

МЕДИЦИНА, ПЕДАГОГИКА И ТЕХНОЛОГИЯ: ТЕОРИЯ И ПРАКТИКА

Researchbib Impact factor: 13.14/2024

SJIF 2024 = 5.444

Том 3, Выпуск 10, Ноябрь

БАКТЕРИАЛЬНАЯ НОМЕНКЛАТУРА: СОВРЕМЕННЫЕ ПОДХОДЫ, ПРОБЛЕМЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ

Xolmurodov Inoyatullo Ismatullayevich

inoyatulloxolmurodov@gmail.com

Mallayev Samandar Abdulla ogli

samandarmallayev1504@gmail.com

Termiz iqtisodiyot va servis universiteti

Tibbiyot fakulteti

Аннотация

В статье рассмотрены основные принципы, историческое развитие и современные тенденции бактериальной номенклатуры. Проанализированы ключевые положения Международного кодекса номенклатуры прокариот (МКНП), описаны особенности типизации бактериальных таксонов, критерии валидной публикации и современные методы, включая молекулярно-генетические технологии, влияющие на систематику бактерий. Особое внимание уделено проблемам нестабильности таксонов, трудностям классификации в условиях стремительного развития геномики и необходимости унификации цифровых данных. Приведены актуальные примеры пересмотра таксонов и обсуждается влияние секвенирования полного генома на будущее номенклатурных процессов.

Ключевые слова: бактериальная номенклатура; классификация прокариот; Международный кодекс номенклатуры прокариот; типовой штамм; таксономия бактерий; геномика; филогенетика.

Введение

Бактерии — одна из наиболее многочисленных и разнообразных групп живых организмов, играющая ключевую роль в экосистемах, биогеохимических циклах и медицине. С увеличением темпов открытия новых видов возникла необходимость в создании строгой и универсальной системы их наименования. Бактериальная номенклатура представляет собой совокупность правил, обеспечивающих стабильность и универсальность использования названий бактериальных таксонов.

МЕДИЦИНА, ПЕДАГОГИКА И ТЕХНОЛОГИЯ: ТЕОРИЯ И ПРАКТИКА

Researchbib Impact factor: 13.14/2024

SJIF 2024 = 5.444

Том 3, Выпуск 10, Ноябрь

Современная номенклатура базируется на Международном кодексе номенклатуры прокариот (МКНП), который регулирует порядок присвоения имен и обязательные требования к их валидной публикации. На рубеже XXI века бурное развитие молекулярных технологий, в первую очередь секвенирования генома, привело к глубокому изменению представлений о систематике бактерий. Множество ранее устоявшихся таксонов получили новые трактовки, а процессы классификации и номенклатуры стали тесно связаны с генетическими методами.

Данное исследование направлено на комплексное рассмотрение теоретических и практических основ бактериальной номенклатуры, ее современного состояния, ключевых проблем и перспектив развития.

Основная часть

1. История развития бактериальной номенклатуры

Первые попытки систематизации бактерий относятся к работам Луи Пастера и Роберта Коха. Однако до середины XX века единой номенклатурной системы не существовало. Лишь в 1947 году был создан первый кодекс, регулирующий наименование бактерий. Значимыми вехами стали:

- 1958 г. — принятие *Международного кодекса номенклатуры бактерий*;
- 1980 г. — публикация *Approved Lists of Bacterial Names*, вводящая валидный старт всех бактериальных таксонов;
- 2000-е гг. — широкое внедрение ДНК–ДНК гибридизации, позже — методики ANI (Average Nucleotide Identity) и цифровых геномных сравнений.

Исторически система опиралась на фенотипические признаки: морфологию, биохимические реакции, патогенность, что нередко приводило к неопределенности. Молекулярные методы постепенно вытесняют фенотипические, формируя новый стандарт номенклатурных подходов.

2. Международный кодекс номенклатуры прокариот (МКНП)

МКНП определяет правила описания, публикации и сохранения названий. Основные принципы включают:

2.1. Принцип приоритета

Наиболее раннее корректно опубликованное название имеет преимущество над более поздними.

2.2. Принцип типизации

МЕДИЦИНА, ПЕДАГОГИКА И ТЕХНОЛОГИЯ: ТЕОРИЯ И ПРАКТИКА

Researchbib Impact factor: 13.14/2024

SJIF 2024 = 5.444

Том 3, Выпуск 10, Ноябрь

Каждый таксон должен иметь тип — эталонный штамм, хранящийся в международных коллекциях микроорганизмов (ATCC, DSMZ и др.).

2.3. Требования к валидной публикации

Название становится валидным, если:

- опубликовано в рецензируемом издании;
- соответствует правилам латинизации;
- сопровождается описанием диагностических признаков;
- типовой штамм доступен двум международным коллекциям;
- название включено в *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (IJSEM)*.

2.4. Иерархический уровень таксонов

Номенклатура охватывает ранги: домен → тип → класс → порядок → семейство → род → вид → подвид.

3. Современные методы классификации и их влияние на номенклатуру

3.1. Молекулярно-генетические методы

Наиболее значимыми стали:

- 16S rRNA-анализ — основа первичного определения филогенетического положения.
- Геномное ANI-сравнение: $\geq 95\text{--}96\%$ ANI соответствует одному виду.
- DDH (Digital DNA–DNA Hybridization): $\geq 70\%$ показывает принадлежность одному виду.
- РОСР, AAI, core-genome phylogeny — применяются для пересмотра родов и семейств.

