

# Importancia de la taxonomía bacteriana en el diagnóstico microbiológico

## Importance of bacterial taxonomy to microbiological diagnosis

Luis R. Collado González<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile. Valdivia, Chile.

Conflictos de interés: Declaro no tener conflictos de interés en este tema.

Financiamiento: Sin financiamiento.

Recibido: 27 de octubre de 2025 / Aceptado: 22 de diciembre de 2025

### Resumen

La taxonomía o sistemática bacteriana, aunque fundamental en Microbiología, suele ser subestimada por los profesionales de la salud, generando brechas entre diagnóstico e interpretación clínica. Esta disciplina comprende tres pilares: clasificación, nomenclatura e identificación, y ha evolucionado significativamente con la incorporación de métodos moleculares y genómicos, que permiten redefinir especies y descubrir nuevos patógenos. Sin embargo, la escasa actualización, y la limitada integración entre taxónomos y profesionales de la salud, dificultan la implementación de estos avances. Además, los cambios de nomenclatura pueden generar confusión clínica y afectar decisiones terapéuticas si no son correctamente comunicados e integrados de forma gradual en la práctica rutinaria. Algunos ejemplos incluyen la reclasificación de *Enterobacter aerogenes* como *Klebsiella aerogenes*, o la inclusión de *Ochrobactrum* dentro del género *Brucella*. También existen situaciones taxonómicas excepcionales, como *Escherichia coli* y *Shigella* spp., que genéticamente constituyen una misma especie, pero son diferenciables fenotípicamente. Además, la identificación de nuevos patógenos o detección de agentes etiológicos emergentes resalta la importancia de una taxonomía actualizada y funcional. Finalmente, se enfatiza que los profesionales del área clínica deben asumir un rol activo en la actualización taxonómica para garantizar diagnósticos precisos y tratamientos efectivos, utilizando herramientas disponibles como bases de datos y revistas especializadas.

**Palabras clave:** sistemática; nomenclatura; identificación; clasificación

### Abstract

Although fundamental in Microbiology, bacterial taxonomy or systematics tends to be undervalued by healthcare professionals, leading to blind spots in diagnosis and clinical interpretation. This discipline comprises three pillars: classification, nomenclature, and identification, and has advanced considerably with the integration of molecular and genomic methods, enabling the redefinition of species and the discovery of new pathogens. However, sporadic updates and limited collaboration between taxonomists and healthcare professionals impede the implementation of these advances. Changes in nomenclature may also cause clinical confusion and affect therapeutic decisions if they are not effectively communicated and gradually incorporated into standard practice. Some examples include the reclassification of *Enterobacter aerogenes* as *Klebsiella aerogenes*, or the inclusion of *Ochrobactrum* in the genus *Brucella*. There are also exceptional taxonomic instances, such as *Escherichia coli* and *Shigella* spp., which genetically constitute the same species but are phenotypically distinguishable. Furthermore, the discovery of new pathogens and detection of emerging etiological agents underscore the need for an up-to-date and functional taxonomy. Finally, it is essential that clinical professionals actively engage in taxonomic updates to ensure accurate diagnoses and effective treatments, using available tools such as databases and specialized journals.

**Keywords:** systematics; nomenclature; identification; classification

### Correspondencia a:

Luis Roberto Collado González  
luiscollado@uach.cl

## Introducción

**L**a taxonomía –o sistemática– bacteriana es un área de la Microbiología que, a pesar de ser utilizada cotidianamente por los profesionales de la salud, muchas veces es subestimada por los mismos<sup>1</sup>. En términos generales, los profesionales del área tienden a utilizar principalmente los nombres científicos de los patógenos bacterianos tradicionales, y rara vez tienen acceso a instancias de actualización sobre los cambios taxonómicos que se producen internacionalmente. Esta falta de actualización podría tener implicancias directas en la precisión del diagnóstico microbiológico y, en consecuencia, en la selección del tratamiento antimicrobiano más adecuado. Esta situación es, en gran medida, consecuencia de la limitada interacción entre los investigadores enfocados en la taxonomía y diversidad microbiana con los usuarios finales en el ámbito de la salud, quienes suelen percibir la taxonomía y los cambios en la nomenclatura desde perspectivas o intereses distintos<sup>2,3</sup>. De hecho, hace ya más de medio siglo, Samuel T. Cowan –autor del *Manual para la Identificación de Bacterias de Importancia Médica*– describía este fenómeno señalando que ‘la taxonomía está hecha por taxónomos para taxónomos...’<sup>4</sup>.

En los últimos años, algunas revistas científicas, como *Journal of Clinical Microbiology* y *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease*, entre otras, han comenzado a publicar informes periódicos sobre nuevos nombres de patógenos bacterianos o sobre cambios taxonómicos relevantes<sup>5,6</sup>. Por lo tanto, dado que el avance en la taxonomía microbiana es innegable, los profesionales de la salud deben involucrarse de manera proactiva en la asimilación de estos progresos e incorporar dichos cambios en la práctica clínica<sup>7,8</sup>. Por esta razón, el objetivo de esta revisión es ofrecer una instancia de actualización taxonómica orientada a la formación continua del personal sanitario.

## Principales conceptos en taxonomía bacteriana

Para comprender mejor los fundamentos y ejemplos de taxonomía aplicados a la Microbiología Clínica es necesario tener un contexto que resuma los principales conceptos. La taxonomía o sistemática está compuesta de tres áreas interconectadas: Clasificación, Nomenclatura e Identificación<sup>1</sup>. La *clasificación* es el ordenamiento de los microorganismos en grupos (taxones) basado en relaciones de similitud morfológica o parentesco evolutivo, la *nomenclatura* es la rama de la taxonomía que se ocupa de la asignación de nombres a grupos taxonómicos o microorganismos individualizados, de conformidad con normas publicadas y aceptadas por toda la comunidad

científica, especificadas en el Código Internacional de Nomenclatura de Procariotas (ICNP), mientras que la *identificación*, constituye el lado práctico de la taxonomía y consiste en determinar a qué taxón, previamente establecido por la clasificación y nombrado por la nomenclatura, pertenece un microorganismo en particular<sup>1</sup>.

Los esquemas de clasificación y nomenclatura se han mantenido relativamente estables en las últimas décadas. Sin embargo, la introducción de nuevos métodos de caracterización e identificación bacteriana en los laboratorios clínicos ha tenido un impacto significativo en la detección de agentes emergentes y el descubrimiento de nuevos patógenos bacterianos<sup>9</sup>.

