了属性值一致性分析方法^[4]。Ellison 等^[5]采用贝叶斯方法和似然比评估了定性测试结果的不确定度,Tamar 等^[6-9]创建了序量方差分析方法,采用经典方差分析理念给出了类内方差和类间方差的定义和统计方法,将这项新的统计方法应用于有序或二态名义特性结果及实验室间实验,并研究了序量方差分析对于名义特性的适用性。

真菌定性标准样品研究开展的比较晚,目前还没有统一的定值统计方式。因其定值特性指标较多,近缘物种特性交叉,赋值极其困难。用于分类定值的比较方法有很多,但可基本归属为 2 种方法:一种是特性符合性分类方法,例如在生物系统分类中,经常使用各鉴定特性是否符合类别鉴定特性的方法;另一种是距离或相对距离分类方法,近 30 年兴起的利用相似性或相似度分类的方法就属于该类方法^[10]。相似度理论基于 Gower 相似系数^[11],以目标类中心为基准点,计算被测对象的特性值与基准点的相似度,通过与目标类边界相似度的比较得出分类结果。一个被测对象在某个或某些特性上与类的距离或者相对距离是否超出了类的边界,是判断该被测对象是否属于该类的判据。虽然直接使用距离来分类的方法在操作上比较简单,但在实践中往往由于类边界难以用距离来精确表示,使得绝对距离分类方法受到较大限制。

因此,本研究以真菌黄曲霉定性标准样品为研究对象,采用相似度理论的相对距离分类方法,分析特性指标值的聚类权重,确定该标准样品的特性值,从而实现定性标准样品的赋值。

2 材料与方法

2.1 鉴定特性相似度模型

以目标类的类中心为原点,以标准样品应用范围中目标类的上级类边界距目标类中心的最大距离为半径,用下式计算每个输入特性属性的相似度,即输入特性相似度: $g_i = 1 - |x_i - x_{i0}| / r_i$, g_i 为第 i 个输入特性属性的相似度,

x_i 为测得的第 i 个输入特性值或特性属性, x_{i0} 为 i 个输入特性在目标类中心的属性, r_i 为上级类边界在第 i 个输入特性上距目标类中心的最大距离。

2.2 各鉴定特性对分类的贡献

对每个特性,用目标类边界相似度减去上级类中其他类的最高相似度,计算该其他类对目标类的分离度,当目标类边界相似度小于该其他类最高相似度时,表明该其他类不能在该输入特性上与目标类分离,其分离度设为 0。将所有其他类分离度的平均值作为该特性对区分目标类的贡献,即平均分离度。

$$F_{ij} = \begin{cases} g_{ib} - g_{ij}, & g_{ib} \geq g_{ij} \\ 0, & g_{ib} < g_{ij} \end{cases}$$

($i=1,2,\dots,m; j=1,2,\dots,n$), F_{ij} 为第 i 个输入特性的第 j 个其他类对目标类的分离度; g_{ib} 为第 i 个输入特性的目标类边界相似度; g_{ij} 为第 i 个特性的第 j 个其他类最高相似度;

m 为输入特性的总数; $F_i = \sum_{j=1}^n F_{ij} / n$, F_i 为第 i 个输入特性的平均分离度。利用平均分离度可以获得各特性区分目标

类的相对贡献,即权重。 $W_i = F_i / \sum_{i=1}^m F_i$, W_i 为第 i 个输入特性对区分目标类的权重,从而获得各特性属性的相似度。

2.3 相似度的合成

$$G = 1 - \sqrt{\sum_{i=1}^m [W_i(1 - g_i)]^2 / \sum_{i=1}^m (W_i)^2}, G \text{ 为待测属性的}$$

相似度; g_i 为第 i 个输入特性属性的相似度; W_i 为第 i 个输入特性的权重。按照特性权重大小顺序,逐次计算使用不同数目的输入特性所得出的特性属性的目标类边界相似度和所有其他类的最高相似度,并按下式计算目标分离度。 $F_m = G_{mt} - G_{mo}$, F_m 为使用 m 个最大权重输入特性得到的加权分离度; G_{mt} 为使用 m 个最大权重输入特性得到的目标类边界相似度; G_{mo} 为使用 m 个最大权重输入特性得到的所有其他类最高相似度。

3 结果与分析

3.1 标准样品特性的确定和鉴定特性赋值

黄曲霉定性标准样品的菌株来源为 ATCC 9643 黄曲霉原变种(*Aspergillus flavus*)。依据《中国真菌志第 5 卷曲霉属及其相关有性型》^[12]的分类原则,其中,用于分类的特性是曲霉的分类地位,该曲霉的特性属性为黄曲霉原变种。

