

Taxonomie und Systematik

Wenn *Candida* nicht *Candida* ist

ANDREY YURKOV

LEIBNIZ-INSTITUT DSMZ-DEUTSCHE SAMMLUNG VON MIKROORGANISMEN
UND ZELLKULTUREN, BRAUNSCHWEIG

DOI: 10.1007/s12268-021-1665-6
© Springer-Verlag GmbH 2021

■ Namensgebung ist essenziell, um Eigenschaften von Pilzen zu kommunizieren, potenzielle Krankheitserreger und Quarantäneerfordernisse zu benennen. Namen sind damit integraler Bestandteil von Qualitätsstandards, technischen Empfehlungen und gesetzlichen Vorschriften. Die Regeln für die Benennung von Pilzen sind im Internationalen Code der Nomenklatur für Algen, Pilze und Pflanzen (ICNafp) verankert [1], denn ein einheitliches Benennungssystem dient der präzisen Kommunikation zwischen taxonomischen Expert:innen und den vielfältigen Nutzenden.

Hefen (einzellige Pilze) sind wahrscheinlich die ersten domestizierten Mikroorganismen. Wie bei anderen Pilzen ist jedoch nur ein geringer Teil der gesamten Artenvielfalt bekannt [1, 2], und die Forschung steht vor der Herausforderung, die enorme Pilzvielfalt korrekt zu katalogisieren [1]. Die derzeit ca. 2.000 bekannten Hefearten werden jährlich um etwa 50 neue Arten ergänzt. Neben der Gattung *Saccharomyces*, darunter die Backhefe, wurden schon seit dem 18. Jahrhundert basierend auf Morphologie und Wachstumstests weitere Hefegattungen beschrieben, darunter 1923 die Gattung *Candida*. Dieser Gattung wurden Arten zugeordnet, die keine differenzierende Zellmorphologie besitzen und für die keine sexuelle Fortpflanzung bekannt war [3].

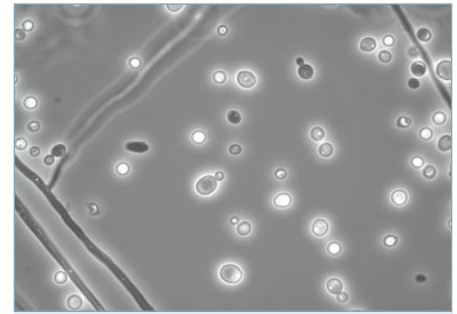
In den letzten Jahrzehnten haben sich die Identifizierungsmethoden für Hefen jedoch grundlegend geändert. Um eine zuverlässige Artbestimmung und eine realistische, auf Verwandtschaftsverhältnissen basierende Systematik zu erreichen, ergänzen komplexe molekulargenetische Untersuchungen inklusive der Sequenzierung gesamter Genome die Morphologie, Wachstumstests und ein-fachere biochemische Analysen [1, 2].

DNA-basierte Studien zeigten, dass die über 400 bekannten *Candida*-Arten (Stand

2014) mehr als 30 phylogenetischen Gruppen und Gattungen zuzuordnen sind [2, 3]. In ihrer bisherigen Form beinhaltet die Gattung *Candida* Arten aus der gesamten Klasse *Saccharomycetes*, die über 1.000 unterschiedliche Hefearten mit einer Evolutionsgeschichte von über 400 Millionen Jahren umfasst. Viele bisher als *Candida* bekannte Arten sind daher nicht eng miteinander verwandt und teilen demzufolge auch nicht ihre wesentlichen Merkmale, abgesehen von einer uniformen Zellmorphologie.

Ein wissenschaftlicher Name (Gattung und Art) soll die Verwandtschaft mit anderen Organismen und damit deren Ähnlichkeiten oder eben auch Unähnlichkeiten abbilden. Damit ermöglicht eine taxonomisch korrekte Einordnung neu entdeckter Organismen die potenzielle Vorhersage ihrer Eigenschaften. Eines der wichtigsten langfristigen Ziele eines taxonomischen Systems ist es sicherzustellen, dass die Namensgebung sowohl den wissenschaftlichen Kenntnisstand als auch Informationen über Eigenschaften einer Art adäquat widerspiegelt. Im Falle vieler *Candida*-Arten ist dies momentan nicht der Fall, da sie stammesgeschichtlich nicht eng miteinander verwandt sind. Um diesem Umstand Ausdruck zu verleihen, müssen viele *Candida*-Arten umbenannt werden.

Aus Sicht der modernen Systematik sollte die eigentliche Gattung *Candida* in Zukunft auf eine kleinere Gruppe begrenzt werden, die u. a. die medizinisch relevanten Arten *Candida tropicalis* und *Candida albicans* umfasst [3]. Zahlreiche *Candida*-Arten konnten bereits Gattungen mit sexueller Fortpflanzung zugeordnet werden (z. B. *Meyerozyma*, *Yarrowia*). Arten, die alleinstehenden Gruppen angehören, müssen neue Gattungsnamen zugeordnet werden (z. B. die Gattung *Diutina*, die nun die ehemalige Art *Candida rugosa* enthält). Die Namen von Arten, deren phylogenetische Position noch unklar ist, werden vorläufig beibehalten und erst später aktualisiert. Die



▲ **Abb. 1:** Mikroskopische Aufnahme von *Candida albicans*-Zellen (Phasenkontrast).

Zuordnung neu zu beschreibender Arten in die geeigneten Gattungen mittels moderner Analysemethoden wird die Heterogenität der Gattung *Candida* langfristig begrenzen.

Die bisherige Heterogenität der Gattung *Candida* hat weitreichende Auswirkungen auf zahlreiche Disziplinen, etwa Biotechnologie und Gesundheitswesen. Es ist essenziell, dass Anwender:innen die aktuellen Namen der ehemaligen *Candida*-Arten verwenden, um bekannte Eigenschaften (z. B. antimykotische Medikamentenresistenz oder charakteristische Stoffwechselwege) anhand des Namens zu erkennen. Auch wenn es nicht immer sofort ersichtlich ist: Wissenschaftliche Namen vermitteln wichtige Informationen zu Verwandtschaft und Eigenschaften von Arten.

Danksagung

Für wertvolle Anregungen zum Manuskript danke ich Martin Kemler (Universität Bochum) und Heide-Marie Daniel (Université catholique de Louvain). ■

Literatur

- [1] Lücking R, Aime MC, Robbertse B et al. (2021) Fungal taxonomy and sequence-based nomenclature. *Nat Microbiol* 6: 540–548
- [2] Boekhout T, Aime MC, Begerow D et al. (2021) The evolving species concepts used for yeasts: from phenotypes and genomes to speciation networks. *Fung Div* 109: 27–55
- [3] Daniel HM, Lachance MA, Kurtzman CP (2014) On the reclassification of species assigned to *Candida* and other anamorphic ascomycetous yeast genera based on phylogenetic circumscription. *Antonie van Leeuwenhoek* 106: 67–84



Korrespondenzadresse:

Dr. Andrey Yurkov
Bioresources for Bioeconomy and Health Research
Leibniz-Institut DSMZ – Deutsche Sammlung für
Mikroorganismen und Zellkulturen
Inhoffenstrasse 7B
D-38124 Braunschweig
andrey.yurkov@dsMZ.de