Family *Kliplevianaceae*

Etymology
[klip.le.vi.a.na'ce.ae] **N.L fem.** *Klipleviana*, the type genus of the family; **L. fem. pl. suff.** *-aceae*, ending to denote a family; **N.L. fem. pl. n.** *Kliplevianaceae*, the Klipleviana family

Nomenclatural type
Genus *Klipleviana*

Description
Kliplevianaceae"trix-content"*Kliplevianaceae*> *Kliplevianaceae Kliplevianaceae*
Kliplevianaceae"trix-content"*Kliplevianaceae*> *Kliplevianaceae Kliplevianaceae*
Kliplevianaceae"<em"*Kliplevianaceae*>Kliplevianaceae"trix-content"*Kliplevianaceae*>*Kliplevianaceae* Kliplevianaceae *Kliplevianaceae* Kliplevianaceae
Kliplevianaceae"<em"*Kliplevianaceae*>Kliplevianaceae"*Kliplevianaceae*<em"*Kliplevianaceae*>*Kliplevianaceae*"trix-content"KliplevianaceaeKliplevianaceae<*Kliplevianaceae*/em>*Kliplevianaceae*>*Kliplevianaceae* Kliplevianaceae<*Kliplevianaceae*/em>*Kliplevianaceae* Kliplevianaceae KliplevianaceaeKliplevianaceae<*Kliplevianaceae*/em>*Kliplevianaceae*
Family established on the basis of phylogenomic comparisons to GTDB R226.KliplevianaceaeKliplevianaceae<*Kliplevianaceae*/em>*Kliplevianaceae* Formerly known as family 2-01-FULL-56-20 in GTDB R226.KliplevianaceaeKliplevianaceae<*Kliplevianaceae*/em>*Kliplevianaceae* The description of the family is the same as for its type genus
KliplevianaceaeKliplevianaceae<*Kliplevianaceae*/em>KliplevianaceaeKlipleviana<KliplevianaceaeKliplevianaceae<*Kliplevianaceae*/em>*Kliplevianaceae*/em>*Klipleviana* Kliplevianaceae<KliplevianaceaeKliplevianaceae<*Kliplevianaceae*/em>*Kliplevianaceae*/div>KliplevianaceaeKliplevianaceae *Kliplevianaceae*<*Kliplevianaceae*/div>*Kliplevianaceae* Kliplevianaceae<*Kliplevianaceae*/div>*Kliplevianaceae* Kliplevianaceae<*Kliplevianaceae*/div>*Kliplevianaceae* Kliplevianaceae
Kliplevianaceae <*Kliplevianaceae*/div>Kliplevianaceae <*Kliplevianaceae*/div>Kliplevianaceae <*Kliplevianaceae*/div>Kliplevianaceae <*Kliplevianaceae*/div>Kliplevianaceae

Classification
Bacteria » *Pseudomonadota* » *Gammaproteobacteria* » “Colwelliibacteriales” » *Kliplevianaceae*

References
Effective publication: Sereika et al., 2025 [1]

Registry URL
https://seqco.de/i:54579

References

1. Sereika et al. (2025). Genome-resolved long-read sequencing expands known microbial diversity across terrestrial habitats. *Nature Microbiology*. DOI:10.1038/s41564-025-02062-z