ان مصطلح الـ **systematics** الشائع الاستخدام في علم التصنيف والمشار اليه في الطبعات الحديثة لكتاب "Bergy's Manual of Systematic Bacteriology" يعّرف بأنه (الدراسة العلمية لأشكال الحياة المتنوعة وعلاقتها مع بعضها البعض وتأريخها العرقي). وان احد اقدم انواع التصنيف هـو التصنيف الطبيعي **Natural Classification** والذي ينظم او يقسم الكائنات الحية في مجاميع تشترك افرادها بعدة خصائص. ويعرف التصنيف الطبيعي بأنه "ترتيب الكائنات الحية في مجاميع بحيث تشترك اعضائها بعدد من الصفات وتعكس الطبيعة الحيوية للكائنات الحية". وكما أشرنا سابقاً فأن العالم Linnaeus هو من طور اول تصنيف طبيعي, وهذا النوع من التصنيف يعتمد بشكل كبير على الصفات التشريحية للكائن anatomical characteristics. وعندما يطبق هذا التصنيف على الكائنات الحية الراقية higher organisms فأن العلاقات التطورية تكون واضحة وبسيطة لكون ان الشكل المظهري ذات تراكيب محددة, على سبيل المثال الاجنحة التي تمتلكها الطيور. من جانب اخر لم يكن التصنيف التقليدي المتخصص للمكروبات متجذراً في الارتباط التطوري. فعلى سبيل المثال البكتريا المرضية والمكروبات المستخدمة في الصناعات المهمة , تم اعطاؤهم أسماء تصف الامراض التي تسببها او العملية التي تؤديها مثل (*Vibrio cholera* ,*Clostridium tetani* , *and Lactococcus lactis*). وعلى الرغم من انها مُؤشرة للاستخدام التطبيقي , الا انها لا تقدم الكثير من الاشارات لتوجيه عالم التصنيف المعني بتصنيف الاغلبية الكبرى من المكروبات التي ليست مسببة للأمراض وليست مهمة صناعياً. حيث اعتمد العلماء ولفترة طويلة تصنيف المكروبات اعتماداً حصرياً على **phenetic system** والذي يصنف الكائنات الحية وفقاً لتشابه النمط المظهري phenotypic similarity . ونجح هذا النظام في تنظيم النوع البيولوجي وتوضيح وظيفة التراكيب المظهرية. وعلى الرغم من ان الدراسات الظاهرية يمكن ان تكشف عن العلاقات التطورية المحتملة , لكن لا يمكن اعتمادها في جميع الحالات. ومن الواضح ان افضل تصنيف ظاهري phenetic classification هو التصنيف الذي يتم انشاؤه من خلال مقارنة اكبر عدد ممكن من الصفات. وتجدر الاشارة الى ان فهمنا الحالي للعلاقة التطورية للجراثيم تعمل كدعامة نظرية لعلم التصنيف.

وعملياً فأن تحديد الاجناس والانواع للعزلات المكروبية الجديدة يعتمد على التصنيف متعدد الاطوار **polyphasic taxonomy**. هذا النهج التصنيفي يتضمن اعتماد الخصائص التالية : **phenotypic**, **phylogenetic** and **genotypic features**. ولفهم كيفية دمج كل هذه البيانات في ملف تعريفي متماسك للمعايير التصنيفية , يجب علينا اولاً النظر في المكونات الفردية.

