

Systematique

TAXONOMIE BACTÉRIENNE

Classification

Etudier la diversité des bactéries ainsi que les relations qui existent entre elles.

Caractériser les bactéries et les classer sur la base de leur similitudes, en groupes ou **taxons** (genres/espèces),

Appliquer le code international de la nomenclature bactérienne pour les nommer (*Escherichia coli*),

Identifier de nouvelles bactéries et déterminer leur appartenance ou non à l'une des espèces connues.

Les bactéries sont nommées selon les règles du système binomial de **Linné (1750)**.

Le nom de chaque microorganismes est formé par deux fragments :

le premier = le nom du genre, sa première lettre en **majuscule** .

le second = qualificatif = nom descriptif, première lettre en **minuscule**.

Les deux termes sont en **latin**

Ils forment le nom scientifique de l'espèce

Ils s'écrivent toujours en ***italique***

La classification est basée sur une hiérarchie taxonomique;

Espèce = un groupe de souches présentant en commun un grand nombre de caractères semblables.

Genre = un groupe d'espèces semblables

Famille = un groupe de genres semblables

Ordre = un groupe de familles semblables

Classe = un groupe d'ordres semblables

Phylum = un groupe de classes semblables

Domaine = un groupe de phylum semblables

Règne = tous les organismes de cette hiérarchie

L'unité taxonomique = l'espèce

Une espèce biologique est un ensemble d'individus qui présentent un haut degré de ressemblances **phénotypiques**.

Les bactéries se reproduisent par voie asexuée, généralement par division binaire.

Pour définir une espèce bactérienne les taxonomistes sont amenés à fixer une limite arbitraire de différences à partir de laquelle deux individus doivent être classés en deux espèces différentes .

La taxonomie classique ,

repose sur un ensemble de caractères

- caractères morphologiques
 - Aspects tinctoriaux
 - Types trophiques
 - métabolisme
 - Critères immunologiques
 - Critères pathologiques

Critères morphologiques et structuraux

Insuffisants mais permettent un premier regroupement simple et pratique, groupes morphologiques.

Cependant, certains caractères sont variables:
(les Gram+ âgés prennent l'aspect des Gram-)

Critères biochimiques

Fermentation des glucides,

(Fermentation du glucose /test RM,VP)

Dégradation des protéines,

(Test de la gélatine)

Dégradation des lipides,

Cas particuliers: catalases (H_2O_2) et coagulases (plasma)

La taxonomie numérique

Pour construire une classification phénotypique et/ou moléculaire, le chercheur est amené à donner plus d'importance à certains d'entre eux. Cette conception est arbitraire et donc peu fiable.

Adanson (botaniste) a proposé d'affecter à tous les caractères le même poids. De ce fait on parle de **taxonomie numérique** ou adonsonnienne.

(les caractères phénotypiques ont la même valeur)

Les **distances** taxonomiques entre deux bactéries sont exprimées par un **coefficient** de similitude, calculé d'après deux indices: (**Jaccard et Sockal/Michener**)

Et représenté par un **Phénogramme**

Choix et codage des caractères :

Les caractères (50 – 100), doivent être transformé en format numérique ; +/1 et -/0.

Mesure d'affinité entre les souches :

L'affinité entre les souches de bactéries est mesurée à l'aide d'indices de similitude (ressemblance) ; l'indice de Jaccard ou l'indice de Sokal et Mitchener.

Indice de Jaccard : $S_{(A,B)} = nS^+ / nS^+ + nd$

Indice de Sokal et Mitchener : $S_{(A,B)} = nS^+ + nS^- / nS^+ + nS^- + nd$

$S_{(A,B)}$: Coefficient de similitude entre deux souches A et B.