La nomenclatura bacteriana está basada en el sistema binomial propuesto por Linneo en el siglo XVIII, y hace referencia a los nombres científicos compuesto de género y especie (ej. género: *Escherichia*, especie: *coli*). Por lo tanto, cada vez que nombramos una especie también estamos nombrando el género. Esto parece simple; sin embargo, detrás de esta simplicidad hay un aspecto muy discutido, ya que probablemente uno de los temas más controversiales es el concepto de especie bacteriana. De hecho, es difícil incluir a los procariotes (bacterias y arqueas) en el “concepto biológico” de especie ya que no presentan reproducción sexual, pero a la vez intercambian información genética a través de Transferencia Horizontal de Genes (THG). En el resto de las especies biológicas (animales, plantas, etc.), un requerimiento principal para definirlas es el aislamiento sexual, lo que implica que dos especies distintas no pueden tener descendencia fértil. Esta discusión controversial escapa de los objetivos más pragmáticos de esta revisión. Por lo tanto, aquí solo se ofrece una explicación práctica del término *especie bacteriana*, el que es definido como una categoría taxonómica que circunscribe poblaciones monofiléticas de individuos, genómica y fenotípicamente coherentes, que pueden discriminarse claramente de otras entidades similares mediante parámetros estandarizados<sup>10</sup>. Esto se debe a que la taxonomía bacteriana se basa en estudios polifásicos, en los cuales se emplea una amplia variedad de datos filogenéticos, fenotípicos, genéticos y/o genómicos. Por lo tanto, además de los estudios moleculares, una especie debe poder ser identificada por caracteres fenotípicos tales como características morfológicas, bioquímicas, fisiológicas o quimiotaxonómicas de los microorganismos<sup>10,11</sup>. Por otra parte, la técnica molecular estándar para delimitar la especie procariota es la hibridación ADN-ADN (en inglés DDH) *in vitro*, ya que la mayoría de las especies procariotas se componen de cepas cuyos valores de DDH sean igual o mayor a 70%. Actualmente, esta técnica experimental se ha sustituido por el cálculo bioinformático de los denominados índices genómicos, todos ellos basados en el análisis de los genomas de las bacterias

en estudio. Entre ellos, uno de los más conocidos es la hibridación ADN-ADN *in silico* o dDDH<sup>1,10</sup>. Otro índice alternativo para la definición de especie es la Identidad Nucleotídica Media (del inglés *Average Nucleotide Identity*-ANI), que representa el promedio de la identidad de secuencia de nucleótidos que muestran todos los genes ortólogos compartidos entre las bacterias en estudio. Se ha comprobado empíricamente que valores de aproximadamente 94-95% de ANI equivalen al valor de 70% de dDDH utilizado para circunscribir una especie bacteriana<sup>1,10</sup>. Sin embargo, el método molecular más conocido o popular de identificación bacteriana es la amplificación y secuenciación del gen ARNr 16S. De hecho, las cepas con valores de identidad de secuencia del ARNr 16S inferiores a 98,65% muestran valores de DDH inferiores a 70% y, por consiguiente, pueden ser consideradas de diferente especie<sup>12</sup>. Sin embargo, cuando dos cepas presentan valores de identidad de secuencia igual o por encima de 98,65% –e incluso de 100%– pueden o no pertenecer a la misma especie. Por lo tanto, es necesario realizar DDH (o alternativamente dDDH o ANI) para dilucidar la vinculación entre cepas<sup>10</sup>. El gen ARNr 16S presenta una tasa de evolución lenta, por lo que muchas veces resulta difícil establecer con suficiente resolución las relaciones filogenéticas entre taxones cuya divergencia es reciente. Por lo tanto, en algunas ocasiones es necesario utilizar algún otro gen alternativo que presente mayor tasa de divergencia y por lo tanto mayor poder de discriminación. Estos genes generalmente son denominados “housekeeping”, los cuales son genes constitutivos, de copia única y con bastante utilidad, tanto en caracterización taxonómica como en estudios de epidemiología molecular. Algunos ejemplos de ellos podrían ser *rpoB*, *atpA*, *hsp60*, entre otros. No obstante, un mayor poder de resolución se puede conseguir mediante la concatenación y análisis filogenético de cinco o más de estos genes, en un método denominado Análisis de Secuencias Multilócticas (del inglés *Multilocus Sequence Analysis*-MLSA)<sup>1</sup>. En los últimos años, gracias al abaratamiento de los costes de secuenciación, el MLSA se ha sustituido por lo que se conoce como análisis filogenómico, consistente en el alineamiento, concatenación y análisis de todos los genes ortólogos comunes a todos los genomas bajo estudio (denominados genes *core*).

En muchas ocasiones las especies bacterianas son fáciles de diferenciar con los métodos clásicos de identificación. Sin embargo, también existen bacterias muy difíciles de identificar, generando lo que conocemos como *complejos de especies*, los cuales son grupos taxonómicos que incluyen a especies diferentes, pero que presentan características fenotípicas muy similares<sup>13</sup>. Como ejemplo de estos grupos podríamos mencionar al complejo *Klebsiella pneumoniae*, complejo *Burkholderia*

*cepacia*, complejo *Enterobacter cloacae*, complejo *Mycobacterium tuberculosis*, complejo *Acinetobacter calcoaceticus*–*baumannii*, entre otros<sup>13</sup>. Este último está conformado por cinco especies que están asociadas con enfermedades humanas, donde *A. baumannii* es el patógeno más importante, responsable de 80% de las infecciones causadas por este complejo. Las especies *A. pittii* y *A. nosocomialis* también se consideran clínicamente importantes y, en menor medida, *A. seifertii* y *A. dijkshoorniae*. Sin embargo, *A. calcoaceticus*, se considera un organismo ambiental no patógeno, que rara vez interviene en la causa de enfermedades, lo que demuestra la necesidad de hacer una identificación adecuada en los laboratorios de diagnóstico<sup>14</sup>. Lamentablemente, los sistemas de identificación comerciales, tales como MALDI-TOF, en muchas ocasiones no son capaces de diferenciar entre especies que conforman un complejo<sup>15</sup>, por lo que es recomendable efectuar pruebas adicionales para confirmar la especie. Un aspecto muy novedoso se está dando en estos grupos taxonómicos debido a que los avances en microbiología diagnóstica han permitido una caracterización más detallada de patógenos clásicos como *Escherichia coli* o *Staphylococcus aureus*, los que también están siendo propuestos o categorizados como complejos de especies<sup>16</sup>.