التصنيف التطوري Phylogenetic Classification

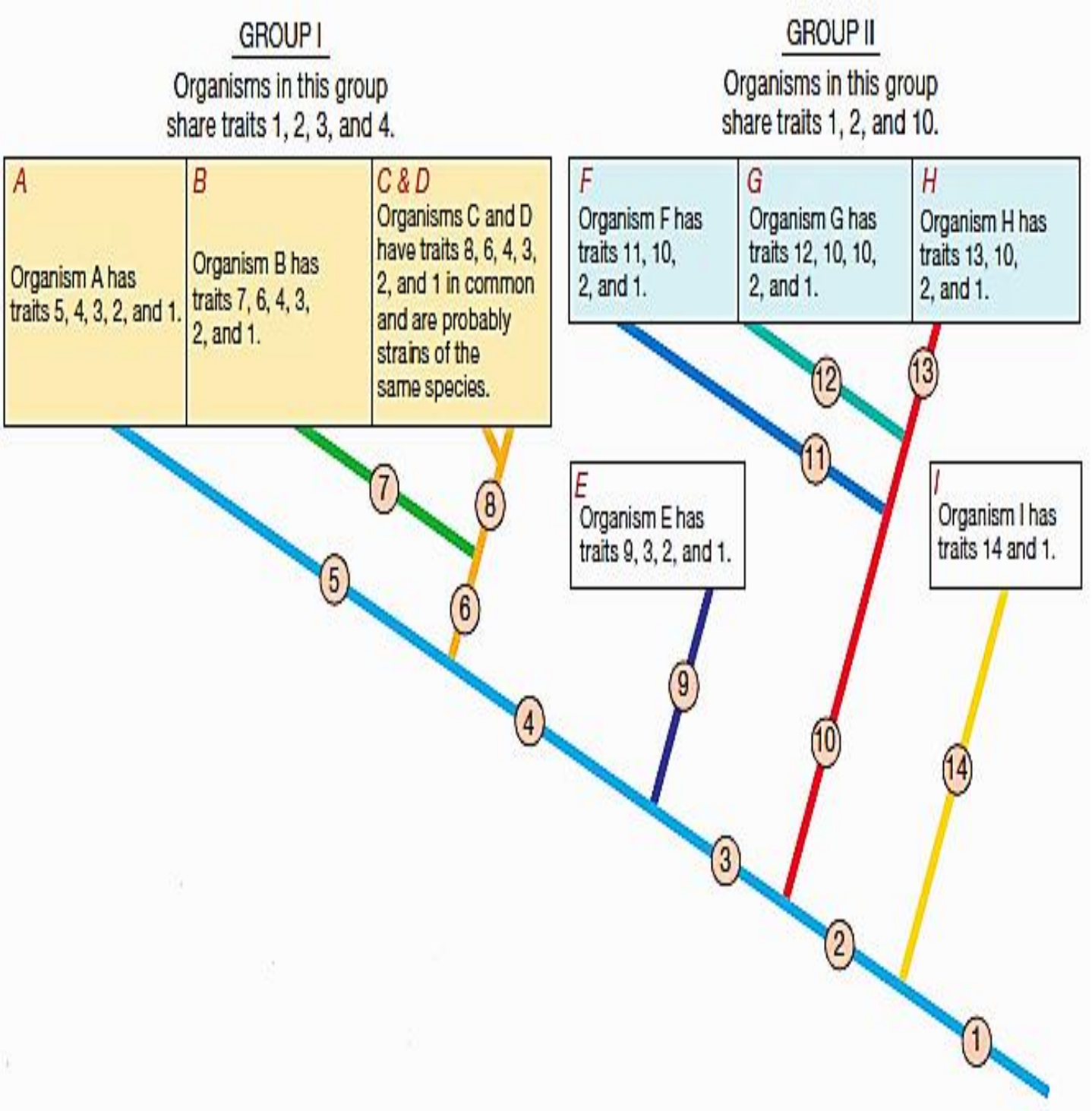
في عام ١٨٥٩ عندما نشر Charles Darwin (في اصل الانواع On the Origin of Species) , بدأ علماء الاحياء في تطوير انظمة تصنيف النشوء والتطور **phylogenetic or phyletic classification** والتي سعت الى مقارنة الكائنات الحية على اساس العلاقات التطورية. ان مصطلح phylogeny يشير الى العلاقة التطورية للأنواع (المصطلح اليوناني *phylon* تعني القبيلة او العرق والمصطلح *genesis* تعني التوليد او الاصل). واستنتج العلماء من خلال ملاحظاتهم للاختلافات والتشابهات بين الاحياء , انما هي نتيجة حدوث عمليات تطورية , بالإضافة الى اكتسابهم فكرة عن تأريخ الحياة على الارض. وبالنسبة للأحياء المجهرية فأن علماء الاحياء المجهرية لم يتعاملوا مع phylogenetic features بشكل فعلي طيلة فترة القرن العشرين , وذلك لعدم وجود متحجرات واضحة تخص الاحياء المجهرية. وعندما اقترح العالم Woese استخدام التسلسل النيكلوتيدي للـ rRNA لتحديد العلاقة التطورية بين الاحياء المجهرية, كانت الابواب مفتوحة لحل لغز التحقيقات الطويلة الخاصة بأصل وتطور معظم اشكال الحياة على الارض والتي هي المكروبات. وما زالت هذه الفكرة واسعة القبول الى يومنا هذا.

