**审稿意见与作者修改说明（稿号：2019-0192 ）**

——————————————**初审专家意见与作者修改说明**—————————————

专家意见：

1、文章对临床少见种属施万菌的不同种属进行了描述和比较，同时完成了代表菌株的药物敏感性分析，有一定的意义。但文章在文字表述、术语的使用以及理解认识方面还待提高，建议作者参考修改意见，再细致完善文字描述，补充种属鉴定详细数据。

回复：同意修改。已经补充，详见修改稿。

2、文中的一些表述尽量简练；

回复：同意修改，已修改，请见正文。

3、前言中的内容不应该涉及讨论的内容，建议调整至讨论中

回复：同意修改，已经调整，请见正文。

4、研究结果中的表格尤其是耐药的表格，建议参考杂志已经发表的类似文中重新编辑；

回复：已按照要求重新编辑表格。

5、补充一些参考文献；参考文献按照杂志的要求重新进行修改。

回复：同意修改，已修改，请见正文。

6、全文统一16S rRNA基因或16S rDNA

回复：感谢提醒，同意修改，文中已统一修改，请见正文。

7、表1中不同系统的鉴定结果，细菌种属名统一使用中文或英文

回复：同意修改，文中已统一修改，请见正文。

8、不同种施万菌的16S rDNA进化分析中，除了提供2株分离株与模式菌株的聚类关系外，应提供与模式菌株的序列相似性大小。

回复：同意修改。并做了相关补充。

9、其他修改见正文。

回复：已认真阅读正文中专家意见，并一一修改，请见正文。

10、施万菌的检出和抗生素使用有关系？？参考文献

回复：同意修改。原先引用的文献中没有明确说明施万菌的检出和抗生素的使用有一定的关系，本论文中已经删除相关的表述。

11、聚类在一起可否认为是一个种？

回复:同意修改。除了16S rRNA分析外，重新补充了gyrB序列进化树分析结果。

12、种属的鉴定要依照国际学术标准，而不是某个国家的鉴定标准。

《实用临床微生物学检验与图谱》等微生物专业书籍中对该种属菌株有介绍和详细的形态描述和理化特征比较，请参考。

回复：同意修改。已按照相关要求做相应的修改。

13、16Sr DNA序列分析是进行种鉴定的依据，但并不是全部。而且目前未有统一的标准界定多大的差异可以作为新种。

回复:同意修改。除此之外，重新补充了gyrB序列进化树分析结果。

14、从本文目前的描述来看，不足以支持这两株菌的种鉴定结果。相信是有相关数据的，请再认真补充分析和描述。

回复：同意修改。已经补充，详见修改稿，在结果部分增加了管家基因gyrB用于施万菌属种水平鉴定的结果；并在讨论部分增加了gyrB基因广泛用于施万菌属种水平鉴定的内容和参考文献。

——————————————**复审专家意见与作者修改说明**—————————————

专家意见：

1、表1内容在规范表达下，数据单独一列！

回复：同意修改，已单独列出。

2、文献6可以概括出学术评论句，请在讨论里提及。

回复：同意修改，并在讨论中列出。

3、其他意见见附件。

回复：已认真阅读文中专家意见，并一一修改，请见正文。

4、格式参考本刊已发表类似文章的图表格式等进行修改，英文摘要和中文一致，最好请专业人员把关。

回复：同意修改，并一一修改，请见正文。

5、文末补充作者贡献及第一作者ORCID和一寸白底免冠正身头像！正文补充作者、单位和基金中英文信息，脚注补充作者和通信作者简介等，具体格式见已发表文章。

回复：同意修改，已按要求补充完整。

6、制作OSID码；文章讨论处必须简言概括文章创新点和局限性，提供学术评论句并与参考文献相对应。

回复：同意修改，已制作OSID码，文章讨论处已按要求进行修改。

——————————————**定稿会意见与作者修改说明**——————————————

文章已按要求修改，建议发表。