

Естественные науки. 2022. № 4 (9). С. 40–58.
Yestestvennye nauki = Natural Sciences. 2022; 4(9):40–58 (In Russ.)

Научная статья
УДК 628
doi 10.54398/1818507X_2022_4_40

ТАКСОНОМИЧЕСКАЯ КАТЕГОРИЯ «ФИЛУМ»

Хаффарессас Ясин^{1✉}, *Василенко Олег В.*²

^{1,2}Пушинский государственный естественно-научный институт,
г. Пушино, Московская обл., Россия
¹yacinechabani@yandex.ru✉

Аннотация. В номенклатуре прокариот высшей таксономической категорией является «класс». Но уже три десятилетия микробиологи пользуются таксономической категорией «филум» (эта категория выше класса), хотя всё ещё не могут договориться о формальном признании этой категории и внесении её в международный кодекс номенклатуры прокариот.

Ключевые слова: номенклатура; Филум; Класс; Международный кодекс номенклатуры прокариот

Для цитирования: Хаффарессас Ясин, Василенко О. В. Таксономическая Категория «Филум» // Естественные науки. 2022. № 4 (9). С. 40–58. https://doi.org/10.54398/1818507X_2022_4_40.

THE TAXONOMIC CATEGORY "PHYLUM"

Haffaressas Yacine^{1✉}, *Vasilenko Oleg V.*²

^{1,2}Pushchino State Natural Science Institute, Pushchino, Moscow region,
Russia

¹yacinechabani@yandex.ru✉

Abstract. In the nomenclature of prokaryotes, the highest taxonomic category is "class". But for three decades, microbiologists have been using the taxonomic category "phylum" (this category is higher than the class), although they still cannot agree on the formal recognition of this category and its inclusion in the international code of nomenclature for prokaryotes.

Keywords: Nomenclature; Phylum; Class; International code of nomenclature for prokaryotes

For citation: Haffaressas Y., Vasilenko Oleg V. The Taxonomic Category "Phylum". *Yestestvennye nauki = Natural Sciences*. 2022; no. 4(9):40–58. https://doi.org/10.54398/1818507X_2022_4_40.

Введение. Большинство некультивируемых прокариот тормозит внесение изменений в кодекс номенклатуры. В том числе и в отношении категории «филум».

Цель данной работы – понять, почему научное сообщество микробиологов до сих пор не может договориться об официальном признании таксономической категории «филум» и включении её в международный кодекс номенклатуры прокариот.

Чтобы облегчить общение между исследователями, необходимо установить правила относительно названий прокариот. Прокариоты имеют собственный Международный кодекс номенклатуры прокариот, или ICNP [28]. Первый предварительный просмотр был опубликован в 1947 г. (Buchanan, Brooks, 1947), но первая публикация состоялась лишь 28 лет спустя, в 1975 г. С тех пор исправления были утверждены в 1990 г. и опубликованы в 1992 г. (Larage et al., 1992). Позднее были также внемены исправления, предложенные в 2008 г., представленные в 2014 г. и опубликованные в 2019 г. (Parker et al., 2019). До публикации первого номенклатурного кода прокариот их номенклатура подпадала под действие Международного кодекса номенклатуры водорослей, грибов и растений (ICN, ранее Международный кодекс ботанической номенклатуры, Turland et al., 2018), который регулирует номенклатуру растений, водоросли и грибы. Цианобактерии, уникальный филум, содержащий бактерии, способные к фотосинтезу для получения энергии и долгое время считающийся одноклеточными растениями, по-прежнему подчиняются правилам номенклатуры ICN параллельно с правилами ICNP (Oren, 2011, 2017b), хотя прилагаются усилия для достижения консенсуса (Palinska, Surosz, 2014).

ICNP определяет набор принципов и правил, регулирующих названия таксонов. Основные принципы заключаются в следующем:

1. Основная цель – стабильность названий во времени. Имена, которые могут вызвать ошибки или путаницу, будут отклонены, а создание ненужных имен должно быть запрещено.

2. Названия рангов выше или равные роду (такие, как, например, названия отрядов и семейств) не должны присутствовать в Международном кодексе номенклатуры водорослей, грибов и растений и Международной комиссии по зоологической номенклатуре (код, регулирующий номенклатуру домена животных). Это правило не распространяется на видовой эпитет.

3. Названия таксонов должны происходить из латинского, греческого или латинизированного языков.

4. Название таксона служит в первую очередь для ссылки на него, а не для обозначения признаков или истории таксонов.

5. Каждый таксон имеет разграничение, позицию и рангу, может иметь только одно название.

6. Название таксона может быть изменено только в том случае, если таксономические исследования показывают, что оно неверно или противоречит правилам Кодекса.

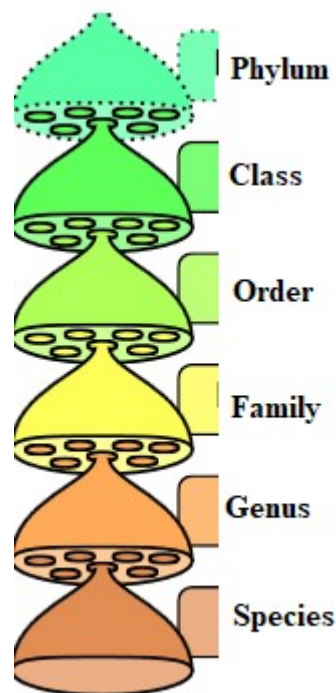


Рисунок 1. Основные таксономические ранги, регулируемые номенклатурным кодом прокариот. The phyla показаны пунктирными линиями, поскольку в настоящее время они не регулируются кодом, хотя предложение было сделано (Oren et al., 2015)

Правила кода управляют названиями таксонов и таксономических рангов, показанных на рисунке 1. Порядок этих рангов не может меняться в отличие от их определения. Важно отметить, что названия типов не зависят от правил кода, но были сформулированы предложения по изменению правил кода (Oren et al., 2015).