Genotypic Classification

بشكل عام ان التصنيف الجيني genotypic classification يسعى للمقارنة بين التشابه الجيني بين الاحياء اما بشكل جينات فردية او الجينوم بشكل عام. وسيوضح ذلك في المحاضرات القادمة.

التصنيف العددي Numerical Taxonomy

يعتمد التصنيف العددي على فكرة ان زيادة عدد الصفات للكائنات الحية التي نشاهدها, يزيد من الدقة التي يمكننا بها اكتشاف أوجه التشابه بينها, فكلما اشتركت خواص كائنين كلما كانت علاقتهما التطورية اقرب. وعلى الرغم من ان فكرة التصنيف العددي طورت قبل وجود الحاسوب, الا ان دخول الحاسوب اتاح لنا مقارنة عدد كبير من الكائنات الحية وبسرعة عالية وفقاً لعدد من الخصائص المختلفة. وكمثال بسيط للتصنيف العددي, يتم تعيين قيمة لكل خاصية بقيمة (١) اذا كانت موجودة , وقيمة (٠) ان لم تكن موجودة. وان عدد الخصائص يجب ان لا تقل عن ٥٠ صفة ويفضل ان تكون عدة مئات حيث ان مقارنتها يمكننا من الحصول على تصنيف دقيق وموثوق. ويفضل ان تشمل عدد من انواع مختلفة من المعلومات التي تشمل morphological, biochemical, and physiological. (Fig-1)



وبعد تحليل هذه الخصائص يتم حساب معامل الارتباط بينها association coefficient حيث يتم حساب مقدار التوافق بين الصفات لكل كائنين حيّين خاضعين للتصنيف. ان معامل المطابقة البسيط **simple matching coefficient (S_{SM})** , هو المعامل الاكثر استخداماً في علم البكتريولوجي ويعرف بأنه "نسبة الصفات التي تتطابق بغض النظر عما اذا كانت الصفة موجودة ام غير موجودة". تكون الزيادة الخطية لقيمة هذا العامل **(S_{SM})** بمقدار ٠,٠ (لا يوجد تطابق) الى مقدار ١,٠ (التطابق الكامل ١٠٠%)- (Fig-2) .

Table 19.2 The Calculation of Association Coefficients for Two Organisms

In this example, organisms A and B are compared in terms of the characters they do and do not share. The terms in the association coefficient equations are defined as follows:

Organism A \ Organism B	1	0
1	a	b
0	c	d

a = number of characters coded as present (1) for both organisms
b and c = numbers of characters differing (1,0 or 0,1) between the two organisms
d = number of characters absent (0) in both organisms
Total number of characters compared = $a + b + c + d$

The simple matching coefficient $(S_{SM}) = \dfrac{a + d}{a + b + c + d}$

Figure.2. The Calculation of Association Coefficients for Two Organisms.

يتم بعد ذلك ترتيب القيم لتكوين مصفوفة التشابه **similarity matrix**- (Fig-3), هذه المصفوفة التي تمثل فيها الصفوف والاعمدة الكائنات الحية , وكل قيمة لمعامل الارتباط تقيس التشابه بين كائنين حيين مختلفين وبذلك يتم مقارنة كل كائن مع كائن حي اخر. الكائنات ذات التشابه الكبير تجمع سويتاً وتفصل عن بقية الكائنات , مثل هذه المجاميع للكائنات الحية تسمى بالـ **phenons** وبعض الاحيان تسمى بالـ phenoms.

Bacterium	1	2	3	4	5	6
1	1.0					
2	0.92	1.0				
3	0.81	0.77	1.0			
4	0.27	0.31	0.29	1.0		
5	0.43	0.41	0.45	0.30	1.0	
6	0.38	0.42	0.44	0.32	0.72	1.0

Bacterium

Figure.3. Clustering in Numerical Taxonomy. A small similarity matrix that compares six strains of bacteria. The degree of similarity ranges from none (**0.0**) to complete similarity (**1.0**).

