



Sondaggio: proposta di modifica International Code of Nomenclature of Prokaryotes

Scopo: acquisire un'opinione dei soci SIMTREA in merito alla proposta di modifica dell'International Code of Nomenclature of Prokaryotes.

Sondaggio somministrato attraverso il sito SIMTREA - On line 10 giorni.

Documenti informativi:

Documento ICSP di modifica del Code of Nomenclature of Prokaryotes

<https://www.simtrea.org/media/1581011305.pdf>

Ultima Revisione Code of Nomenclature of Prokaryotes (anno 2008)

<https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/ijsem/10.1099/ijsem.0.000778>

Numero di aderenti: 66

Numero risposte aperte proposte come "Commenti" (max 500 caratteri spazi inclusi): 15.

CONTESTO - Il dibattito internazionale

Il dibattito scientifico sull'impiego della sequenza genomica come materiale tipo per la descrizione delle specie procariotiche si è sviluppato su più fronti successivamente alla proposta pubblicata nel 2016 (Whitman et al., 2016) in cui è stata formalizzata l'esigenza di una revisione dell'International Code of Nomenclature of Prokaryotes, finalizzata alla acquisizione di stabilità della nomenclatura dei taxa *Candidatus*, endosimbionti e procarioti non coltivabili.

Un certo numero di pubblicazioni (Bisgaard et al., 2019; Overmann et al., 2019; Konstantinidis et al., 2020; Rossello-Mora et al., 2020) ha fatto emergere diverse scuole di pensiero, relativi vantaggi e svantaggi legati alla revisione in oggetto nei diversi ambiti di interesse.

Le collezioni microbiche e le organizzazioni di riferimento, come basilari stakeholder hanno prodotto documenti indirizzati alla ICSP per evidenziare le possibili criticità in caso di approvazione della proposta di revisione dell'International Code of Nomenclature of Prokaryotes, in modo particolare in riferimento alla Rule 18a; Rule 30.3.c. (eg. Posizione ECCO - European Culture Collections' Organisation; USCCN - US Culture Collection Network).

Riferimenti bibliografici

Bisgaard M, Christensen H, Clermont D, Dijkshoorn L, Janda JM, Moore ERB, Nemeč A, Nørskov-Lauritsen N, Overmann J, Reubsaet FAG. The use of genomic DNA sequences as type material for valid publication of bacterial species names will have severe implications for clinical microbiology and related disciplines. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease* 95 (2019) 102–103.

Konstantinidis KT, Rosselló-Móra R, Amann R. Advantages outweigh concerns about using genome sequence as type material for prokaryotic taxonomy. *Environmental Microbiology* (2020). doi:10.1111/1462-2920.14934

Whitman WB. Modest proposals to expand the type material for naming of prokaryotes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (2016), 66, 2108–2112

Rossello-Mora, Konstantinidis KT, Sutcliffe I, Whitman W. Opinion: Response to concerns about the use of DNA sequences as types in the nomenclature of prokaryotes. *Systematic and Applied Microbiology* <https://doi.org/10.1016/j.syapm.2020.126070>

Overmann J, Huang S, Nübel U, Hahnke RL, Tindall BJ. Relevance of phenotypic information for the taxonomy of not-yet-cultured microorganisms. *Systematic and Applied Microbiology* 42 (2019) 22–29.