Основные правила кода представлены в таблице 1. Они имеют обратную силу (с исключениями) к каждой новой редакции. Название вида биномиальное (Aubert, 2016), то есть состоит из родового названия в сочетании со специфическим эпитетом. Родовое название должно быть названием рода рассматриваемого вида (например, *Escherichia*), а эпитет – свободным (*coli*). Биномиальная номенклатура видов взята из работы Carl Linnaeus (Linné, Salvius, 1758). Остальные таксономические ранги состоят из одного слова. Выбор названия рода свободен, если соблюдаются правила кода. Имена более высоких рангов должны быть определены в соответствии с типом, определённым для них. Названия таксонов ниже подвидов (например, названия штаммов) кодом не регулируются. Это также относится к терминам, связанным с таксонами ниже вида (например, патовар, биовар, серовар, клон или культура). Каждый таксономический ранг постоянно связан с более низким таксоном. Мы говорим о номенклатурном типе, и он должен быть выбран при определении таксона. В рамках вида типовой штамм должен быть культивируемым, если это возможно для одного из них. Существуют также эталонные штаммы, если типовой штамм вида не является предметом большинства научных исследований. Это тот случай, например, с *Escherichia coli*, типовой штамм которой является *Escherichia coli* DSM 30083 = JCM 1649 =

ATCC 11775, тогда как *Escherichia coli* K12 MG1665 является эталонным штаммом. Код также содержит правила публикации и подтверждения таксономического ранга. Для того чтобы имя было официально опубликовано, оно должно соответствовать следующим правилам:

- 1) имя должно быть правильным по отношению к коду;
- 2) оно должно быть опубликовано в IJSEM;
- 3) должен быть присвоен номенклатурный тип к нему (табл. 1);
- 4) название должно сопровождаться описанием указывающим, является ли оно описанием нового таксона (sp. nov. : "species nova" для вида) или изменением названия (comb. nov.: "combinatio nova"). Описание должно также включать этимологию если имя новое. Наконец, необходимо описать внутренние свойства таксона;

5) некоторые таксоны имеют минимальные стандарты для описания нового вида (Brown, Whitcomb, 2007);

6) с 2001 г. любое описание нового вида обязательно сопровождается депонированием типового штамма в две коллекции культур в двух разных странах. Эти коллекции должны быть в свободном доступе. Можно получить исключение в каждом конкретном случае для организмов, представляющих слишком большой риск для здоровья, а также имеющих слишком экстремальные условия культивирования или невозможность культивирования.

Таблица 1

Сводка правил номенклатурного кода прокариот (PARKER et al., 2019). Таксономические ранги, выделенные жирным шрифтом, обязательны при определении вида. Пунктирной линией показаны предложения, сделанные для таксономического ранга phylum

Taxonomic ranks	Suffix	Nomenclatural type
Subspecies Species		Type strain chosen during the first definition of the species
Subgenus Genus		Species type chosen during the first definition of the genus
Subtribe Tribe	-inae -eae	Type genus from the name of the taxon
Subfamily Family	-oideae -aceae	Type genus from the name of the taxon
Suborder Order	-ineae -ales	Type genus from the name of the taxon
Subclass Class	-idae -ia	Type genus from the name of the taxon Choosing an order type from those that make up the class

Phylum	-aeota	Choosing a class type from those that make up the phylum
--------	--------	---

Таксономические базы данных. В предыдущей части мы лишь кратко коснулись правил кода. И хотя они имеют фундаментальное значение в микробиологии, они страдают от значительной задержки между открытием нового таксона и его действительной публикацией. Поэтому исследователи-

микробиологи используют таксономические базы данных для определения классификации интересующих организмов. В настоящее время существует восемь основных таксономических названий, связанных с классификацией:

а – список прокариотических имен, стоящих в номенклатуре (LPSN, (Euzéby, 1997; Parte, 2014, 2018b)) и включающий все имена, официально опубликованные в IJSEM. В данном списке каждое таксономическое название связано с типовым штаммом, ссылкой на последовательность гена 16S рРНК и ссылкой на публикацию, в которой объявлено это название. LPSN – это список, позволяющий быстро увидеть действительность имени по отношению к номенклатуре. LPSN не занимается построением классификации.

б – таксономия NCBI (NCBI Taxonomy (Federhen, 2012)) – таксономическая база данных INSDC (сформированная GenBank, Emb1 и DDBJ). Содержит номенклатуру, соответствующую ICNP и филогенетическую классификацию. База данных была создана в 1991 г. в рамках проекта “The Taxonomic Project” NCBI (Federhen, 2003). Этот проект объединил несколько таксономий и филогенетических классификаций в одну. Эта исходная база данных тогда и до сих пор пополняется за счёт внесения новых последовательностей в одну из трёх баз данных последовательностей INSDC (GenBank, Emb1 и DDBJ). Если новая депонированная последовательность принадлежит новому таксону, то её владелец должен связаться с комитетом по таксономии NCBI во время депонирования, чтобы обосновать свое положение в классификации. Основным источником этого комитета является литература по систематике и филогении. Таксономия NCBI не проводит филогенетический анализ.

Название каждого таксона связано с идентификатором (TaxID), который остаётся неизменным во времени. В 2014 г. было принято решение о том, что штаммы больше не будут ассоциироваться с TaxID, поскольку далее невозможно было обеспечить их курирование (Federhen et al., 2014). Каждый таксон связан со своим номенклатурным типом, с его официальным названием, с его неофициальными названиями, с последовательностями, относящимися к этому таксону, с литературой, относящейся к этому таксону, а также с внешними ссылками, позволяющими изучить информацию, доступную по этому таксону, таксону в других базах данных через службу LinkOut.

Таксономия NCBI также позиционирует в своей классификации некультивируемые и неопубликованные организмы в IJSEM. Это особенно характерно для организмов, связанных с последовательностями, полученными во время проб окружающей среды. Таким образом, эти организмы представляют собой гипотетическую классификацию. Количество названий таксонов представлено в таблице 2. На рисунке 2 показана эволюция количества названий родов и видов, опубликованных и подтверждённых в Таксономии NCBI.

**Количество названий видов и родов в таксономии NCBI
(цифры не включают неклассифицированные, некультивируемые названия видов
и родов, а также неофициальные названия)**

	Genus	Species
Archeae	176	671
Bacteria	3 426	18 354

в – всевидовой проект «Живое дерево» (The All-Species Living Tree Project = LTP) стартовал в 2007 г., и его цель – предоставить филогенетическую таксономию, основанную на гене 16S рРНК (Yarza, 2008, 2010b; Munoz et al., 2011). Он объединяет данные из нескольких организаций:

- 1) LPSN и Bergey’s Manual of Systematic Bacteriology служат источниками для названий таксонов;
- 2) журналы систематической и прикладной микробиологии и IJSEM;
- 3) полные последовательности генов рРНК взяты из базы данных SILVA. (Quast et al., 2013).

Учитывается только одна последовательность, если разные копии не расходятся более чем на 98 %. Последовательности типовых штаммов связаны с их классификацией LPSN. Затем этот набор последовательностей используется для создания филогенетического дерева с использованием метода максимального правдоподобия и программного обеспечения RAxML (Stamatakis, 2014).