ان نتائج تحليل التصنيف العددي غالباً ما يتم ايجازها بمخطط يشبه الشجرة يسمى **dendrogram**. وعادتاً ما يتم وضع المخطط على المحور X (X-axis) او تخّرج الاحداثيات في وحدات التشابه. كل نقطة تفرع في قيمة التشابه ترتبط بالفرعين. حيث يتم مقارنة صفات الكائنات الحية, ويتم اكتشاف انماط التشابه والاختلاف فيما بينها. الشكل (Fig-4) يقدم مثال على ذلك، حيث نلاحظ ان السلالة رقم ١ والسلالة رقم ٢ تكون نسبة التشابه بينهما ٩٠% وتكونان phenon , والسلالتين ١-٣ تكونان 80-phenon , وحيث ان السلالتين ١ و ٣ تكونان اعضاء ضمن نفس النوع species بينما السلالتين ٤ و ٦ من المستبعد وغير المحتمل ان يعودان لنفس النوع . ان استخدام التصنيف العددي لا يتم باستخدام خاصية واحدة لتقسيم جميع الكائنات بشكل عشوائي الى مجموعات. حيث اذا تم تطابق كائنان بنسبة ٩٠% او اكثر من الخصائص او الصفات التي تمت دراستها فذلك يدل الى احتمالية كونهما ينتميان الى نفس النوع. يوفر التصنيف العددي المعمول بواسطة الكومبيوتر وعداً كبيراً لتحسين فهمنا للعلاقات بين جميع الكائنات الحية.