Otros conceptos taxonómicos relevantes en el diagnóstico microbiológico y la práctica clínica incluyen *Candidatus*, subespecie, genomovar, entre otros. Por ello, se ha incorporado un glosario con definiciones básicas de los términos más utilizados en el área (Tabla 1), así como una figura que muestra la relación jerárquica entre estos rangos o conceptos (Figura 1). De hecho, tal como se observa en la figura, es posible caracterizar por debajo del nivel de especie o subespecie mediante métodos de tipificación fenotípica (ej. serotipificación) o molecular (ej. electroforesis de campo pulsado o PFGE), cuyo objetivo es individualizar un *clon* o un conjunto de cepas (Tabla 1), generalmente con fines epidemiológicos. Actualmente el método más usado es la Tipificación por Secuenciación Multilócica (del inglés *Multilocus Sequencing Typing* -MLST), el que consiste en la amplificación y secuenciación de siete genes “housekeeping” y la consulta en bases de datos (ej. PubMLST <https://pubmlst.org/> o Enterobase <https://enterobase.dsmz.de/>) para asignar un número de alelo a las secuencias obtenidas de cada gen, lo que resulta en un perfil alélico de los siete genes, lo que a su vez se resume en un genotipo o *Secuencia Tipo* (*ST*). La relación entre distintos genotipos se puede establecer cuando dos o más ST comparten el mismo número de alelo en al menos cinco de los siete genes generando un *Complejo Clonal* (*CC*)<sup>13,17</sup>. La metodología expuesta puede simplificarse considerablemente mediante la secuenciación del genoma de las cepas en estudio y la

**Tabla 1. Glosario de los principales conceptos taxonómicos bacterianos**

Concepto	Definición	Ref.
Aislamiento o aislado	Una población de células microbianas de un cultivo puro derivado de una sola colonia en una placa de Petri	17
<i>Candidatus</i>	Estatus provisional para taxones putativos de cualquier rango que no han podido caracterizarse con suficientes detalles para justificar su descripción válida como un nuevo taxón, generalmente debido a que todavía no han logrado ser aislados en cultivo puro, pero para los cuales hay suficiente información disponible para que puedan ser reconocidos y descritos. (ej. " <i>Candidatus Orientia chilensis</i> ")	18
Cepa	Un aislado o grupo de aislados que presentan características fenotípicas y/o genotípicas distintivas de otros aislados de la misma especie. Generalmente se designa con un número. (ej. <i>Escherichia coli</i> K-12)	17
Clon	Un grupo de aislados que descienden de un ancestro común como parte de una cadena de replicación y transmisión de un hospedero a otro o desde el medioambiente al hospedero.	17
Complejo de especie	Grupo taxonómico que incluye a distintas especies que presentan características morfológicas, fisiológicas y bioquímicas muy similares. (ej. Complejo <i>Mycobacterium tuberculosis</i> )	13
Especie	Es una categoría taxonómica que circunscribe poblaciones monofiléticas de individuos, genómica y fenotípicamente coherentes, que pueden discriminarse claramente de otras entidades similares mediante parámetros estandarizados. (ej. <i>Campylobacter fetus</i> )	10
Genomovar = Genoespecie = Genomoespecie	Término usado para agrupar cepas con características genéticas y/o genómicas distintas y que, por lo tanto, probablemente representan especies distintas, pero en las cuales, sin embargo, no se han identificado características fenotípicas que las distingan o diferencien. (ej. <i>Burkholderia cepacia</i> Genomovar I)	19
Patovar=Patotipo	Es una variante patogénica de un grupo taxonómicamente relacionado de microorganismos que colonizan asintomáticamente un hospedero. (ej. <i>Escherichia coli</i> enterohemorrágica o EHEC)	20
Subespecie	Una categoría taxonómica de rango inmediatamente inferior al de especie. Es el rango más bajo al que se aplican las normas del Código Internacional de Nomenclatura de Procariontas (ICNP). (Ej. <i>Campylobacter fetus</i> subsp. <i>venerealis</i> )	11

### Rangos taxonómicos jerárquicos más utilizados en la práctica clínica

...Familia

Género

Especie (*Candidatus* a especie, complejo de especie)  
Subespecie

### Designaciones infrasubespecíficas

...Serotipo, Patovar etc.

Aislamiento

Cepa

Clon

**Figura 1.** Conceptos de sistematica con utilidad en el diagnóstico bacteriológico.

consulta directa en bases de datos. Además, permite analizar un mayor número de genes, como los genes centrales compartidos entre cepas mediante *cgMLST* (*core-genome MLST*) o bien, tanto los genes centrales como los accesorios del genoma completo mediante *wgMLST* (*whole-genome MLST*), lo que ofrece una resolución más alta y una discriminación mucho más fina entre cepas bacterianas<sup>17</sup>.

### Relevancia de la taxonomía en el diagnóstico bacteriológico

Para comprender la importancia de la taxonomía o sistemática en el diagnóstico microbiológico, es importante considerar por qué es relevante que los profesionales de salud sean conocedores de la taxonomía de los microorganismos. Para esto, podría enumerar una serie de razones

para justificar su importancia. Sin embargo, las principales son las siguientes:

#### ***La taxonomía permite un “lenguaje común” entre profesionales de la salud***

La nomenclatura y la clasificación son las piedras angulares de la Microbiología Clínica y de la Salud Pública mediante las cuales los laboratorios de diagnóstico de todo el mundo se comunican entre sí con respecto a la detección, identificación, diagnóstico, pronóstico, tratamiento, transmisión y epidemiología de las enfermedades infecciosas<sup>6</sup>. De hecho, la identificación correcta de los agentes etiológicos de las infecciones humanas, junto con informes de laboratorio precisos e inequívocos, son fundamentales para optimizar los resultados clínicos<sup>21</sup>. En el contexto de la Microbiología Clínica, el categorizar y nombrar los microorganismos tiene como objetivo proporcionar un lenguaje preciso para la comunicación entre los microbiólogos y los profesionales de la salud<sup>3</sup>.

Las bacterias reciben nombres descriptivos según sus características fenotípicas (ej. *Aeromonas*, un organismo unicelular [=“monas”] que produce gas [=“aér”]), o según el hábitat donde normalmente se encuentran (ej. *Enterococcus*), o enfermedad o síntomas producidos (ej. *Mycobacterium tuberculosis*). También pueden nombrarse en honor a personas o epónimos (ej. *Escherichia*, *Yersinia*, *Pasteurella*, etc.), nombre del lugar donde se aislaron o identificaron por primera vez o topónimos (ej. *Massilia*, en referencia a Marsella) o en referencia a organizaciones (ej. *Cedecea*, en alusión a los CDC)<sup>22,23</sup>. Cualquier nombre bacteriano descrito en un artículo de la revista científica *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (IJSEM), o bien incluido en las listas de validación de esta revista, es considerado válidamente publicado. Se estima que cada año se publican alrededor de 600 a 1.000 nombres de nuevos taxones bacterianos<sup>1</sup> y todos los nombres existentes se pueden consultar en la base de datos LPSN (*List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature*), el que es un repositorio en línea (<https://www.bacterio.net/>), que se actualiza periódicamente.

