

Column

Ken Kraaijeveld
Candidatus

Plantensap bevat veel suiker en is daarom geliefd voedsel voor veel insecten. Het is echter geen volwaardige voeding. De meeste plantensapetende insecten eten er dus ander voedsel bij om aan voldoende eiwitten te komen. Maar er zijn er ook die hulp inschakelen. Cicaden, bladluizen en wolluizen bieden onderdak aan bacteriën die hun in ruil voor een veilige woonplaats voorzien van de benodigde aminozuren. Op die manier hoeven deze insecten de plant niet af. Een heel scala aan bacteriesoorten kan hiervoor worden opgetrommeld. In een onderzoek naar de genetische code van dergelijke endosymbionten stelde ik een lijstje op van dit soort bacteriën. Namen als *Ca. Tremblaya princeps*, *Ca. Hodgkinia cicadicola* en *Ca. Sulcia muelleri*.



Foto: Ken Kraaijeveld

Het duurde even voor ik doorhad waar dat *Ca.* voor stond. Het bleek een afkorting voor *Candidatus*. *Tremblaya princeps* en *Hodgkinia cicadicola* waren nog geen officiële soortnamen, maar stonden wel op de kandidatenlijst om dat te worden. Ze waren in afwachting van goedkeuring door het officiële comité van wijze microbiologen die de uitgifte van wetenschappelijke namen overziet. Voordat een prokaryoot daarvoor in aanmerking komt, moet deze eerst gekweekt worden op een agarplaatje, zodat de vorm van hun kolonie beschreven kan worden.

Mijn irritatie kwam sneller op. Dat *Ca.* maakte een rommel-tje van mijn datatabel. Als ik de lijst splitste op spatie, kwam *Ca.* terecht in de kolom voor genus, *Tremblaya* werd de soortnaam en *princeps* de ondersoort. Dat moest ik vervolgens allemaal weer met de hand recht zetten. Volgens mij was ik niet de enige die zich stoorde aan deze onwelluidende toevoeging aan de soortnaam. In elk artikel dat over deze soorten ging stond wel een zinsnede als: '*Ca. Tremblaya princeps*, hereafter *Tremblaya princeps*'. Met andere woorden, de auteurs hadden geen zin om dat *Ca.* er elke keer voor te zetten.

En waarom zou je ook? Het voegt niks toe. Wat kan mij het nou schelen dat het jullie niet lukt om zo'n bacterie op agar te kweken? In het geval van endosymbionten gaat dat sowieso een enorm gedoe worden, want ze leven alleen binnenin gespecialiseerde cellen van een wolluis of cicade. Van die kandidatenstatus gaat *Tremblaya* waarschijnlijk dus nooit afkomen, ongeacht hoeveel we leren van deze fascinerende bacteriën.

En met *Tremblaya* vele, vele andere soorten. Immers, veruit de meest bacteriën worden tegenwoordig ontdekt in metagenoomdatasets, waarbij onderzoekers DNA geïsoleerd hebben uit zeewater, modder of poep. Slechts een minieme fractie van al deze nieuwe soorten zal het ooit tot een agarplaat schoppen en zo de kandidatenlijst mogen verlaten. Het gevolg: een lijstje bacteriesoorten, een waslijst kandidaten en een verwarring van Babylonische proporties.

Waarom doe ik mijn beklag hierover in een tijdschrift over insecten, vraagt u zich wellicht af? Welnu, ik voorzie een drama! Nu nog worden nieuwe insecten netjes beschreven aan de hand van een opgeprikte exemplaar in een museumcollectie, al dan niet met zijn of haar genitaliën uitgeprepareerd. Maar wat nu

... cicaden zitten vol
behulpzame bacteriën ...

als iemand op het lumineuze idee zou komen om de opbrengst van zijn of haar Malaiseval niet insect voor insect op te prikken en uit te prepareren, maar ze gewoon fijn te stampen en hun DNA af te lezen? Zo'n entomologisch metagenoom zal vast en zeker nieuwe soorten voor de wetenschap bevatten, zeker als ze in een exotische streek is verzameld. Gaan we dan, net als de microbiologen, *Candidatus* voor elke nieuwe soortnaam plakken? Dat zou ik graag willen voorkomen. Mijn dringende oproep daarom: doe het niet!

Laten we als entomologen een voorbeeld nemen aan de virologen. Die hebben al lang door dat je aan de genomsequentie van een nieuw virus veel meer hebt dan aan een elektronenmicroscopisch plaatje van datzelfde virus. Aan de hand van de genomsequentie kun je een mRNA-vaccin ontwikkelen, om maar eens wat te noemen. Om met de woorden van het *International Committee on Taxonomy of Viruses* te spreken: 'Alleen door te accepteren dat sequenties verkregen door metagenoommethoden ook werkelijk bestaande virussen representeren en door deze toe te voegen aan classificatieschema's, kunnen we hopen op een beter begrip van de ecologie, geschiedenis en invloed van de viruswereld'. Amen!

Ken Kraaijeveld is docent bioinformatica aan de Hogeschool Leiden en onderzoeker bij het Leiden Centre for Applied Bioscience, www.kenkraaijeveld.nl