曲霉(属)的分类地位特性属性集具有典型的层级结构(属—亚属—组—种),同级(亚属、组或种)子集之间具有并列互斥关系。黄曲霉所在“黄绿组”被分为“黄曲霉原变种”

等 9 个互斥的种, 被“黄绿组”包容并均为封闭类。

将目标类-黄曲霉及其所归属的上级类-黄绿组检索表中列明的主要鉴定特性作比较, 并按一定的赋值规则进行赋值。为减少量纲差异, 对变量进行归一化处理。借助虚拟变量的概念, 特性赋值采用 0、0.5 和 1^[13]。当特性为不连续时用数值赋于特性值, 如定量特性, 按其实际值赋值; 名义特性, 依其特性描述, 赋值[0, 0.5, 1], 选择目标类中心点作为每个特性的原点, 赋值 1, 其他物种如该特性与目标类一致, 则赋值 1, 完全不同则赋值 0, 否则为 0.5。比如特性 X2: 目标菌为致密丝绒状, 将其设定为参照值, 并赋值 1, 同组米曲霉疏展变种为絮状, 赋值 0.5, 其余物种 2 种形状都存在则赋值[1, 0]。结果详见表 1。

计算每个特性的相似度, 目标类边界相似度即黄曲霉原变种某一特性与设定的中心值距离最远的相似度, 其他类最高相似度指其他类某一特性与设定的中心值距离最近的相似度, 详见表 2。

表 1 黄绿组各物种鉴定特性表
Table 1 Property attributes of yellow and green groups

序号	鉴定特性	黄绿组	黄曲霉原变种	黄曲霉柱头变种	米曲霉原变种	米曲霉疏展变种	寄生曲霉	酱油曲霉	溜曲霉	毒曲霉	肇庆曲霉”
X ₁	菌落大小	25~75 mm	56~75 mm	57~65 mm	45~55 mm	30~35 mm	25~40 mm	35~40 mm	37~55 mm	50~60 mm	55~65 mm
X ₂	菌落形状	[1, 0]	[1]	[1, 0]	[1, 0]	[0]	[1, 0]	[1, 0]	[1, 0]	[1]	[1, 0]
X ₃	菌落形态	[0, 0.5, 1]	[1, 0.5]	[1, 0.5]	[0]	[0]	[0]	[1]	[0]	[1]	[0]
X ₄	菌落颜色	[0, 0.5, 1]	[0.5, 1]	[0]	[0]	[0]	[0]	[0]	[0]	[0.5]	[0]
X ₅	反面颜色	[0, 0.5, 1]	[0.5, 1]	[0]	[0, 0.5, 1]	[1]	[0, 0.5, 1]	[1, 0.5, 0]	[0, 0.5, 1]	[0, 0.5, 1]	[0]
X ₆	菌核	[0, 0.5, 1]	[1, 0.5]	[1]	[1]	[1]	[1]	[1]	[1]	[0]	[0.5]
X ₇	产孢结构	[0, 1]	[1]	[0]	[0]	[0]	[0]	[0]	[1]	[1]	[1]
X ₈	生化	[1, 0.5, 0]	[1, 0.5]	[0, 1]	[0, 1]	[0, 1]	[0, 1]	[0.5]	[0]	[0, 1]	[1]
X ₉	分生孢子大小	2.4~9.6 μm	2.4~6.4 μm	4.0~7.5 μm	3.9~9.6 μm	4.2~6.2 μm	3.6~6.4 μm	4.2~8.4 μm	4.2~8.3 μm	4.8~6.4 μm	3.0~6.0 μm
X ₁₀	分生孢子形态	[1, 0.5, 0]	[1, 0.5]	[0]	[1, 0.5, 0]	[1, 0.5, 0]	[0.5, 1]	[0.5, 1]	[0, 0.5, 1]	[0.5, 1]	[0.5, 1]
X ₁₁	分生孢子光滑度	[0, 0.5, 1]	[1, 0.5]	[0, 0.5, 1]	[0, 0.5]	[0, 0.5]	[1]	[0]	[1]	[1]	[1]
X ₁₂	分生孢子头形状	[0, 1]	[1]	[0]	[0, 1]	[1]	[1]	[1]	[1]	[1]	[0, 1]
X ₁₃	分生孢子头大小	40~1000 μm	80~800 μm	300~500 μm	40~500 μm	45~480 μm	84~210 μm	64~196 μm	150~420 μm	63~350 μm	300~1000 μm
X ₁₄	顶囊大小	5~801 μm	9~65 μm	5~24 μm	13~50 μm	16~46 μm	14~31 μm	13~41 μm	23~551 μm	11~361 μm	16~801 μm
X ₁₅	顶囊形状	[0, 0.5, 1]	[1, 0.5]	[0]	[0, 0.5]	[0.5, 1]	[0]	[0.5]	[0, 0.5]	[0, 0.5, 1]	[0, 0.5, 1]
X ₁₆	孢梗茎长	50~5000 μm	200~3000 μm	50~300 μm	200~3500 μm	50~800 μm	140~820 μm	140~1400 μm	560~2100 μm	65~1000 μm	1000~5000 μm
X ₁₇	孢梗茎宽	4~25 μm	4~20 μm	4~10 μm	5~20 μm	6.8~13.8 μm	6~12 μm	5~12 μm	8~25 μm	6~12 μm	10~22 μm
X ₁₈	ITS	0~100%	99~100%	99%	99~100%	0	90~98%	0%	98~99%	97%	0
X ₁₉	18S	0~100%	99~100%	0	95~100%	0	99~100%	100%	99~100%	0	0
X ₂₀	28S	0~100%	96~100%	0	99~100%	0	99~100%	0	98~99%	0	0