#### ***Las bacterias pueden experimentar cambios de nomenclatura, lo cual tiene un impacto en la comunicación***

Uno de los aspectos de la sistemática bacteriana que puede tener mayor impacto en la práctica clínica es el cambio de los nombres científicos de los patógenos. Esto ocurre principalmente por el desarrollo y utilización de metodologías diagnósticas con mayor poder de discriminación que permiten reevaluar la clasificación de las bacterias y, eventualmente, llevar a cabo una reestructuración taxonómica de ellas. En algunas ocasiones, estos cambios implican la reclasificación de un pató-

geno a otra especie o género. Sin embargo, en otras ocasiones las modificaciones son más profundas y pueden incluso significar un cambio a niveles jerárquicos más altos, tal como la reciente división de la familia *Enterobacteriaceae*, para la cual se tuvieron que crear seis familias adicionales: *Erwiniaceae*, *Pectobacteriaceae*, *Yersiniaceae*, *Hafniaceae*, *Morganellaceae*, y *Budiviciaceae*<sup>24</sup>. Por consiguiente, para referirse actualmente a todas esas familias en conjunto lo más adecuado es hacer referencia al orden *Enterobacterales*. Como veremos más adelante, muchos de estos cambios son evitados con la finalidad de no producir caos y confusión en la práctica clínica. Sin embargo, en algunas ocasiones las reclasificaciones son necesarias, ya que aportan importantes beneficios<sup>25</sup>. En este caso, los cambios se deben realizar de una forma oficial, ordenada y con la finalidad de que la comunidad científica y los profesionales involucrados vayan aceptando e incorporando estos cambios a su rutina laboral<sup>6,26</sup>.

Para evitar las consecuencias negativas que pudiese tener la modificación de los nombres de los patógenos, se hace necesario el uso de ciertas medidas mitigantes para limitar la confusión clínica. Un ejemplo de esto es la reclasificación de *Clostridium difficile* como *Clostridioides difficile*, donde, a pesar de que hubo un cambio de nomenclatura a nivel de género, el nombre del nuevo género se diseñó con una estructura fonética muy similar e incluso se conservó la letra “C” inicial del género con la idea de poder seguir designándolo de forma abreviada como *C. difficile*<sup>27</sup>. Otro ejemplo similar es la reciente división del género *Mycobacterium*, del cual surgieron cuatro géneros nuevos (*Mycobacterium*, *Mycolicibacillus*, *Mycobacteroides* y *Mycolicibacter*) además del ya existente género *Mycobacterium*, todos ellos con una estructura fonética similar y pudiéndose abreviar como *Myc.* o *M.*, tal como se hacía antes de la reclasificación, evitando así cualquier consecuencia negativa derivada del cambio de nomenclatura<sup>28</sup>. Lamentablemente, no siempre esta transición de nombres microbianos ocurre de forma tan eficiente o sin complicaciones posteriores.

En 2017, se propuso la transferencia de la especie *Enterobacter aerogenes* al género *Klebsiella*, como *Klebsiella aerogenes*, después de que la secuenciación de su genoma demostrara que este organismo era más similar al género *Klebsiella* que a *Enterobacter*<sup>29</sup>. Este cambio de nomenclatura ha tenido un impacto considerable en Microbiología Clínica debido a la actividad inducible de la β-lactamasa AmpC descrita para el género *Enterobacter*, generando la preocupación de que los médicos podrían no reconocer la capacidad de producir este mecanismo de resistencia en *K. aerogenes* y podrían seleccionar una terapia inapropiada, lo que afectaría negativamente la atención al paciente<sup>3</sup>. De hecho, un estudio reciente que involucró más de 700 aislados clínicos demostró que *K. aerogenes* presentó perfiles de susceptibilidad

antimicrobiana mucho más parecidos al complejo *Enterobacter cloacae* que a *Klebsiella pneumoniae*<sup>7</sup>, lo que nos hace cuestionar si era realmente necesario hacer esta reclasificación. Otro cambio taxonómico reciente con implicancia clínica corresponde a la reclasificación e inclusión del género *Ochrobactrum* (un grupo de microorganismos de vida libre sin importancia médica) en el género *Brucella*, patógeno intracelular, este segundo, de gran relevancia clínica. Esta restructuración taxonómica ha sido cuestionada y refutada alertando de las posibles consecuencias clínicas<sup>30</sup>.

Para minimizar el impacto de un cambio de nomenclatura, el nombre más antiguo (que sigue siendo científicamente válido) también se puede agregar entre paréntesis junto con el nombre más reciente<sup>6,25,26</sup>. De hecho, haciendo referencia al caso controversial entre *E. aerogenes/K. aerogenes*, Carroll y cols.<sup>8</sup> indican que “...en nuestra práctica de laboratorio, informamos ambos nombres y añadimos el siguiente comentario: «*Klebsiella aerogenes* (anteriormente *Enterobacter aerogenes*), puede desarrollar rápidamente resistencia durante el tratamiento con cefalosporinas de tercera generación (ej., ceftriaxona, ceftazidima) debido a la producción de β-lactamasas AmpC. Esto no aplica a cefepime»”.

Tal ha sido la relevancia e impacto que han tenido los cambios taxonómicos bacterianos que incluso se ha llegado a conformar recientemente un Comité *ad hoc* para la Mitigación de Cambios en la Nomenclatura Procariota, bajo el auspicio del Comité Internacional de Sistemática de Procariotas (ICSP)<sup>2</sup>. Por lo tanto, es de esperar que futuros cambios taxonómicos sean revisados por dichos expertos, considerando principalmente las consecuencias de los cambios propuestos antes de ser aceptados.

Además, recientemente el *Clinical & Laboratory Standards Institute* (CLSI) ha publicado la primera edición del documento M64 como una guía para la implementación de cambios de nomenclatura taxonómica<sup>31</sup>.

La Tabla 2 resume una selección de bacterias de importancia médica en las cuales se han generado cambios taxonómicos relevantes en los últimos 25 años.

Esta revisión está enfocada en la taxonomía bacteriana. Sin embargo, se debe tener en cuenta que los cambios en la clasificación y nomenclatura son constantes y afectan a todos los microorganismos. De hecho, recientemente se han producido importantes y profundos cambios en taxonomía de hongos y virus con la consecuente implicancia en el diagnóstico micológico<sup>21</sup> y viral<sup>42</sup>.

#### *Existen taxones bacterianos emergentes y nuevas especies patógenas desconocidas por el personal de salud*

Los patógenos bacterianos tradicionales o clásicos son en realidad un pequeño grupo de especies. Sin embargo, constantemente se están descubriendo patógenos nuevos o emergentes debido a una serie de razones tales como el desarrollo de nuevas herramientas de diagnóstico, el aumento de la exposición humana a patógenos bacterianos y la aparición de cepas bacterianas más virulentas e infecciones oportunistas<sup>9</sup>.