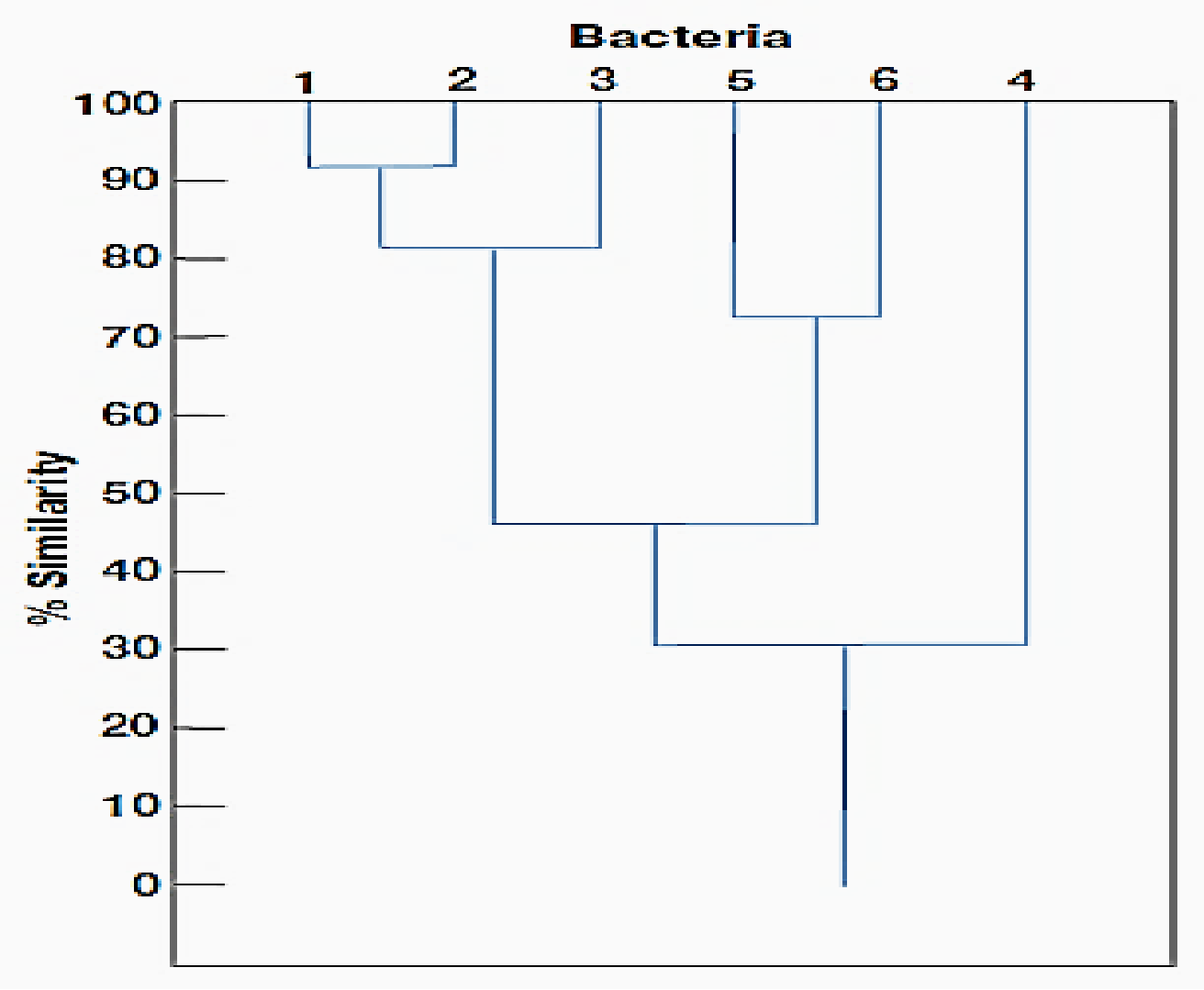


Figure.4. Dendrogram in Numerical Taxonomy.

ومن هذه الانظمة التصنيفية يظهر ان التصنيف العددي هو الاقرب والاكثر قبولاً في تصنيف الاحياء المجهرية لان التصنيف الطبيعي والتصنيف التطوري لا يمكن تطبيقه على الاحياء المجهرية لعدة اسباب منها :-

١- امتلاك هذه الاحياء انظمة مختلفة من التوارث وانتقال الصفات وهنا لا يلاحظ ثبات في القواعد والاسس الوراثية.

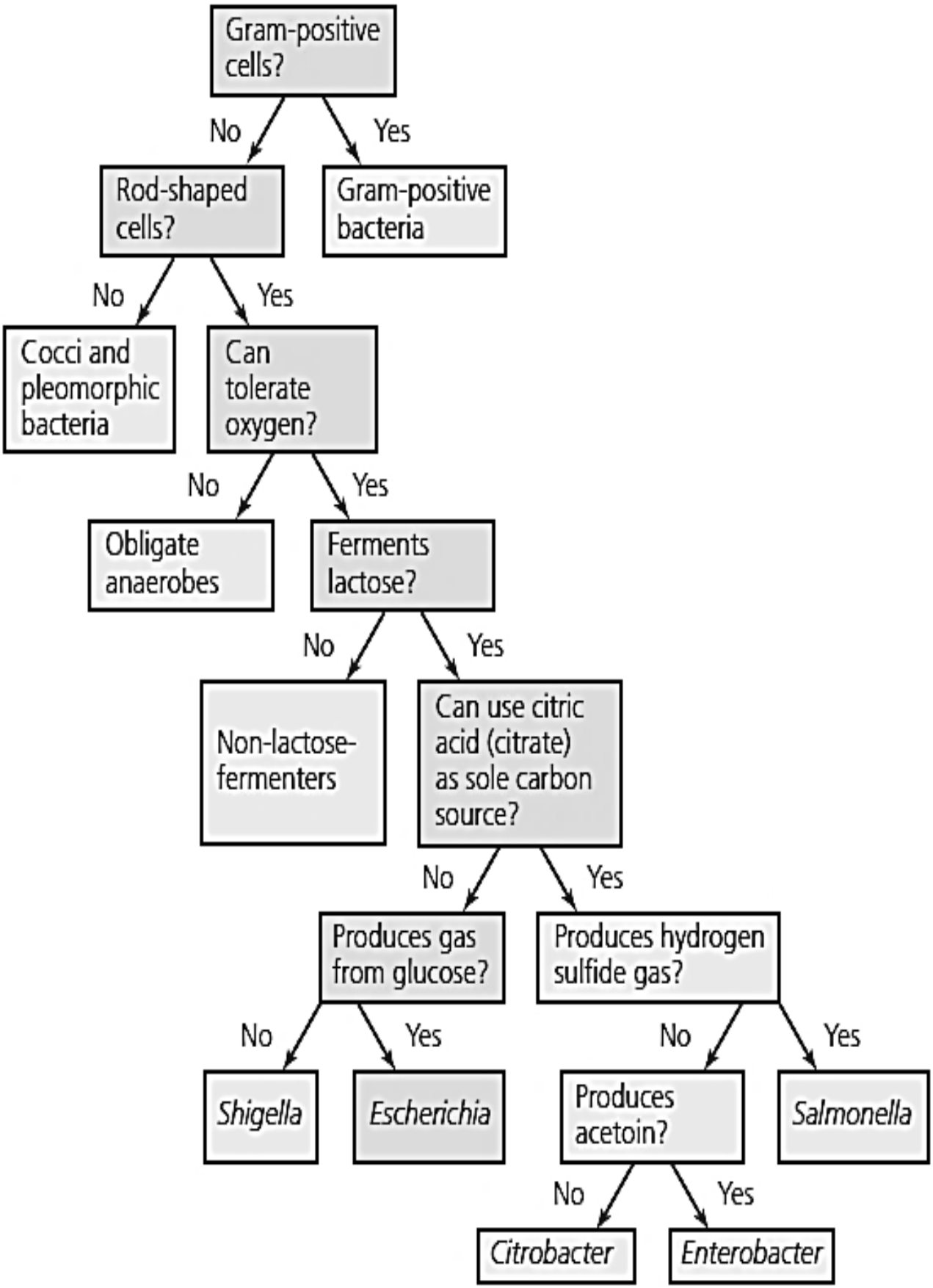
٢- بساطة التركيب المظهري للأحياء المجهرية يحول دون دراسة وملاحظة الخصائص التطورية.