Это дерево полностью пересчитывается каждые два года или около того. Затем дерево исследуют, чтобы оценить монофильность каждого таксона. Затем клады получают название в соответствии с типичными родами, присутствующими в ней. Это дерево в версии 132 состоит из 13 903 последовательностей 16S рРНК типичных штаммов. Это дерево небольшого размера, но поскольку оно образовано из всех последовательностей 16S рРНК типовых штаммов, оно считается таксономически исчерпывающим по отношению к типовым штаммам.

г – таксономия SILVA, основанная на руководящем филогенетическом дереве последовательностей гена 16S рРНК, иницированном в 2004 г. проектом ARB (Ludwig et al., 2004; Yilmaz et al., 2014), к которым регулярно добавляются новые последовательности. Курирование размещения новых последовательностей осуществляется апостериори, включая обратную связь от сообщества пользователей.

Клады связаны с названиями таксонов из Bergey’s Taxonomic Outlines (Garrity et al., 2004), который представляет собой указатель таксонов, содержащийся в “Bergey’s Manual of Systematic Bacteriology”. LPSN также используется для получения названий текущих таксонов и соответствия текущей литературе, а также для исправления неверных названий и “Candidatus”.

Поскольку “Bergey’s Taxonomic Outlines” и LPSN основаны не только на филогенетическом дереве, но и на многофазной классификации, между ними и таксономией SILVA могут быть противоречия. Таксономия SILVA

также использует достижения в классификации филогенетических деревьев на основе маркерных белков (GTDB – Genome Taxonomy DataBase), которые привели к радикальным изменениям в phylum протеобактерий (Parks et al., 2018), а также специализирующихся источниках, чтобы прояснить определённые части его классификации и компенсировать отсутствие дискриминирующей способности гена 16S рРНК для некоторых таксонов.

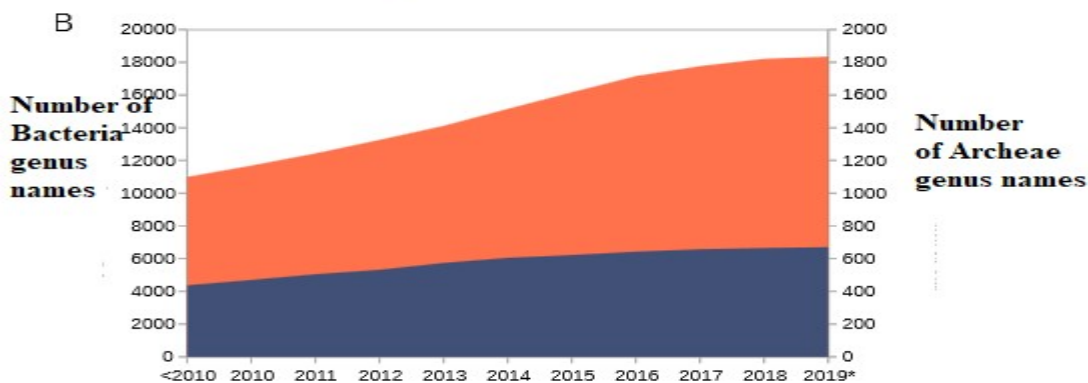
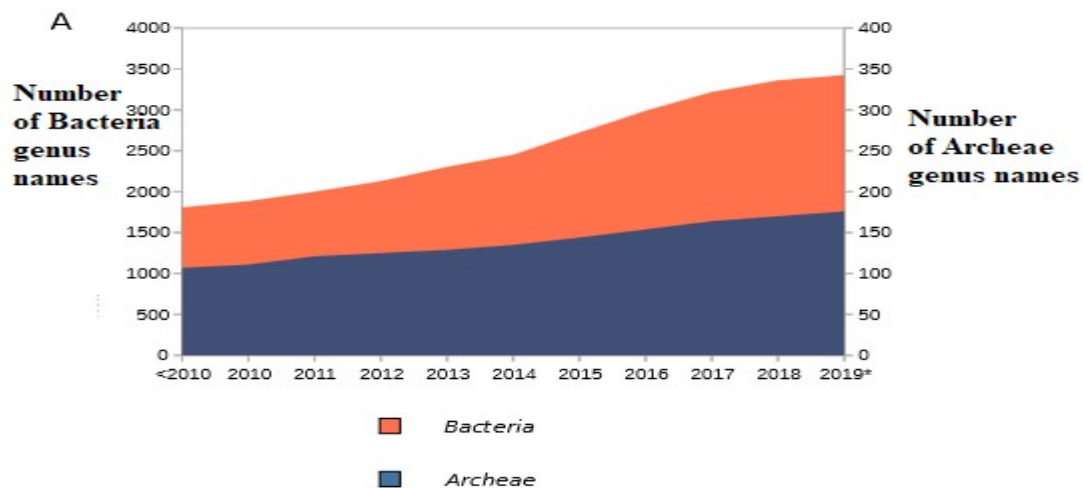


Рисунок 2. Эволюция количества названий рода (А) и вида (В) в таксономии NCBI (30.08.2019)

д – база данных последовательностей генов 16S рРНК “Greengenes”, которая также содержит классификацию и таксономию (McDonald et al., 2012). Рассчитывается филогенетическое дерево всех последовательностей 16S, содержащихся в Greengenes, и используется сценарий для присвоения кладам таксономического ранга из NCBI Taxonomy. Эта база данных не обновлялась с мая 2013 года.

е – проект рибосомной базы данных (“The Ribosomal Database Project” (RDP)) представляет собой базу данных выровненных и аннотированных последовательностей генов 16S рРНК и сборник инструментов для анализа этих или внешних последовательностей (Cole et al., 2014). Таксономия RDP основана на “Bergey’s Taxonomic Outline of the Prokaryotes” (Garrity et al., 2004). Все гены 16S рРНК типичных видов взяты из “GenBank” и сопоставлены друг с другом. Классификатор RDP (Wang et al., 2007) позволяет назначать

новым последовательностям иерархию. Таксономия RDP не содержит ранга вида и относит последовательности к ближайшему роду.

ё – «Открытое Древо Жизни» (OTL) – это проект построения филогенетического супердерева, представляющий все живые организмы (Hinchliff et al., 2015). Он состоит из более мелких филогенетических деревьев, полученных из “Tree Base” (Piel et al., 2000), “Dryad” (хранилище научных данных) и напрямую от авторов филогенетического дерева. Параллельно с этим супердеревом строится таксономия “OpenTree” (OTT) (Rees, Cranston, 2017), которая состоит из нескольких источников таксономии, в частности, для прокариот: SILVA, “NCBI Taxonomy”, “Global Biodiversity Information Facility” (GBIF) и временного реестра морских и неморских родов (IRMNG). Эти таксономии собираются и преобразуются в общий формат. Каждому узлу присваивается уникальный идентификатор. Затем филогенетическое дерево и таксономия объединяются, чтобы сформировать древо жизни.