Эти методы формируют новую парадигму: геномные данные — главный критерий в определении таксонов.

3.2. Ревизия существующих таксонов

В последние годы многие роды были пересмотрены:

- *Bacillus* разделён на более чем 15 новых родов;
- *Clostridium* подвергся масштабной реструктуризации;
- патогенный комплекс *Enterobacter cloacae* разбит на несколько новых видов и родственных групп;
- род *Pseudomonas* также продолжает обновляться с учётом геномных данных.

МЕДИЦИНА, ПЕДАГОГИКА И ТЕХНОЛОГИЯ: ТЕОРИЯ И ПРАКТИКА

Researchbib Impact factor: 13.14/2024

SJIF 2024 = 5.444

Том 3, Выпуск 10, Ноябрь

Эти процессы отражают динамичность системы и её зависимость от молекулярных технологий.

4. Типизация бактерий и её роль в номенклатуре

Типовой штамм — фундамент номенклатуры. Он обеспечивает:

- стабильность названий;
- возможность повторного исследования;
- единый эталон для генетических и фенотипических сравнений.

Требования к типовым штаммам:

- депонирование минимум в двух культуральных коллекциях;
- полное описание фенотипических характеристик;
- доступность исследователям.

Современные подходы требуют также публикации полного генома типового штамма.

5. Проблемы и вызовы современной бактериальной номенклатуры

Несмотря на развитие методов, существуют серьёзные трудности:

5.1. Геномная инфляция таксонов

Доступность секвенирования привела к увеличению числа предложенных таксонов, зачастую без глубокого анализа.

5.2. Конфликты между фенотипом и генотипом

Некоторые виды фенотипически сходны, но геномно различаются (например, представители *E. coli* и *Shigella*).

5.3. Сложности с некультивируемыми бактериями

Большая часть микробного мира неизвестна, многие виды не удаётся вырастить в лаборатории. Недавно предложенная система Candidatus лишь частично решает проблему.

5.4. Отсутствие единой цифровой платформы

Данные о таксонах хранятся в разрозненных базах: LPSN, NCBI Taxonomy, BacDive, GTDB — что создает несогласованности.

6. Перспективы развития бактериальной номенклатуры

Основные направления:

6.1. Полная интеграция геномных данных в МКНП

МЕДИЦИНА, ПЕДАГОГИКА И ТЕХНОЛОГИЯ: ТЕОРИЯ И ПРАКТИКА

Researchbib Impact factor: 13.14/2024

SJIF 2024 = 5.444

Том 3, Выпуск 10, Ноябрь

Будущее — в создании новых критериев на основе:

- pangenome analysis;
- core-genome phylogeny;
- machine learning классификации.

6.2. “Digital type strains” — цифровые типы

Предлагается разрешить использование цифровых геномных данных как типа для некультивируемых бактерий.

6.3. Глобальная интеграция баз данных

Создание универсальной, стандартизированной, открытой платформы для всех прокариотических таксонов.

6.4. Автоматизация номенклатурных процессов

ИИ-инструменты могут обеспечивать:

- автоматическую проверку новых названий;
- анализ соответствия кодексу;
- предварительную классификацию.

Заключение

Бактериальная номенклатура прошла долгий путь от первых фенотипических классификаций до современных геномных методов. Международный кодекс номенклатуры прокариот обеспечивает стабильность и унификацию научной терминологии, однако стремительное развитие молекулярной биологии требует постоянного обновления правил.

Современные тенденции направлены на интеграцию геномных данных, усиление роли полных геномов типовых штаммов, пересмотр устаревших таксонов и создание цифровых подходов для некультивируемых микроорганизмов. Сохранение стабильности, стандартизации и доступности номенклатуры является ключевой задачей для микробиологии XXI века.

Использованная литература

1. International Code of Nomenclature of Prokaryotes (ICNP). Judicial Commission of the International Committee on Systematics of Prokaryotes.
2. Parker C. T., Tindall B. J., Garrity G. M. International Code of Nomenclature of Prokaryotes. IJSEM, 2019.

МЕДИЦИНА, ПЕДАГОГИКА И ТЕХНОЛОГИЯ: ТЕОРИЯ И ПРАКТИКА

Researchbib Impact factor: 13.14/2024

SJIF 2024 = 5.444

Том 3, Выпуск 10, Ноябрь

3. Whitman W. B. Genome-based taxonomy for bacteria and archaea: challenges and opportunities. *Systematic and Applied Microbiology*, 2016.
4. Chun J. et al. Proposed minimal standards for the use of genome data for taxonomy. *Nature Microbiology*, 2018.
5. Parte A. C. LPSN — List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature.
6. Richter M., Rosselló-Móra R. Shifting the genomic gold standard for the prokaryotic species definition. *PNAS*, 2009.
7. Oren A., Garrity G. Valid publication of names of new prokaryotic taxa. *IJSEM*, 2021.
8. Meier-Kolthoff J. P., Göker M. TYGS: automated genome-based taxonomy service. *Nucleic Acids Research*, 2019.
9. Konstantinidis K. T., Tiedje J. M. Genomic insights into species definition for prokaryotes. *PNAS*, 2005.
10. GTDB – Genome Taxonomy Database.