表 2 各特性相似度
Table 2 Similarities of the all properties

序号	鉴定特性	黄曲霉原变种		黄曲霉柱头变种	米曲霉原变种	米曲霉疏展变种	寄生曲霉	酱油曲霉	溜曲霉	毒曲霉	肇庆曲霉
		边界	中心	最大	最大	最大	最大	最大	最大	最大	最大
X ₁	菌落大小	77%	100%	99%	74%	25%	37%	37%	74%	86%	99%
X ₂	菌落形状	100%	100%	100%	100%	0%	100%	100%	100%	100%	100%
X ₃	菌落形态	50%	100%	100%	0%	0%	0%	100%	0%	100%	0%
X ₄	菌落颜色	50%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	50%	0%
X ₅	反面颜色	50%	100%	0%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	50%
X ₆	菌核	50%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	0%	50%
X ₇	产孢结构	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	100%	100%
X ₈	生化	50%	100%	100%	100%	100%	100%	50%	0%	100%	100%
X ₉	分生孢子大小	62%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	92%	100%
X ₁₀	分生孢子形态	50%	100%	0%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
X ₁₁	分生孢子光滑度	50%	100%	100%	50%	50%	100%	0%	100%	100%	100%
X ₁₂	分生孢子头形状	100%	100%	0%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
X ₁₃	分生孢子头大小	36%	100%	100%	100%	100%	59%	56%	96%	84%	100%
X ₁₄	顶囊大小	96%	100%	98%	100%	100%	99%	100%	100%	100%	100%
X ₁₅	顶囊形状	50%	100%	0%	50%	100%	0%	50%	50%	100%	100%
X ₁₆	孢梗茎长	59%	100%	62%	100%	76%	77%	94%	100%	82%	100%
X ₁₇	孢梗茎宽	38%	100%	85%	100%	100%	100%	100%	100%	100%	100%
X ₁₈	ITS	99%	100%	99%	100%	0%	98%	0%	99%	97%	0%
X ₁₉	18S	99%	100%	0%	100%	0%	100%	99%	100%	0%	0%
X ₂₀	28S	98%	100%	0%	99%	0%	99%	0%	100%	0%	0%

3.2 各鉴定特性对分类的贡献

通过比较最接近目标类边界点的 Gower 相似度来检查分类的效果,即计算黄绿组其他类每个特性的最低分离度,以确定黄曲霉与其他类在这一特性指标上的分类效果,并通过平均分离度获得该特性值在组内的分类效果,详见表 3。该结果可以清楚显示各特性指标在黄曲霉定性标准样品定值中的重要程度,如特性 X₇ 平均分离度为 63%,可将目标类黄曲霉与其他 5 种菌完全区分,其分类效果显著;而特性 X₉ 则毫无分类效果,说明在黄曲霉分类定值中该特性指标意义不大。

3.3 最小特性数及各特性权重的确定

计算各特性权重及特性属性的相似度。不同特性数的

分离效率见图 1,使用前 6 个最大权重特性的分离效率最高,达到 22%。去除平均分离度为 0 的 5 个特性,使用剩余的 15 个特性所得到的分离效率为 21%,与使用前 6 个最大权重特性的分离效率相差很小,说明可以使用前 6 个最大权重特性基本实现 15 个有效特性所给出的分离能力。同时,重新计算权重,6 个最大权重特性的权重见表 4,用于标准样品特性属性相似度的计算。