ж – база данных таксономии генома (“Genome Taxonomy Data Base” (GTDB)) – это таксономическая база данных (Parks et al., 2018). Филогенетическое дерево выводится с использованием полных бактериальных и архейных геномов из “RefSeq” и на основе 120 бактериальных белков-маркеров (122 белка архей). Таксономия NCBI используется для обозначения клад дерева. Некоторые регионы без культивируемых организмов требуют использования “Green Genes” или SILVA, чтобы иметь возможность давать названия этим регионам. LPSN используется для курирования синонимов. Эта база данных проиндексирована по новым версиям “RefSeq”. С каждой новой версией база данных пересчитывается. В результате расчёта этого дерева 58 % геномов из “RefSeq” претерпели таксономические изменения в GTDB, которые до 2019 г. не отражались в таксономии NCBI.

Был проведён сравнительный анализ пяти таксономических баз данных (Balvočiute, Huson, 2017). Авторы определили названия родов, которые полностью или частично являются общими или уникальными для пяти классификаций. На рисунке 3 показаны результаты этого соответствия между таксономиями. Замечено, что таксономия NCBI имеет больше таксономических названий с SILVA, чем с RDP и “Greengenes”. Несколько имен являются общими для всех таксономий: 73 % phyla, 70 % классов, 63 % порядков, 90 % семейств и 89 % родов не являются общими и уникальны для SILVA, RDP, “Greengenes” или “NCBI Taxonomy” (OTT исключён из этого расчёта). OTT содержит больше названий, чем объединение четырёх таксономических баз на уровне родов.

На рисунке 4 показаны индексы несходства между различными базами данных в зависимости от того, применяется ли строгое соответствие (“Strict mapping”) или нечёткое соответствие (“Loose mapping”). В строгом соответствии “Greengenes” имеет самый низкий индекс несходства, близкий к 0,25. Единственное другое значение, близкое к 0,25, – это соответствие таксономии NCBI на OTT, что можно объяснить тем фактом, что OTT формируется в основном таксономией NCBI. При свободном соответствии мы можем

заметить, что таксономия NCBI и OTT демонстрируют сильное сходство независимо от направления соответствия. Основные выводы заключаются в том, что таксономии SILVA, “Greengenes” и RDP могут легко совпадать с таксономиями NCBI, и эти четыре базы данных легко соответствуют данным OTT. Обратное (например, сопоставление таксономии NCBI с OTT) проблематично.

Одним из недостатков OTT является то, что он не связан с базой данных последовательностей, что затрудняет его использование для определения принадлежности чтения для секвенирования. Следовательно, ни одна из этих баз данных не является совершенной, и было отмечено множество ошибок в дизайне и таксономии, особенно в базах данных, основанных на гене 16S рРНК (Edgar, 2018a). Например, дерево направляющих SILVA имеет несоответствия с деревом “Greengenes”. Около 17 % аннотаций в “Greengenes” и SILVA будут противоречить друг другу. Классификации не очень воспроизводимы, за исключением RDP. Среди всех таксономических баз данных, представленных здесь, таксономия NCBI занимает центральное место по сравнению с другими, поскольку эта база данных позволяет связывать вместе геномные последовательности (16S рРНК, другие гены или даже полный геном) благодаря уникальному идентификатору.

Появляется необходимость включить ранг phylum в «Международный кодекс номенклатуры прокариот» (ICNP; Oren et al., 2015; Parker et al., 2016), который охватывает номенклатуру прокариот только до ранга класса. Для сравнения: «Международный кодекс номенклатуры водорослей, грибов и растений» (McNeill et al., 2012) также охватывает ранги царства (regnum), подразделения или филума, тогда как самый высокий ранг, включённый «Международным кодексом зоологической номенклатуры», – это семья. Ранг филума широко используется для групп прокариот, и в литературе известны названия более 30 типов, для которых в литературе есть культивируемые представители (табл. 3); кроме того, существует множество глубоких линий, эквивалентных филуму, которые ещё не представлены организмами, доступными в чистой культуре. Несмотря на широкое использование термина, ранг филума не имеет статуса в номенклатуре, как это регулируется ICNP.