SONDAGGIO

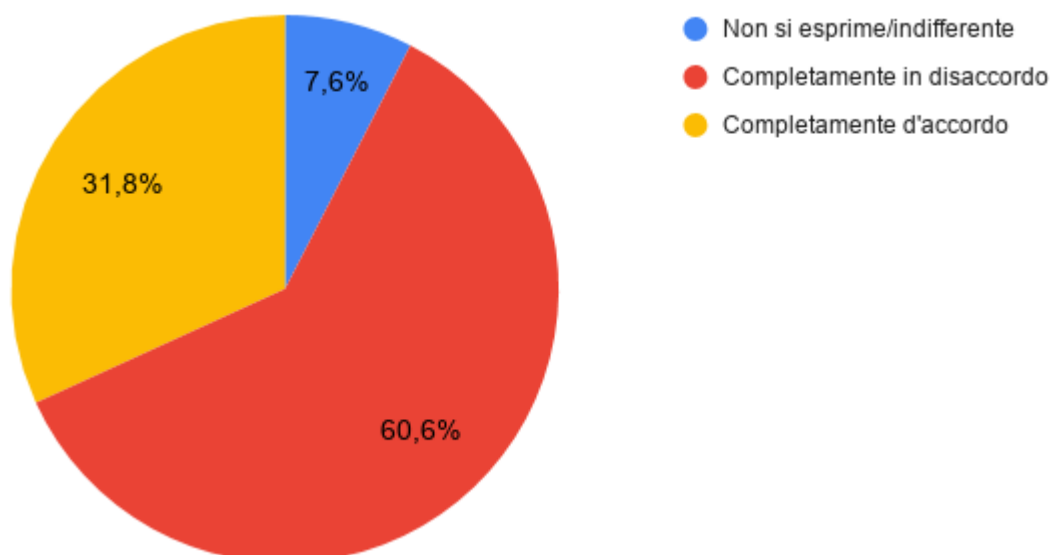
Proposal 1 Proposta di modifica International Code of Nomenclature of Prokaryotes

1. Uso della sequenza completa o parziale del genoma come “materiale tipo” e non obbligo di deposito in almeno due collezioni della subcoltura del ceppo tipo designato per una specie (Rule 18a; Rule 30.3.c.) Quanto sei d'accordo su questa affermazione?

completamente d'accordo

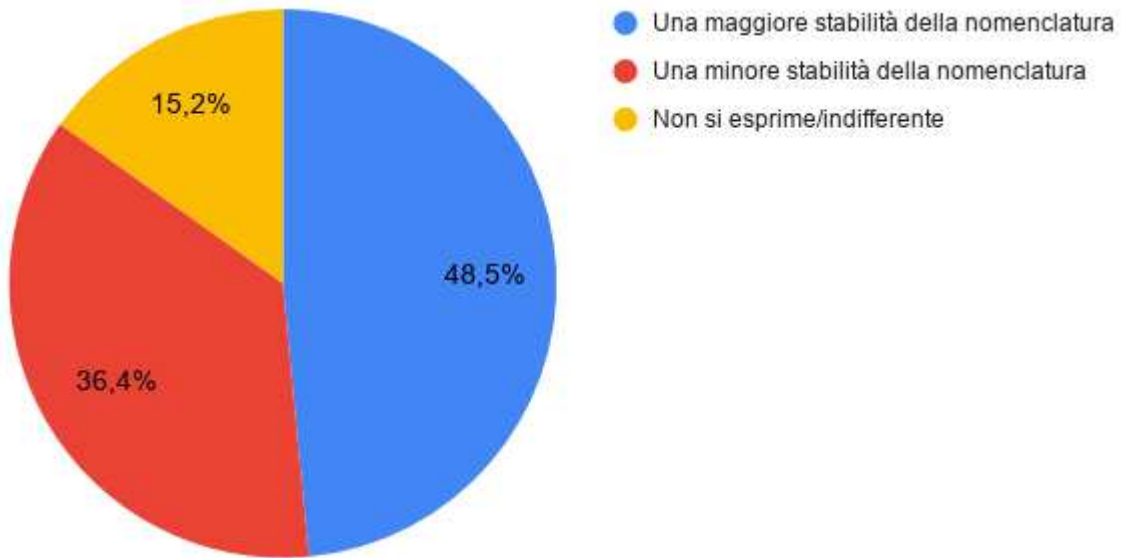
completamente in disaccordo

Non si esprime/indifferente



2. La descrizione di nuove specie sulla base della sequenza completa o parziale di DNA comporterà:

- Una maggiore stabilità della nomenclatura
- Una minore stabilità della nomenclatura
- Non si esprime/indifferente