3.4 标准样品特性值

在黄曲霉定性标准样品分类定值中,可仅采用前 6 个最大权重特性,其特性值见表 5。此时,目标类边界相似度为 78%,即对于待测物种,只测定 6 个特性并赋值,在此计算条件下,相似度大于 78%的黄绿组物种可确定归属为黄曲霉。

表 3 各特性最低分离度及平均分离度
Table 3 The smallest and average separation efficiency

特性序号	黄绿组	黄曲霉柱头变种	米曲霉原变种	米曲霉疏展变种	寄生曲霉	酱油曲霉	溜曲霉	毒曲霉	肇庆曲霉
	平均分离度	最低分离度	最低分离度	最低分离度	最低分离度	最低分离度	最低分离度	最低分离度	最低分离度
X ₁	17%	0%	2%	52%	40%	40%	2%	0%	0%
X ₂	13%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%
X ₃	31%	0%	50%	50%	50%	0%	50%	0%	50%
X ₄	44%	50%	50%	50%	50%	50%	50%	0%	50%
X ₅	6%	50%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
X ₆	6%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	50%	0%
X ₇	63%	100%	100%	100%	100%	100%	0%	0%	0%
X ₈	6%	0%	0%	0%	0%	0%	50%	0%	0%
X ₉	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
X ₁₀	6%	50%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
X ₁₁	6%	0%	0%	0%	0%	50%	0%	0%	0%
X ₁₂	13%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
X ₁₃	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
X ₁₄	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
X ₁₅	13%	50%	0%	0%	50%	0%	0%	0%	0%
X ₁₆	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
X ₁₇	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
X ₁₈	38%	0%	0%	99%	1%	99%	0%	2%	99%
X ₁₉	50%	99%	0%	99%	0%	0%	0%	99%	99%
X ₂₀	61%	98%	0%	98%	0%	98%	0%	98%	98%

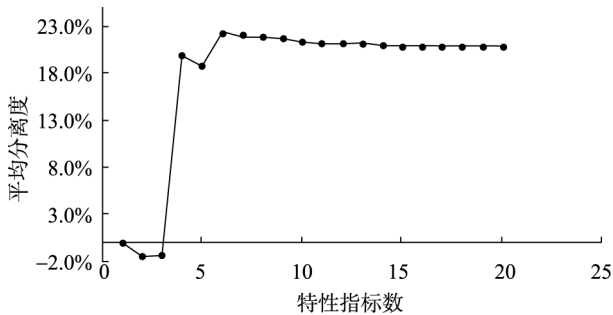


图 1 不同特性组合下的分离效率
Fig. 1 The separation efficiency of the combination with different characteristics

4 结 论

标准样品的准确赋值是影响其量值溯源过程的关键因素, 由于真菌进化的复杂性, 黄曲霉近缘种属较多, 相

表 4 各特性权重表
Table 4 The weight of characteristics

序号	鉴定特性	权重
1	产孢结构	21.8%
2	28S 序列一致性	21.4%
3	18S 序列一致性	17.4%
4	菌落颜色	15.3%
5	ITS 序列一致性	13.2%
6	菌落形态	10.9%

关分类鉴定特性繁杂, 仅其所属黄绿组分类中就涉及 5 项菌落形态特性、11 项显微结构特性、1 项生化特性及 3 项遗传特性, 且近缘物种特性交叉。如果将 20 项鉴定指标全部进行鉴定比对, 不仅需要完成大量的复杂实验, 同时对分离度的提高效果甚微。而基于相似度理论所建立的分类

表 5 标准样品特性值

Table 5 Property attributes of qualitative reference material

序号	鉴定特性	特性属性
1	产孢结构	双层
2	28S 序列一致性	97%~99%
3	18S 序列一致性	99%
4	菌落颜色	木樨绿色~水芹绿色
5	ITS 序列一致性	99%
6	菌落形态	放射状沟纹

比较定值方法,则可简化分类定值过程。

黄曲霉定性标准样品定值相似度分析,即相对距离分类方法,采用 Gower 系数相似度计算方法,以黄曲霉特性为目标类中心,相对上级类(亚属)各特性边界距目标类中心的最大距离计算相似度。相似度由距离 x_i , 原点 x_0 , 半径 r_i 以及权重 w_i 给出,且每个参数均被量化。以相似度理论所确定的黄曲霉定性标准样品 6 个主要特性值,正确反映了真菌分类中的 2 个重要原则,即自然亲缘关系和进化趋势。其中,产孢结构、菌落形态、菌落颜色是传统真菌鉴定中必不可少的特性,与黄曲霉种水平的鉴定有直接的对对应关系。而遗传特性 ITS,具有“种间变异,种内保守”的特征,多数真菌菌株可通过 ITS 鉴定至种水平^[14-15],但对于黄曲霉,部分菌株鉴定到种水平还需要结合其他遗传特性,如 18S 和 28S 等^[16]。而传统鉴定特性与遗传特性的结合正是目前真菌分类的主要手段。