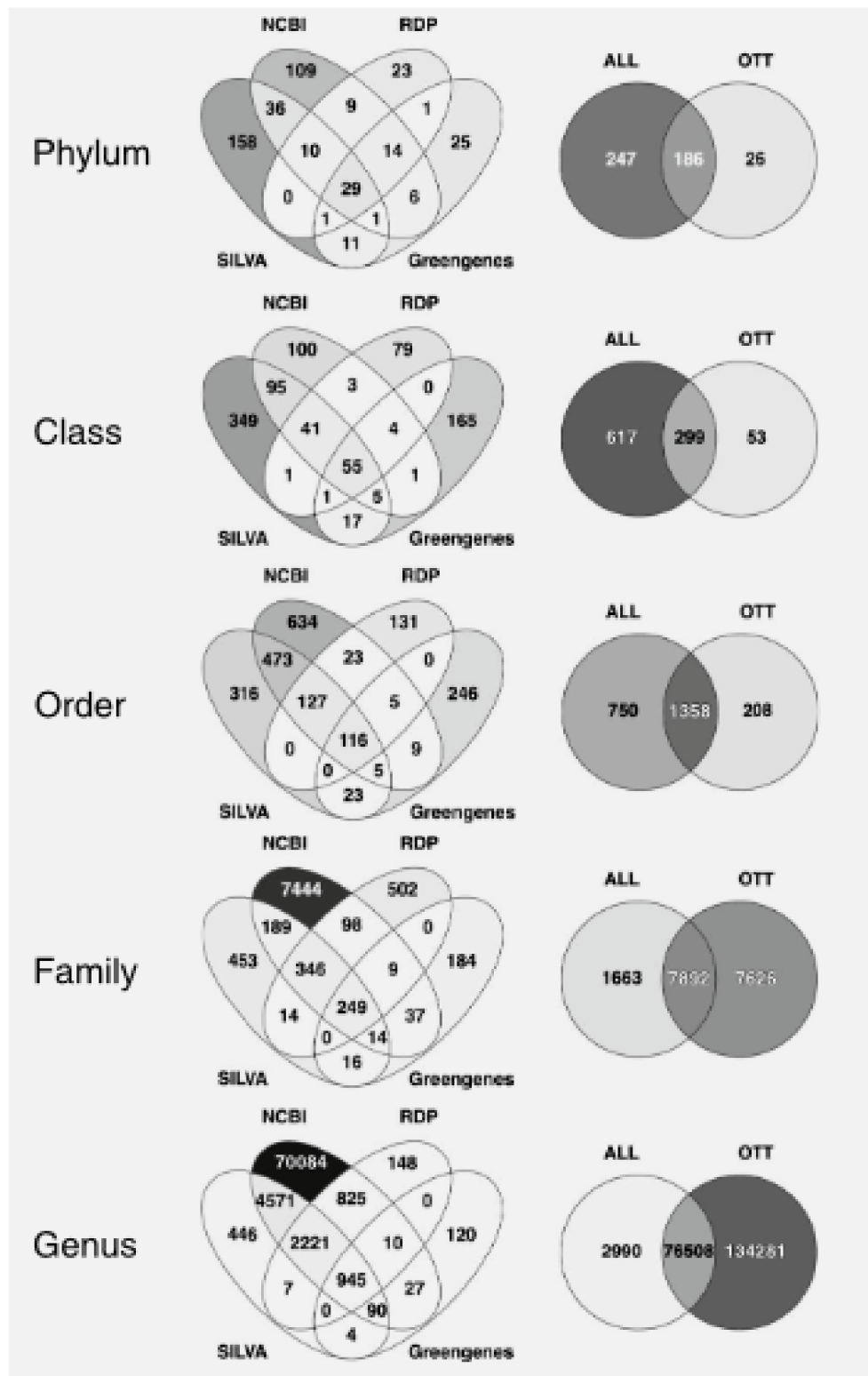


Рисунок 3. Диаграммы Венна для всех названий таксонов (формальных и неформальных), присутствующих в одной или нескольких таксономических базах данных. На диаграммах слева представлены для каждого таксономического ранга имена, присутствующие в таксономии NCBI, “Greengenes”, SILVA и RDP. На диаграмме справа показано объединение предыдущих таксономий с OTT. Оттенки серого указывают процент таксономических названий, содержащихся в пересечении (Balvočiute, Huson, 2017)

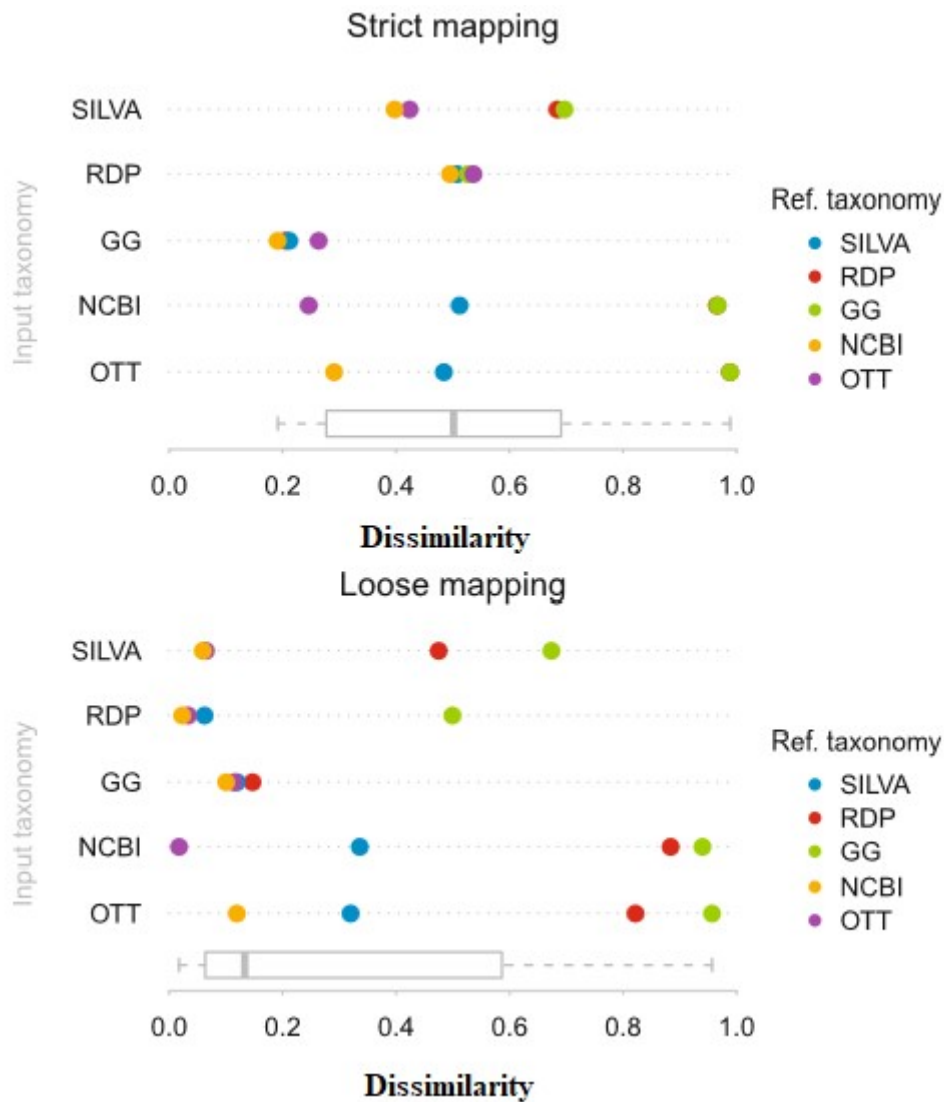


Рисунок 4. Несходство между пятью таксономическими базами данных, основанное на парных совпадениях названий таксонов. Чем ближе индекс несходства к 1, тем больше различаются таксономии. «Строгое сопоставление»: одно и то же таксономическое название должно быть найдено в обеих базах данных в одном и том же ранге. При отсутствии таксономического названия неверными считаются и нижние таксономические ранги. "Loose mapping": повторяет предыдущий принцип, но при отсутствии таксономического названия ранги сыновей рассматриваются независимо. (Balvočiute, Huson, 2017)

Список названий phyla, которые должны быть рассмотрены для проверки после одобрения предложения о включении ранга phylum в цитирование ICNP

Proposed phylum name	Nomenclatural type (class)	Phylum name currently in common use	Comments
Acidobacteraeota		Acidobacteria	Acidobacteria cannot be used as the name of the class as it is on the list of nomina rejicienda (Opinion 79). Instead we propose Acidobacteriae
Actinobacteraeota	Actinobacteria	Actinobacteria	Note that no nomenclatural type has been designated for the class Actinobacteria
Alphaproteobacteraeota	Alphaproteobacteria	Proteobacteria	As the name Proteobacteria is widely used for the phylum, the Judicial Commission may consider conserving this name (earlier used for a class) instead of Alphaproteobacteraeota
Aquificaeota	Aquificae	Aquificae	
Armatimonadaeota		Armatimonadetes	We propose establishing the class Armatimonadia as the nomenclatural type
Bacillaeota	Bacilli	Firmicutes	As the name Firmicutes is widely used for the phylum, the Judicial Commission may consider conserving this name instead of Bacillaeota
Bacteroidaeota	Bacteroidia	Bacteroidetes	
Caldisericaeota	Caldisericia	Caldiserica	
Chlamydaeota	Chlamydiae	Chlamydiae	
Chlorobaeota		Chlorobi	Chlorobea cannot be used as the name of the class as it is on the list of nomina rejicienda (Opinion 79). Instead we propose Chlorobia
Chloroflexaeota	Chloroflexia	Chloroflexi	
Chrysiogenaota	Chrysiogenetes	Chrysiogenetes	
Deferribacteraeota	Deferribacteres	Deferribacteres	
Deinococcaeota	Deinococci	Deinococcus-Thermus	
Dictyoglomaeota	Dictyoglomia	Dictyoglomi	