Un estudio que ejemplifica perfectamente la diversidad de patógenos desconocidos se realizó en la Universidad de Utah, Estados Unidos de América-E.U.A., donde analizaron mediante secuenciación de ADN alrededor de 26.000 aislados bacterianos obtenidos durante cuatro años en distintos hospitales de E.U.A. y se determinaron 673 potenciales nuevas especies bacterianas, de las cuales 111

**Tabla 2. Cambios de nomenclatura de algunas especies bacterianas seleccionadas de importancia clínica, en los últimos 25 años**

Nombre(s) antiguo(s)	Nombre nuevo	Año del cambio	Referencia
<i>Klebsiella planticola</i>	<i>Raoultella planticola</i>	2001	32
<i>Chryseobacterium meningosepticum</i>	<i>Elizabethkingia meningoseptica</i>	2005	33
<i>Actinobacillus actinomycetemcomitans</i> > <i>Haemophilus actinomycetemcomitans</i>	<i>Aggregatibacter actinomycetemcomitans</i>	2006	34
<i>Enterobacter sakazakii</i>	<i>Cronobacter sakazakii</i>	2008	35
<i>Bacteroides ureolyticus</i>	<i>Campylobacter ureolyticus</i>	2010	36
<i>Enterobacter amnigenus</i>	<i>Lelliottia amnigena</i>	2013	37
<i>Borrelia burgdorferi</i>	<i>Borrelia burgdorferi</i>	2014	38
<i>Clostridium difficile</i>	<i>Clostridioides difficile</i>	2016	27
<i>Propionibacterium acnes</i>	<i>Cutibacterium acnes</i>	2016	39
<i>Enterobacter aerogenes</i>	<i>Klebsiella aerogenes</i>	2017	29
<i>Corynebacterium diphtheriae</i> biovar Belfanti	<i>Corynebacterium belfanti</i>	2018	40
<i>Mycoplasma genitalium</i>	<i>Mycoplasma genitalium</i>	2018	41

correspondían, además, a géneros nuevos, siendo aislados principalmente de hemocultivos<sup>43</sup>. Estos hallazgos sugieren que, en el contexto del diagnóstico microbiológico, es altamente probable que nuevas especies bacterianas sean aisladas de forma rutinaria. No obstante, nuestra capacidad de detección e identificación de dichos taxones dependerá de las capacidades tecnológicas disponibles para su caracterización.

Se han hecho varios intentos de resumir la diversidad de patógenos bacterianos implicados en enfermedades humanas y los números son muy variables. De hecho, en una revisión publicada en el año 2007 se reportaron 541 especies bacterianas patógenas para los humanos<sup>44</sup>. Sin embargo, una publicación reciente proporciona una lista completa de todos los patógenos bacterianos que infectan a los humanos, reportando un número superior a las 1.500 especies<sup>45</sup>.

La Tabla 3 muestra un resumen de algunos patógenos bacterianos descritos en los últimos 25 años. En este punto, el lector puede hacer un ejercicio de autoevaluación y contestar, ¿cuántos de estos nuevos patógenos conocía antes de leer este artículo? Probablemente, la respuesta sea un reflejo de la necesidad de actualizaciones en taxonomía de los microorganismos.

Existen diversos desafíos a nivel latinoamericano para lograr un mejor conocimiento de nuestra biodiversidad microbiana, en particular de patógenos nuevos o emergentes. De hecho, al comparar el número de taxónomos que han descrito nuevos taxones bacterianos en Latinoamérica durante las últimas décadas, se observa que la región se encuentra muy por detrás de Asia, Europa, Norteamérica y Oceanía<sup>53</sup>. Lo que resalta la importancia de describir nuestros propios microorganismos (ej. *Candidatus Orientia chiloensis*)<sup>52</sup>.

Se debe tener en cuenta que los nuevos patógenos bacterianos muchas veces son reconocidos como tal varios

años después de su descripción taxonómica, ya que las descripciones de especies generalmente incluyen muy poca información clínica de los pacientes (a excepción de brotes a gran escala) o sobre la virulencia o patogenicidad del microorganismo que está siendo propuesto<sup>6</sup>. Sin embargo, este aspecto es tan relevante que incluso hay varias revistas científicas especializadas en el reporte de patógenos nuevos o emergentes (ej. *Emerging Infectious Diseases*, *New Microbes and New Infections*, etc.). No obstante, al igual que los cambios de nomenclaturas, esta información también se demora en llegar a los profesionales de salud.

### **Situaciones taxonómicas especiales en Bacteriología clínica**

En Bacteriología clínica existen diversos ejemplos de ciertas situaciones excepcionales, que son ampliamente conocidas y aceptadas, a pesar de incumplir reglas esenciales de la taxonomía bacteriana. Estas situaciones taxonómicas especiales no son corregidas para evitar cambiar años de historia de ciertas enfermedades infecciosas tan relevantes como la peste negra o la tos ferina, entre otras.

El caso de *E. coli* y *Shigella* spp. es muy interesante, ya que los distintos métodos de identificación bacteriana más modernos (MALDI-TOF, secuenciación del gen ARNr 16S, etc.) no son capaces de diferenciarlas. Esto se debe a que, en un sentido estrictamente taxonómico, *E. coli* y *Shigella* spp. son la misma especie, pero se han mantenido convenientemente como géneros diferentes por razones médicas, ya que presentan cuadros clínicos distintos<sup>8</sup>. Además, tienen una historia de más de 100 años donde han sido conocidas como microorganismos diferentes. Paradójicamente, estos dos taxones son diferenciables por las clásicas baterías de identificación bioquímica. Esto se debe a la evolución de las especies de *Shigella*, las cuales proceden de una *E. coli* ancestral que adquirió un plásmido de virulencia y luego perdió varios genes codificantes del

**Tabla 3. Resumen de algunos taxones bacterianos de importancia clínica descritos en los últimos 25 años**

Año descripción	Especie	Enfermedad asociada	Referencia
2001	<i>Tropheryma whipplei</i>	Enfermedad de Whipple	46
2003	<i>Escherichia albertii</i>	Gastroenteritis	47
2004	" <i>Candidatus Neoehrlichia mikurensis</i> "	Neoehrlichiosis	48
2007	<i>Waddlia chondrophila</i>	Aborto	49*
2012	<i>Helicobacter heilmannii</i>	Gastritis	50
2014	<i>Klebsiella quasipneumoniae</i>	Infección asociada a la atención médica (IAAS)	51
2020	" <i>Candidatus Orientia chiloensis</i> "	Tifus de los matorrales	52

\*Anteriormente había sido descrito produciendo abortos bovinos.

flagelo y de vías metabólicas. Por ello, a diferencia de *E. coli*, *Shigella* spp. son bacterias inmóviles y lactosa negativas, entre otras características diferenciales. Sin embargo, estas diferencias no las trasforman en un taxón distinto de *E. coli*<sup>54</sup>. A pesar de esto, lo más probable es que se mantengan clasificadas como taxones diferentes desde un punto de vista pragmático.