当相似度用于设定分类准则时,在完全分离的情况下,一组合适的特性应当具有最小的特性数量,且最优特性组应使类间分离程度最大化。本研究采用了最优特性组,降低了黄曲霉鉴定特性指标数量,避免了多特性的交叉混淆,使得相似度理论适用于多指标定性标准样品的定值分析。相似度理论作为一种新的定值统计方式已纳入 ISO 国际标准,为植物标准样品“毒麦种子身份鉴别定性标准样品”定值,相信未来将会逐步应用于更多领域^[17]。

参考文献

[1] CNAS CL04-2017 标准物质/标准样品生产者能力认可准则[S]. CNAS CL04-2017 Accreditation criteria for the competence of reference material producers [S].

[2] ISO 3534-2-2006 Statistics-Vocabulary and symbols-Part 2: Applied statistics [S].

[3] Hendrik E, Angelique B, Stéphane S. Report on the 35th meeting of ISO/REMCO [J]. Accredited Qual Assur, 2013, 18: 153-155.

[4] ISO/TR 14468-2010 Selected illustrations of attribute agreement analysis [S].

[5] Ellison SLR, Gregory S, Hardcastle WA. Quantifying uncertainty in

qualitative analysis [J]. Analyst, 1998, 123: 1155-1161.

[6] Tamar G, Emil B. ORDANOVA: Analysis of ordinal variation [J]. J Stat Plan Infer, 2012, 142: 3174-3188.

[7] Emil B, Tamar G, Ilya K. Comparison of biased and unbiased estimators of variances of qualitative and semi-quantitative results of testing [J]. Accredited Qual Assur, 2013, 18(2): 85-90.

[8] Emil B, Tamar Gh, Ilya K. Interlaboratory comparison of test results of an ordinal or nominal binary property: analysis of variation [J]. Accredited Qual Assur, 2012, 17: 239-243.

[9] Tamar G, Emil B, Ričardas Z. Assessing variation: a unifying approach for all scales of measurement [J]. Accredited Qual Assur, 2015, 49(3): 1145-1167.

[10] 梅长林, 周家良. 实用统计方法[M]. 北京: 科学出版社, 2002. Mei CL, Zhou JL. Applied statistical analysis [M]. Beijing: Science Press, 2002.

[11] Gower, JC. A general coefficient of similarity and some of its properties [J]. Biometrics, 1971, 27: 857-874.

[12] 齐祖同. 中国真菌志第 5 卷曲霉属及其相关有性型[M]. 北京: 科学出版社, 1997. Qi ZT. Flora fungorum sinicorum Vol.5 *Aspergillus* and related sexual type [M]. Beijing: Science Press, 1997.

[13] 方积乾. 卫生统计学[M]. 北京: 人民卫生出版社, 2008. Fang JQ. Statistics for biology and health [M]. Beijing: People's Medical Publishing House, 2008.

[14] Rittenoura WR, Ciacciob CE, Barnesb CS, et al. Internal transcribed spacer rRNA gene sequencing analysis of fungal diversity in Kansas city indoor environments [J]. Environ Sci Proc Imp, 2014, 16(1): 33-43.

[15] Schoch CL, Seifert KA, Huhndorf S, et al. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for fungi [J]. P Natl Acad Sci Usa, 2012, 109(16): 6241-6246.

[16] 李颖, 徐英春. 评价 ITS、BenA 和 CaM 序列分析在曲霉菌种鉴定方面的应用[J]. 中国真菌学杂志, 2017, 2: 74-77. Li Y, Xu YC. Evaluation of ITS, BenA and CaM in identification of clinical *Aspergillus* [J]. Chin J Mycol, 2017, 2: 74-77.

[17] ISO/TR 79-2015 Reference materials-Examples of reference materials for qualitative properties [S].

(责任编辑: 王婷婷)

作者简介



刘淑艳, 博士, 高级工程师, 主要研究方向为微生物学、分子生物学、毒理学。
E-mail: liushuyan05@163.com



郑江, 博士, 研究员, 主要研究方向为标准化与数理统计学技术研究。
E-mail: zheng-jiang@vip.sina.com