Proposed phylum name	Nomenclatural type (class)	Phylum name currently in common use	Comments
Elusimicrobaeota	Elusimicrobia	Elusimicrobia	
Fibrobacteraeota	Fibrobacteria	Fibrobacteres	
Fusobacteraeota	Fusobacteriia	Fusobacteria	
Gemmatimonadaeota	Gemmatimonadetes	Gemmatimonadetes	
Ignavibacteraeota	Ignavibacteria	Ignavibacteriae	
Lentisphaeraeota	Lentisphaeria	Lentisphaerae	
Methanobacteraeota	Methanobacteria	Euryarchaeota	As the name Euryarchaeota is widely used for the phylum, the Judicial Commission may consider conserving this name instead of Methanobacteraeota
Mollicutaeta	Mollicutes	Tenericutes	Note that no nomenclatural type has been designated for the class Mollicutes
Nitrososphaeraeota	Nitrososphaeria	Thaumarchaeota	As the name Thaumarchaeota is widely used for the phylum, the Judicial Commission may consider conserving this name instead of Nitrososphaeraeota
Nitrospiraeota		Nitrospira	We propose establishing the class Nitrospira as the nomenclatural type
Planctomycetaeota		Planctomycetes	Planctomycea cannot be used as the name of the class as it is on the list of nomina rejicienda (Opinion 79). Instead we propose Planctomycetes
Spirochaetaeota		Spirochaetes	Spirochaetes cannot be used as the name of the class as it is on the list of nomina rejicienda (Opinion 79). Instead we propose Spirochaetia
Synergistaeta	Synergistia	Synergistetes	
Thermodesulfobacteraeota	Thermodesulfobacteria	Thermodesulfobacteria	
Thermomicrobaeota	Thermomicrobia	Thermomicrobia	
Thermoproteaeota		Crenarchaeota	Thermoprotei cannot be used as the name of the class as it is on the list of nomina

Proposed phylum name	Nomenclatural type (class)	Phylum name currently in common use	Comments
			rejeicienda(Оpinion 79). Instead we propose Thermoprotea. As the name Crenarchaeota is widely used for the phylum, the Judicial Commission may consider conserving this name instead of Thermoproteaeota
Thermotogaeota	Thermotogae	Thermotogae	
Verrucomicrobaeota	Verrucomicrobiae	Verrucomicrobia	

Необходимость включения таксонов выше ранга класса поднималась в прошлом, несколько раз обсуждались предложения по регулированию номенклатуры более высоких таксонов. Так, Trüper (1994) предположил, что Eucarya, Archaea и (Eu) Bacteria должны быть тремя Imperia, и что наиболее глубоко разветвленные phyla в (Eu) Bacteria должны будут считаться царствами (латинское: regnum, множественное число regna), и эти идеи обсуждались Международным комитетом по систематике бактерий (ICSB) в Праге в 1994 г. (Goodfellow, 1995). Судебная комиссия ICSB на своих заседаниях в Сиднее в 1999 г. обсуждала вопрос о таксонах более высокого ранга и сочла, что данное обсуждение следует отложить до тех пор, пока специальный комитет по этому вопросу не сделает свой отчет. Создание специального комитета для обсуждения наименования более высоких таксонов (выше класса) было предложено на заседаниях Международного комитета по систематике прокариот (ICSP) в Париже в 2002 г. (De Vos et al., 2005). Специальный комитет по высшим таксонам снова обсуждался в Сан-Франциско в 2005 г. (De Vos, Trüper, 2000), но комитет так и не собрался. Необходимость прояснения этой ситуации подчёркивалась в переписке (Gribaldo, Brochier, 2012; Garrity, Oren, 2012). Мы считаем, что включение ранга «филум» в правила ICNP давно назрело, и поэтому мы здесь официально предложить внести соответствующие изменения в Кодекс. Для этого мы предлагаем следующие изменения в Правилах 5b, 8, 15 и 22.

ПРАВИЛО 5Б (RULE 5B) – Вышеуказанные таксономические категории, включая виды, подпадающие под действие настоящих Правил, приводятся ниже в порядке возрастания таксономического ранга. Те, которые указаны в левом столбце, должны быть распознаны там, где это уместно; те, что в правом столбце, не являются обязательными. Латинские эквиваленты указаны в скобках.

Species (<i>Species</i>)	Subgenus (<i>Subgenus</i>)
Genus (<i>Genus</i>)	Subtribe (<i>Subtribus</i>)
	Tribe (<i>Tribus</i>)
	Subfamily (<i>Subfamilia</i>)
Family (<i>Familia</i>)	Suborder (<i>Subordo</i>)
Order (<i>Ordo</i>)	Subclass (<i>Subclassis</i>)
Class (<i>Classis</i>)	
Phylum (<i>Phylum</i>)	

ПРАВИЛО 8 (RULE 8) – Название каждого таксона (охватываемого Кодексом): ранг выше порядка является латинским или латинизированным словом. Название класса пишется во множественном числе среднего рода с заглавной буквы. Имя образуется добавлением суффикса *-ia* к основанию имени типового рода порядка типов этого класса. Название подкласса состоит из женского рода, множественного числа и пишется с заглавной буквы. Имя образуется добавлением суффикса *-idae* к основе названия типового рода порядка типов подкласса. Название филума записывается во множественном числе среднего рода с заглавной буквы. Имя образуется добавлением суффикса *-aeota* к основе имени одного из содержащихся в нем классов.