3. Esperienza su procarioti coltivabili e non coltivabili:

- [] Esperienza prevalente con procarioti coltivabili
- [] Esperienza prevalente con procarioti non coltivabili
- [] Esperienza con entrambe le tipologie di procarioti
- [] Non si esprime/indifferente



Commenti degli aderenti (risposte aperte)

15 partecipanti hanno fornito un commento generale e omnicomprensivo circa i quesiti posti dal sondaggio. La risposta al Proposal 1 è spiegata principalmente in relazione alla necessità di preservare la funzione dell'isolamento, la conseguente possibilità di verifica del genoma sequenziato e delle caratteristiche funzionali degli organismi. Viene sottolineato che la possibilità di descrivere nuove specie solo sulla base della sequenza genomica ma senza il deposito della subcoltura del ceppo tipo comporterebbe una minore stabilità nella tassonomia. In particolare non sarebbe possibile valutare che la sequenza depositata sia realmente di un unico microrganismo, poiché basata su assemblaggio dei contig senza possibilità di verifica dell'attendibilità da parte di terzi.

Sebbene alcuni commenti aprano al deposito in una sola collezione, gli stessi evidenziano come l'utilizzo del solo genoma derivato da sequenziamenti massivi per la descrizione di una nuova specie possa portare ad un proliferare di nuove specie non corredate di informazioni fenotipiche, senza benefici fattivi ai fini tassonomici.

Il deposito della subcoltura del ceppo tipo viene anche descritto come elemento di garanzia per l'accesso alle nuove risorse microbiche.

Citando esperienze precedenti, si evidenzia come le informazioni ricavate dall'analisi di alcuni genomi depositati non coincidano con le caratteristiche fenotipiche del ceppo depositato, per cui la sequenza genomica esprimerebbe una "potenzialità" fenotipica da confermarsi sperimentalmente. A ciò si aggiunge la debolezza dovuta all'abbondante presenza di sequenze con funzioni sconosciute "unknown functions". Pertanto la descrizione di nuova specie potrebbe non essere veritiera e fuorviante, con particolare riferimento ai sequenziamenti shotgun da matrici con procarioti non coltivabili. L'uso estensivo di tecniche di metagenomica permette di ottenere genomi "quasi" completi di microrganismi non coltivabili, ma non ci sono garanzie sulla loro completezza.

Le posizioni favorevoli al Proposal 1 tendono a concentrarsi sullo status di *Candidatus*. Come soluzione per evitare standard di nomenclatura paralleli, si suggerisce di incentivare l'utilizzo dello status di *Candidatus* e obbligare chi, in una fase successiva, isola il microrganismo e lo può descrivere come nuova specie, a mantenere il nome assegnato in precedenza al *Candidatus*.

Le risposte alla seconda domanda, specifica sulla stabilità della nomenclatura, scaturiscono quindi sia dal generale riconoscimento dell'efficacia delle tecniche di sequenziamento che dalla convinzione di mantenere l'isolamento e la verifica del ceppo. Pertanto, l'uso della sequenza genomica come dato aggiuntivo e non esclusivo è rilevato un parametro a favore di una maggiore

stabilità della nomenclatura. Inoltre viene sottolineato il ruolo del sequenziamento per descrivere gli organismi non coltivabili. A tal proposito si sottolinea come il termine di non coltivabile potrebbe essere messo in discussione alla luce dei nuovi lavori di *Culturomics*, riservando pertanto ulteriori sviluppi anche nelle scelte di classificazione.

Il terzo quesito aveva l'obiettivo di sondare la platea dei soggetti interpellati circa l'esperienza di ricerca su procarioti coltivabili e non coltivabili. Si riscontra una netta prevalenza di ricercatori impegnati con procarioti coltivabili, una bassa percentuale di chi lavora in prevalenza con non coltivabili. I risultati di questa risposta possono aiutare ad interpretare il contesto da cui sono scaturite sia le risposte, intese come percentuali, che i commenti relativi e sopra descritti.