Otro caso clásico de controversia taxonómica pertenece al género *Yersinia*, ya que, en estricto rigor, *Yersinia pestis* es un clon emergente de *Yersinia pseudotuberculosis*. De hecho, estas especies son indistinguibles mediante análisis DDH o MLSA<sup>11</sup>. En algún momento incluso se llegó a proponer el nombre *Yersinia pseudotuberculosis* subsp. *pestis*<sup>55</sup>. Sin embargo, posteriormente fue rechazado por la Comisión Judicial del ICSP al considerarse un *nomen periculosum* (nombre peligroso), ya que violaba un principio del ICNP, el cual indica que se debe “evitar o rechazar el uso de nombres científicos que puedan causar error o confusión”. Por lo tanto, ambos taxones se siguen considerando especies distintas. Otros ejemplos similares corresponden a *Burkholderia mallei* y *Burkholderia pseudomallei* o a las especies *Bordetella pertussis* y *Bordetella bronchiseptica*, las cuales son diferenciables fenotípicamente, pero muestran valores de DDH mayores a 80%<sup>11</sup>. Estos ejemplos ponen en evidencia que la taxonomía bacteriana, aunque guiada por reglas estrictas, también debe adaptarse a la realidad clínica y a la historia de la medicina o de las enfermedades infecciosas, equilibrando el rigor científico con la necesidad pragmática de mantener una terminología estable y clínicamente útil.

## Conclusiones y Perspectivas

Es responsabilidad de los profesionales de la salud el actualizarse con relación a los cambios taxonómicos que están experimentando constantemente los microorganismos, ya que el no hacerlo implica un riesgo en la interpretación de los resultados de laboratorio, la elección de un tratamiento antimicrobiano adecuado, etc. De igual manera, debería fortalecerse el compromiso de los taxónomos con la difusión de la información generada en la descripción de nuevos patógenos o en la reclasificación de estos, ya que los antecedentes expuestos evidencian que la sola publicación de la investigación taxonómica no es suficiente. De hecho, ese justamente es uno de los objetivos de este artículo. No obstante, se debe tener en cuenta que esta revisión presenta limitaciones importantes, ya que solamente está enfocada en ejemplos “selectos” de algunos cambios taxonómicos ocurridos en el último cuarto de siglo. Por lo tanto, lo aquí expuesto debe analizarse con prudencia y entendiendo que para mayor detalle es necesario realizar actualizaciones periódicas aprovechando diversos recursos tales como revistas científicas especializadas, bases de datos *online* o guías de diagnóstico microbiológico mencionados en esta revisión.

*Agradecimientos.* El autor agradece a los revisores anónimos de este manuscrito.

## Referencias bibliográficas

- Lawson PA, Tyrrell KL (2019). Chapter 18. Taxonomy of Bacteria and Archaea. In Manual of Clinical Microbiology 12th Ed. ASM Press.
- Patrick S, Filkins L, Goker M, Holden N, Hoskisson P.A, Kiepas A, et al. ‘What’s in a name? Fit-for-purpose bacterial nomenclature’: meeting report. Int J Syst Evol Microbiol. 2025; 75(7): 006844. doi: 10.1099/ijsem.0.006844.
- Prinzi AM, Moore NM. Change of plans: overview of bacterial taxonomy, recent changes of medical importance, and potential areas of impact. Open Forum Infect Dis. 2023; 10(7): ofad269. doi: 10.1093/ofid/ofad269.
- Cowan ST. Sense and nonsense in bacterial taxonomy. J Gen Microbiol 1971; 67: 1-8. doi: 10.1099/00221287-67-1-1.
- Carella A, Carroll KC, Munson E. Update on novel validly published and included bacterial taxa derived from human clinical specimens and taxonomic revisions published in 2023. J Clin Microbiol. 2024; 11; 62(12): e0100424. doi: 10.1128/jcm.01004-24.
- Janda JM. Clinical Decisions: how relevant is modern bacterial taxonomy for clinical microbiologists? Clin Microbiol Newsl. 2018; 40(7): 51-7. doi.org/10.1016/j.clinmicnews.2018.03.005.
- Munson E. Microbial taxonomy revision: enough is enough! Or is it? Clin Chem. 2022; 68(1): 138-42. doi: 10.1093/clinchem/hvac189.
- Carroll KC, Munson E, Butler-Wu SM, Patrick S. Point-counterpoint: what’s in a Name? Clinical microbiology laboratories should use nomenclature based on current taxonomy. J Clin Microbiol. 2023; 61(1): e017322. doi: 10.1128/jcm.01732-22.
- Vouga M, Greub G. Emerging bacterial pathogens: the past and beyond. Clin Microbiol Infect. 2016; 22(1): 12-21. doi:10.1016/j.cmi.2015.10.010.
- Rosselló-Móra R, Amann R. Past and future species definitions for Bacteria and Archaea. Syst Appl Microbiol. 2015; 38(4): 209-16. doi: 10.1016/j.syapm.2015.02.001.
- Vandamme P. Chapter 17. Taxonomy and Classification of Bacteria. 2015. In Manual of Clinical Microbiology. ASM Press. doi: org/10.1128/9781555817381.ch17
- Kim M, Oh HS, Park SC, Chun J. Towards a taxonomic coherence between average nucleotide identity and 16S rRNA gene sequence similarity for species demarcation of prokaryotes. Int J Syst Evol Microbiol. 2014; 64: 346-51. doi: 10.1099/ijss.0.059774-0.
- Almeida LA, Araujo R. Highlights on molecular identification of closely related species. Infect Genet Evol. 2013; 13: 67-75. doi: 10.1016/j.meegid.2012.08.011.
- Benoit T, Sajjad D, Cloutier M, Lapen D, Craiovan E, Sykes E, et al. *Acinetobacter calcoaceticus-baumannii* complex prevalence, spatial-temporal distribution, and contamination sources in Canadian aquatic environments. Microbiol Spectr. 2024; 12(10): e0150924. doi: 10.1128/spectrum.01509-24.
- Rocca MF, Danze D, D Angiolo G, Etcheverry P, Martínez C, Prieto M. MALDI-TOF MS experience with the identification of complex microorganisms using two devices in a National Reference Laboratory. Microbiol