ПРАВИЛО 15 (RULE 15) – Таксон состоит из одного или нескольких элементов. Для каждого названного таксона различных таксономических категорий (перечисленных ниже) должен быть указан номенклатурный тип. Номенклатурный тип, называемый в данном Кодексе «типом», представляет собой тот элемент таксона, с которым постоянно связано название, будь то правильное название или синоним. Номенклатурный тип не обязательно является наиболее типичным или репрезентативным элементом таксона. Типы рассматриваются в Правилах 16–22. Типы различных таксономических категорий можно резюмировать следующим образом:

Таблица 4

Таксономические категории

Taxonomic category	Type	
Subspecies } Species }	Designated strain; in special cases the place of the type strain may be taken by a description, preserved specimen, or an illustration	
Subgenus } Genus }		Designated species
Subtribe } Tribe }	Genus on whose name the name of the higher taxon is based	
Subfamily } Family }		
Suborder } Order }		
Subclass } Class }		One of the contained orders
Phylum		One of the contained classes

ПЕРВЫЙ ПАРАГРАФ ПРАВИЛА 22 – Тип «филум» – это один из содержащихся классов. Если есть только один класс, он становится типом. Если имеется два или более класса, тип должен быть обозначен автором во время предложения названия, хотя авторам рекомендуется уважать приоритет, учитывая, какой класс был описан первым. Тип класса или подкласса – это один из содержащихся в нем порядков, и если есть только один order, он становится типом. При наличии двух и более orders, тип указывается автором при предложении названия.

В таблице 4 представлен список предлагаемых названий phyla, которые могут быть представлены на валидацию после утверждения предлагаемых изменений в правилах Кодекса. В нём также перечислены названия phyla, которые уже широко используются. Мы помним, что текущее предложение может оказаться проблематичным, так как оно не включает предложение о проверке общепринятых названий, таких как Proteobacteria, Firmicutes, Crenarchaeota, Euryarchaeota и Thaumarchaeota, имена, которые, соответственно, должны быть изменены на Alphaproteobacteria, Bacillaeota, Thermoproteaeota, Methanobacteriaeota. и Nitrososphaeraeota, в соответствии с новым правилом 8. Эти вопросы необходимо будут рассмотреть в отдельных предложениях и/или запросах заключения, которые будут представлены ICSP и его Судебной комиссии. Предложение ограничено теми группами, для которых номенклатурный тип может быть обозначен на основе типового штамма или типового материала вида с официально опубликованным названием. Более высокие таксоны, эквивалентные рангу «филум», для которого не существует культивируемых представителей, могут быть условно описаны как candidate phyla, аналогичные другим candidatus taxa, чья номенклатура не регулируется правилами ICNP. Термин “superphylum” в последнее время также вошёл в обиход, но этот ранг считается разговорным, и поэтому мы не рекомендуем включать его в ICNP. Эти предложения подлежат обсуждению ICSP и его Судебной комиссией.

Заключение. Многие филумы представлены исключительно некультурными прокариотами, а номенклатурный код написан для культивируемых прокариот, и эта биологическая номенклатура вообще меняется очень медленно.

Вопрос о формальном признании категории «филум» очень сложен, поэтому его решение так долго назревает, и будет решаться только очень долго для включения категории «филум» в номенклатурный кодекс.

References

1. Aubert D. Doit-on parler de nomenclature binomiale ou bien de nomenclature binominale. *La banque des mots*. 2016; 91:7–14.
2. Balvočiute M., Huson D. H. SILVA, RDP, Green-genes, NCBI and OTT: how do these taxonomies compare. *BMC Genomics*. 2017; 18(2):114.
3. Brown D. R., Whitcomb J., Bradbury M. Revised minimal standards for description of new species of the class Mollicutes (division Tenericutes). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2007; 57(11):2703–2719.

4. Buchanan R. E., SaintJohn-Brooks R. T. Proposed bacteriological code of nomenclature developed from proposals approved by the International Committee on Bacteriological Nomenclature at the meeting of the Third International Congress for Microbiology. *Iowa State College Press*: 1947:7–61.
5. Cole J. R., Wang Q, Fish J. A., Chai B., McGarrell D. M., Sun Y., Brown C. T., Porras-Alfaro A., Kuske C. R., Tiedje J. M. Ribosomal Database Project: data and tools for highthroughput rRNA analysis. *Nucleic Acids Research*. 2014; 42: 633–642.
6. De Vos P., Trüper H. G. Judicial Commission of the International Committee on Systematic Bacteriology IX th International (IUMS) Congress of Bacteriology and Applied Microbiology. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 000; 50:2239–2244.
7. De Vos P., Trüper H. G., Tindall B. J. Judicial Commission of the International Committee on Systematic Bacteriology Xth International (IUMS) Congress of Bacteriology and Applied Microbiology. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2005; 55:525–532.
8. Edgar R. C. Taxonomy annotation and guide tree errors in 16S rRNA databases. *PeerJ*. Juin 2018a.
9. Euzéby J. P. List of Bacterial Names with Standing in Nomenclature : a Folder Available on the Internet. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 1997; 47(2):590–592.
10. Federhen S. *The Taxonomy Project*. National Center for Biotechnology Information (US); 2003.
11. Federhen S. The NCBI Taxonomy database. *Nucleic Acids Research*. 2012; 40(D1):136–143.
12. Federhen S., Clark k., Barrett T., Parkinson H., Ostell J., Kodama Y., Mashima J., Nakamura Y., Cochrane G., Karsch Mizrahi I. Toward richer metadata for microbial sequences :replacing strain-level NCBI taxonomy taxids with BioProject BioSample and Assembly records . *Standards in Genomic Sciences*. 2014; 9(3):1275–1277.
13. Garrity G. M., Bellet J.A, Lilburn T.G. Taxonomic outline of the prokaryotes. *Bergey's manual of systematic bacteriology*. New York, Berlin, Heidelberg: Springer; 2004.
14. Garrity G. M., Oren A. Response to Simonetta Gribaldo and Celine Brochier-Armanet: time for order in microbial systematics. *Trends Microbiol*. 2012; 20:353–354.
15. Goodfellow M. International Committee on Systematic Bacteriology; XVIth International Congress of Microbiology. *International Journal of Systematic Bacteriology*. 1995; 45:613–615.
16. Gribaldo S., Brochier-Armanet C. Time for order in microbial systematics. *Trends Microbiol*. 2012; 20:209–210.
17. Hinchliff C. E., Smith S. A., Allman J. F., Burleigh J. G., Chaudhary R., Coghill L. M., Crandall K. L., Deng J., Drew B. T., Gazis R., Gude K., Hibbett D. S., Katz L. A., Laughinghouse H. D., McTavish E. J., Midford P. E., Owen C. L., Ree R. H., Rees J. A., Soltis D. E., Williams T., Cranston K. A. Synthesis of phylogeny and taxonomy into a comprehensive tree of life. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 2015; 112(41): 12764–12769.
18. Lapage S. P., Sneath P. H. A., Lessel E. F., Skerman V. B. D., Seeliger H P. R., Clark W.A. *International Code of Nomenclature of Bacteria: Bacteriological Code (1990) Revision*. American Society for Microbiology Washington DC; 1992.
19. Linné C. V., Salvius L. (1758). *Systema naturae per regna tria naturae :secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis. Holmiae : Impensis Direct. Laurentii Salvii*: 881.
20. Ludwig W., Strunk O., Westram R., Richter L., Meier H., Yadhukumar, Buchner A., Lai T., Steppi S., Jobb G., Förster W., Brettske I., Gerber S., Ginhart A. W., Gross O., Grumann S., Hermann S., Jost R., König A., Liss T., Lüßmann R., May M., Nonhoff B., Reichel B., Strehlow R., Stamatakis A., Stuckmann N., Vilbig A., Lenke M., Ludwig T.,

Bode A., Schleifer K. H. ARB :a software environment for sequence data. *Nucleic Acids Research*. 2004; 32(4):1363–1371.