⇐ المراتب التصنيفية او التصنيف الهرمي Taxonomic Ranks or Taxonomic Hierarchy

يوجد المخطط التصنيفي لبدائية النواة في كتاب (Bergey' s Manual of Systematic Bacteriology). في هذا الكتاب قسّم (برجي Bergey) بدائية النواة الى حقلين Domain هما البكتريا والأركيا, وكل حقل domain قسم الى شعب phylum وهذا يقسم الى أصناف class والأصناف قسمت الى رتب order والى عوائل families والعوائل تقسم الى أجناس genera والأخيرة تقسم الى انواع species. بحيث لا يوجد تداخل بين هذه المستويات, وهنا تجدر الإشارة الى ان تصنيف البكتريا لا يشتمل على ذكر الـ kingdom و division .

⇐ Taxonomic Keys

ان علماء التصنيف والاطباء والباحثين يمكنهم الحصول على معلومات متنوعة و وفيرة لتشخيص الاحياء المجهرية, المتضمنة الممرضة ايضاً. وهذه المعلومات تمثل الشكل والخصائص الكيميائية ونتائج التفاعلات الكيموحيوية والمصلية وكذلك اختبارات تنميط العاتي morphology, chemical characteristics, and results from biochemical, serological, and phage typing tests. لكن كيف لكل هذه الخصائص والنتائج ان تُـنـظم بشكل يستطيع الباحث ان يتعرف على الكائن المُبـهـم وبدون ارباك. لذلك صمم ما يعرف بالـ **dichotomous keys** (المفاتيح ثنائية التفرع) والتي تتضمن سلسلة متتالية من العبارات المزدوجة , عبارة واحدة لكلا الخيارين تنطبق على كائن محدد , اما / او "either/or".


Gram-positive cells?
No
Yes
Rod-shaped cells?
Gram-positive bacteria
No
Yes
Cocci and pleomorphic bacteria
Can tolerate oxygen?
No
Yes
Obligate anaerobes
Ferments lactose?
No
Yes
Non-lactose-fermenters
Can use citric acid (citrate) as sole carbon source?
No
Yes
Produces gas from glucose?
Produces hydrogen sulfide gas?
No
Yes
No
Yes
Shigella
Escherichia
Produces acetoin?
Salmonella
No
Yes
Citrobacter
Enterobacter