- Spectr. 2025; 13(5): e0167724. doi: 10.1128/spectrum.01677-24.
16. Yan A, Kus JV, Sant N. The *Staphylococcus aureus* complex: implications for the clinical microbiology laboratory. J Clin Microbiol. 2025; 63(7): e0127624. doi: 10.1128/jcm.01276-24.
17. Trees E, Fei T, MacCannell D, Rota P, Gerner-Smidt P. (2019). Chapter 11. Molecular Epidemiology. In Manual of Clinical Microbiology 12th Ed. ASM Press.
18. Murray RG, Stackebrandt E. Taxonomic note: implementation of the provisional status *Candidatus* for incompletely described prokaryotes. Int J Syst Bacteriol. 1995; 45: 186-7. doi: 10.1099/00207713-45-1-186.
19. Ursing JB, Rosselló-Mora RA, García-Valdés E, Lalucat J. Taxonomic note: a pragmatic approach to the nomenclature of phenotypically similar genomic groups. Int J Syst Bacteriol. 1995; 45: 604. doi.org/10.1099/00207713-45-3-604.
20. Riley LW. Distinguishing pathovars from nonpathovars: *Escherichia coli*. Microbiol Spectr. 2020; 8(4): AME-0014-2020. doi: 10.1128/microbiolspec.AME-0014-2020.
21. Borman AM, Johnson EM. Changes in fungal taxonomy: mycological rationale and clinical implications. Clin Microbiol Rev. 2023; 36(4): e000992. doi: 10.1128/cmr.00099-22.
22. Pallen MJ. Bacterial nomenclature in the era of genomics. New Microbes New Infect. 2021; 44: 100942. doi.org/10.1016/j.nmni.2021.100942.
23. Kazmi Y. The etymology of microbial nomenclature and the diseases these cause in a historical perspective. Saudi J Biol Sci. 2022; 11: 103454. doi: 10.1016/j.sjbs.2022.103454.
24. Adeolu M, Alnajar S, Naushad S, Gupta RS. Genome-based phylogeny and taxonomy of the ‘*Enterobacteriales*’: proposal for *Enterobacterales* ord. nov. divided into the families *Enterobacteriaceae*, *Erwiniaaceae* fam. nov., *Pectobacteriaceae* fam. nov., *Yersiniaceae* fam. nov., *Hafniaeae* fam. nov., *Morganellaceae* fam. nov., and *Budviciaceae* fam. nov. Int J Syst Evol Microbiol. 2016; 66(12): 5575-99. doi: 10.1099/ijsem.0.001485.
25. Gupta RS. Microbial taxonomy: how and why name changes occur and their significance for (clinical) microbiology. Clin Chem. 2021; 68(1): 134-7. doi: 10.1093/clinchem/hvab188.
26. Fenwick AJ, Carroll KC. Practical problems when incorporating rapidly changing microbial taxonomy into clinical practice. Clin Chem Lab Med. 2019; 57(9): e238-e240. doi: 10.1515/clcm-2018-1068.
27. Lawson PA, Citron DM, Tyrrell KL, Finegold SM. Reclassification of *Clostridium difficile* as *Clostridioides difficile* (Hall and O’Toole 1935) Prévot 1938. Anaerobe. 2016; 40: 95-9. doi: 10.1016/j.anaerobe.2016.06.008.
28. Gupta RS, Lo B, Son J. Phylogenomics and comparative genomic studies robustly support division of the genus *Mycobacterium* into an emended genus *Mycobacterium* and four novel genera. Front Microbiol. 2018; 9: 67. doi: 10.3389/fmicb.2018.00067.
29. Tindall BJ, Sutton G, Garrity GM. *Enterobacter aerogenes* Hormaeche and Edwards 1960 (Approved Lists 1980) and *Klebsiella mobilis* Bascomb et al. 1971 (Approved Lists 1980) share the same nomenclatural type (ATCC 13048) on the 4 Approved Lists and are homotypic synonyms, with consequences for the name *Klebsiella mobilis* Bascomb et al. 1971 (Approved Lists 1980.). Int J Syst Evol Microbiol. 2017; 67: 502-4. doi: 10.1099/ijsem.0.001572.
30. Moreno E, Blasco JM, Letesson JJ, Gorvel JP, Moriyón I. Pathogenicity and Its implications in taxonomy: The *Brucella* and *Ochrobactrum* Case. Pathogens. 2022; 11(3): 377. doi: 10.3390/pathogens11030377.
31. CLSI. Implementation of taxonomy nomenclature changes. 1<sup>st</sup> ed. CLSI Guideline M64. Clinical and Laboratory Standards Institute, 2024.
32. Drancourt M, Bollet C, Carta A, Rousselier P. Phylogenetic analyses of *Klebsiella* species delineate *Klebsiella* and *Raoultella* gen. nov., with description of *Raoultella ornithinolytica* comb. nov., *Raoultella terrigena* comb. nov. and *Raoultella planticola* comb. Nov. Int J Syst Evol Microbiol. 2001; 51(Pt 3): 925-932. doi: 10.1099/00207713-51-3-925.
33. Kim KK, Kim MK, Lim JH, Park HY, Lee ST. Transfer of *Chryseobacterium meningosepticum* and *Chryseobacterium miricola* to *Elizabethkingia* gen. nov. as *Elizabethkingia meningoseptica* comb. nov. and *Elizabethkingia miricola* comb. nov. Int J Syst Evol Microbiol. 2005; 55(Pt 3): 1287-93. doi: 10.1099/ijsem.0.63541-0.
34. Nørskov-Lauritsen N, Kilian M. Reclassification of *Actinobacillus actinomycetemcomitans*, *Haemophilus aphrophilus*, *Haemophilus paraphilous* and *Haemophilus segnis* as *Aggregatibacter actinomycetemcomitans* gen. nov., comb. nov., *Aggregatibacter aphrophilus* comb. nov. and *Aggregatibacter segnis* comb. nov., and emended description of *Aggregatibacter aphrophilus* to include V factor-dependent and V factor-independent isolates. Int J Syst Evol Microbiol. 2006; 56(Pt 9): 2135-46. doi: 10.1099/ijsem.0.64207-0.
35. Iversen C, Mullane N, McCardell B, Tall B, Lehner A, Fanning S, et al. *Cronobacter* gen. nov., a new genus to accommodate the biogroups of *Enterobacter sakazakii*, and proposal of *Cronobacter sakazakii* gen. nov., comb. nov., *Cronobacter malonicus* sp. nov., *Cronobacter turicensis* sp. nov., *Cronobacter* *muytjensii* sp. nov., *Cronobacter dublinensis* sp. nov., *Cronobacter* genospecies 1, and of three subspecies, *Cronobacter dublinensis* subsp. *dublinensis* subsp. nov., *Cronobacter dublinensis* subsp. *lausannensis* subsp. nov. and *Cronobacter dublinensis* subsp. *lactaridi* subsp. nov. Int J Syst Evol Microbiol. 2008; 58(Pt 6): 1442-7. doi: 10.1099/ijsem.0.65577-0.
36. Vandamme P, Debruyne L, De Brandt E, Falsen E. Reclassification of *Bacteroides ureolyticus* as *Campylobacter ureolyticus* comb. nov., and emended description of the genus *Campylobacter*. Int J Syst Evol Microbiol. 2010; 60(Pt 9): 2016-22. doi: 10.1099/ijsem.0.017152-0.
37. Brady C, Cleenwerck I, Venter S, Coutinho T, De Vos P. Taxonomic evaluation of the genus *Enterobacter* based on multilocus sequence analysis (MLSA): proposal to reclassify *E. nimipressuralis* and *E. amnigenus* into *Lelliottia* gen. nov. as *Lelliottia nimipressuralis* comb. nov. and *Lelliottia amnigena* comb. nov., respectively, *E. gergoviae* and *E. pyrinus* into *Pluralibacter* gen. nov. as *Pluralibacter gergoviae* comb. nov. and *Pluralibacter pyrinus* comb. nov., respectively, *E. cowanii*, *E. radicincitans*, *E. oryzae* and *E. arachidis* into *Kosakonia* gen. nov. as *Kosakonia cowanii* comb. nov., *Kosakonia radicincitans* comb. nov., *Kosakonia oryzae* comb. nov. and *Kosakonia arachidis* comb. nov., respectively, and *E. turicensis*, *E. helveticus* and *E. pulveris* into *Cronobacter* as *Cronobacter zurichensis* nom. nov., *Cronobacter helveticus* comb. nov. and *Cronobacter pulveris* comb. nov., respectively, and emended description of the genera *Enterobacter* and *Cronobacter*. Syst Appl Microbiol. 2013; 36(5): 309-19. doi: 10.1016/j.syapm.2013.03.005.
38. Adeolu M, Gupta RS. A phylogenomic and molecular marker based proposal for the division of the genus *Borrelia* into two genera: The emended genus *Borrelia* containing only the members of the relapsing fever *Borrelia*, and the genus *Borrelia* gen. nov. containing the members of the Lyme disease *Borrelia* (*Borrelia burgdorferi* sensu lato complex). Antonia van Leeuwenhoek. 2014; 105: 1049-72. doi: 10.1007/s10482-014-0164-x.
39. Scholz CFP, Kilian M. The natural history of cutaneous propionibacteria, and reclassification of selected species within the genus *Propionibacterium* to the proposed novel genera *Acidipropionibacterium* gen. nov., *Cutibacterium* gen. nov. and *Pseudopropionibacterium* gen. nov. Int J Syst Evol Microbiol. 2016; 66(11): 4422-32. doi: 10.1099/ijsem.0.001367.
40. Dazas M, Badell E, Carmi-Leroy A, Criscuolo A, Brisse S. Taxonomic status of