21. McDonald D., Price M. N., Goodrich J., Nawrocki E. P., DeSantis T. Z., Probst A., Andersen G. L., Knight R., Hugenholtz P. An improved Greengenes taxonomy with explicit ranks forecological and evolutionary analyses of bacteria and archaea. *The ISME Journal*. 2012; 3(6):610–618.

22. McNeill J., Barrie F. R., Buck W. R., Demoulin V., Greuter W., Hawksworth D. L., Herendeen P. S., Knapp S., Marhold K., other authors. International Code of Nomenclaturefor algae, fungi, and plants (Melbourne Code). *Eighteenth International Botanical Congress Melbourne (2011). Regnum Vegetabile 154*. Koenigstein: Koeltz Scientific Books; 2012.

23. Munoz R., Yarza P., Ludwig W., Euzéby J., Amann R., Schleifer K.H., Glöckner F.O., Rosselló-Móra R. Release LTPs104 of the All-Species Living Tree. *Systematic and Applied Microbiology*. 2011; 3(34):169–170.

24. Oren A. Cyanobacterial systematics and nomenclature as featured in the International Bulletin of Bacteriological Nomenclature and Taxonomy / International Journal of Systematic Bacteriology / International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2011; 1(61):10–15.

25. Oren A., daCosta M. S., Garrity G. M., Rainey F. A., Rosselló-Móra R., Schink B., Sutcliffe I., Trujillo M. E., Whitman W. B. Proposal to include the rank of phylum in the International Code of Nomenclature of Prokaryotes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2015; 11(65): 4284–4287.

26. Oren A., Ventura S. The current status of cyanobac-terial nomenclature under the “prokaryotic” and the “botanical” code. *Antonie van Leeuwenhoek*. 2017; 10(110):1257–1269.

27. Parker C. T., Garrity G. M., Tindall B. J. International Code of Nomenclature of Prokaryotes. Prokaryotic Code. 2008 Revision. Published for the International Committee onSystematics of Prokaryotes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2006; 66.

28. Parker C. T., Tindall B. J., Garrity G. M. International Code of Nomenclature of Prokaryotes : Prokaryotic Code (2008 Revision). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2019; 1(69):1–111.

29. Parks D. H., Chuvochina M., Waite D. W., Rinke C., Skarszewski A., Chaumeil P. A., Hugenholtz P. A standardized bacterial taxonomy based on genome phylogeny substantially revises the tree of life. *Nature Biotechnology*. 2018); 10(36):996–1004.

30. Parte A. C. LPSN – list of prokaryotic names with standing in nomenclature. *Nucleic Acids Research*. 2014; 42:613–616.

31. Parte A. C. LPSN – List of Prokaryotic names with Standingin Nomenclature (bacterio.net), 20 years on. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2018; 6(68):1825–1829.

32. Piel W. H., Donoghue M. J., Sanderson M. J. Tree BASE : a database of phylogenetic knowledge. *To the interoperable “Catalogof Life” with partners Species*. 2000:41–47.

33. Quast C., Pruesse E., Yilmaz P., Gerken J., Schweer T., Yarza P., Peplies J., Glöckner F. O. The SILVA ribosomal RNA gene database project : improved data processing and web-basedtools *Nucleic Acids Research*. 2013; 41(D1):590–596.

34. Rees J., Cranston K. Automated assembly of a reference taxonomy for phylogenetic data synthesis. *Biodiversity Data Journal*. 2017; 5:12581.

35. Stamatakis A. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics*. 2014; 9(30):1312–1313.

36. Trüper H. G. Taxonomic notes: Names for the higher taxa and their impact on the code of nomenclature of bacteria. *International Journal of Systematic Bacteriology*. 1994; 44:368–369.

37. Wang Q., Garrity G. M., Tiedje J. M., Cole J. R. Naïve Bayesian Classifier for Rapid Assignment of rRNA Sequences in to the New Bacterial Taxonomy. *Applied and Environmental Microbiology*. 2007; 16(73):5261–5267.

38. Whitcomb R. F. Evolution and devolution of minimal standards for descriptions of species of the class Mollicutes: analysis of two Spiro-plasma descriptions. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*. 2007; 2(57):201–206.

39. Woese C. R., Fox G. E. Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: the primary kingdoms. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 1977; (74):5088–5090.

40. Yarza P., Richter M., Peplies J., Euzéby J., Amann R., Schleifer K.H., Ludwig W., Glöckner F.O., Rosselló-Móra R. The All-Species Living Tree project : A 16S rRNA-based phylogenetic tree of all sequenced type strains. *Systematic and Applied Microbiology*. 2008; (31)4:241–250.

41. Yarza P., Ludwig W., Euzéby J., Amann R., Schleifer K.H., Glöckner F.O., Rosselló-Móra R. Update of the All-Species Living Tree Project based on 16S and 23S rRNA sequence analyses. *Systematic and Applied Microbiology*. 2010; (33)6:291–299.

42. Yilmaz P., Parfrey L.W., Yarza P., Gerken J., Pruesse E, Quast C., Schweer T., Peplies J., Ludwig W., Glöckner F.O. The SILVA and “All-species Living Tree Project (LTP)” taxonomic frameworks. *Nucleic Acids Research*. 2007; (42):643–648.

Информация об авторах

Хаффарецсас Я. – сотрудник;

Василенко О. В. – сотрудник.

Information about the authors

Haffaressas Y. – employee;

Vasilenko O. V. – employee.

Вклад авторов

Все авторы сделали эквивалентный вклад в подготовку публикации. Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Contribution of the authors

The authors contributed equally to this article. The authors declare no conflicts of interests.

Статья поступила в редакцию 11.11.2022; одобрена после рецензирования 13.11.2022; принята к публикации 17.11.2022.

The article was submitted 11.11.2022; approved after reviewing 13.11.2022; accepted for publication 17.11.2022.