- Corynebacterium diphtheriae* biovar Belfanti and proposal of *Corynebacterium belfanti* sp. nov. Int J Syst Evol Microbiol. 2018; 68(12): 3826-31. doi: 10.1099/ijsem.0.003069.
41. Gupta R, Sawnani S, Adeolu M, Alnajar S, Oren A. Phylogenetic framework for the phylum *Tenericutes* based on genome sequence data: proposal for the creation of a new order *Mycoplasmoidales* ord. nov., containing two new families *Mycoplasmoidaceae* fam. nov. and *Metamykoplasmataceae* fam. nov. harbouring *Eperythrozoon*, *Ureaplasma* and five novel genera. Antonie Van Leeuwenhoek. 2018; 111(9): 1583-630. doi: 10.1007/s10482-018-1047-3.
42. Zerbini F, Simmonds P, Adriaenssens E, Lefkowitz E, Oksanen H, Alfenas-Zerbini P, et al. Virus species names have been standardized; virus names remain unchanged. mSphere. 2025; 10(5): e0002025. doi: 10.1128/msphere.00020-25.
43. Schlaberg R, Simmon KE, Fisher MA. A systematic approach for discovering novel, clinically relevant bacteria. Emerg Infect Dis. 2012; 18(3): 422-30. doi: 10.3201/eid1803.111481.
44. Woolhouse M, Gaunt E. Ecological origins of novel human pathogens. Crit Rev Microbiol. 2007; 33(4): 231-42. doi: 10.1080/10408410701647560.
45. Bartlett A, Padfield D, Lear L, Bendall R, Vos M. A comprehensive list of bacterial pathogens infecting humans. Microbiology (Reading). 2022; 168(12). doi: 10.1099/mic.0.001269.
46. La Scola B, Fenollar F, Fournier P.E, Altweig M, Mallet MN, Raoult D. Description of *Tropheryma whipplei* gen. nov., sp. nov., the Whipple's disease bacillus. Int J Syst Evol Microbiol. 2001; 51(Pt 4): 1471-9. doi: 10.1099/00207713-51-4-1471.
47. Huys G, Cnockaert M, Janda J. M, Swings J. *Escherichia albertii* sp. nov., a diarrhoeagenic species isolated from stool specimens of Bangladeshi children. Int J Syst Evol Microbiol. 2003; 53(Pt 3): 807-10. doi: 10.1099/ijss.0.02475-0.
48. Kawahara M, Rikihsia Y, Isogai E, Takahashi M, Misumi H, Suto C, et al. Ultrastructure and phylogenetic analysis of 'Candidatus Neochrlichia mikurensis' in the family *Anaplastomataceae*, isolated from wild rats and found in *Ixodes ovatus* ticks. Int J Syst Evol Microbiol. 2004; 54(Pt 5): 1837-43. doi: 10.1099/ijss.0.63260-0.
49. Baud D, Thomas V, Arafa A, Regan L, Greub G. *Waddlia chondrophila*, a potential agent of human fetal death. Emerg Infect Dis. 2007; 13(8): 1239-43. doi: 10.3201/eid1308.070315.
50. Smet A, Flahou B, D'Herde K, Vandamme P, Cleenwerck I, Ducatelle R, et al. *Helicobacter heilmannii* sp. nov., isolated from feline gastric mucosa. Int J Syst Evol Microbiol. 2012; 62(Pt 2): 299-306. doi: 10.1099/ijss.0.029207-0.
51. Brisse S, Passet V, Grimont P. Description of *Klebsiella quasipneumoniae* sp. nov., isolated from human infections, with two subspecies, *Klebsiella quasipneumoniae* subsp. *quasipneumoniae* subsp. nov. and *Klebsiella quasipneumoniae* subsp. *similipneumoniae* subsp. nov., and demonstration that *Klebsiella singaporenensis* is a junior heterotypic synonym of *Klebsiella varicola*. Int J Syst Evol Microbiol. 2014; 64(Pt 9): 3146-52. doi: 10.1099/ijss.0.062737-0.
52. Abarca K, Martínez-Valdebenito C, Angulo J, Jiang J, Farris C, Richards A, et al. Molecular description of a novel *Orientia* species causing scrub typhus in Chile. Emerg Infect Dis. 2020; 26(9):2148-56. doi: 10.3201/eid2609.200918.
53. Tamames J, Rosselló-Móra R. On the fitness of microbial taxonomy. Trends Microbiol. 2012; 20(11): 514-6. doi: 10.1016/j.tim.2012.08.012.
54. Jandu N, Goldberg M.B. Dysentery. In: Rosenberg E, DeLong EF, Lory S, Stackebrandt E, Thompson F. (eds) The Prokaryotes. Springer, Berlin, Heidelberg. 2013. doi: org/10.1007/978-3-642-30144-5\_100.
55. Bercovier H, Mollaret HH, Alonso JM, Brault J, Fanning G, Steigerwalt A, et al. Intra- and interspecies relatedness of *Yersinia pestis* by DNA hybridization and its relationship to *Yersinia pseudotuberculosis*. Current Microbiol. 1980; 4: 225-9. doi.org/10.1007/BF02605861.