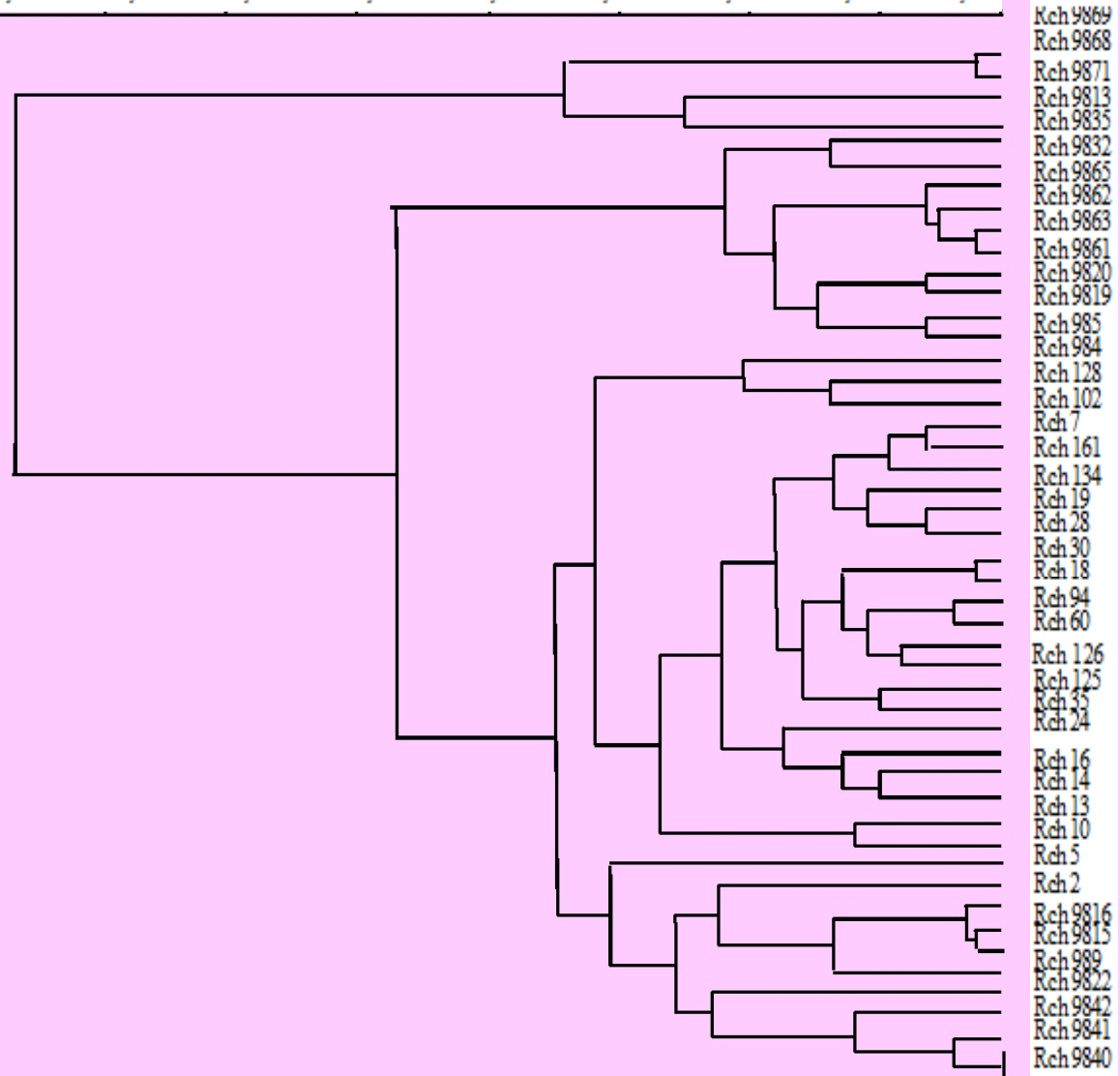
nS^+ : Nombre de caractères positifs semblables entre A et B.

nS^- : Nombre de caractères négatifs semblables entre A et B.

nd : Nombre de caractères différents.

0,60 0,65 0,70 0,75 0,80 0,85 0,90 0,95 1,00

Niveau de similarité



Groupe I

Groupe II

Groupe III

Dendrogramme = Phénogramme

Critères immunologiques

L'établissement de la carte antigénique = **sérotypage**.

Chaque **sérotype** étant un groupe de souches présentant une réaction avec un même anticorps ou un groupe d'anticorps.

Les souches du même sérotype peuvent appartenir à la même espèce

Critères de lysotypie

La fixation des bactériophages est liée à des sites sur la paroi bactérienne.

Le site de fixation est une protéine spécifique d'un phage.

Deux souches capables de fixer les mêmes phages et appartiennent au même **lysotype** et peuvent appartenir à la même espèce.

La taxonomie moléculaire

Dans la taxonomie classique, l'étude des phénotypes ne donne qu'une information incomplète:

les caractères morphologiques, biochimiques, sérologiques etc.. ne traduisent qu'une faible proportion du génome.

C'est pourquoi une approche génétique est nécessaire en taxonomie bactérienne.

Elle concerne la nature physico- chimique du génome bactérien;

Le %GC ou le coefficient de Chargaff

Le séquençage du gène ARNr-16S

L'hybridation ADN/ADN

Le GC% ou le coefficient de Chargaff

La technique de Chargaff est basée sur l'évaluation quantitative des deux groupes de bases azotées (GC et AT) en spectrophotométrie à UV (260 nm).

Le **coefficient GC%** = nombre de (guanine+cytosine) pour 100 couples de bases dans l'ADN de la bactérie étudiée.

Chez les bactéries, le **GC%** varie de **30 à 75 %**

Pour que deux souches soient considérées comme appartenant à la même espèce, il faut que la différence entre les GC% de leur ADN soit inférieur à **5%**.

(le %GC comporte des limites)

Deux bactéries peuvent avoir le même %GC mais ne pas présenter les mêmes séquences nucléotidiques et être donc génétiquement très éloignées.



L'analyse des ADN ribosomiaux

Outil phylogénétique répondant aux critères nécessaires à une étude évolutive, en particulier la stabilité.

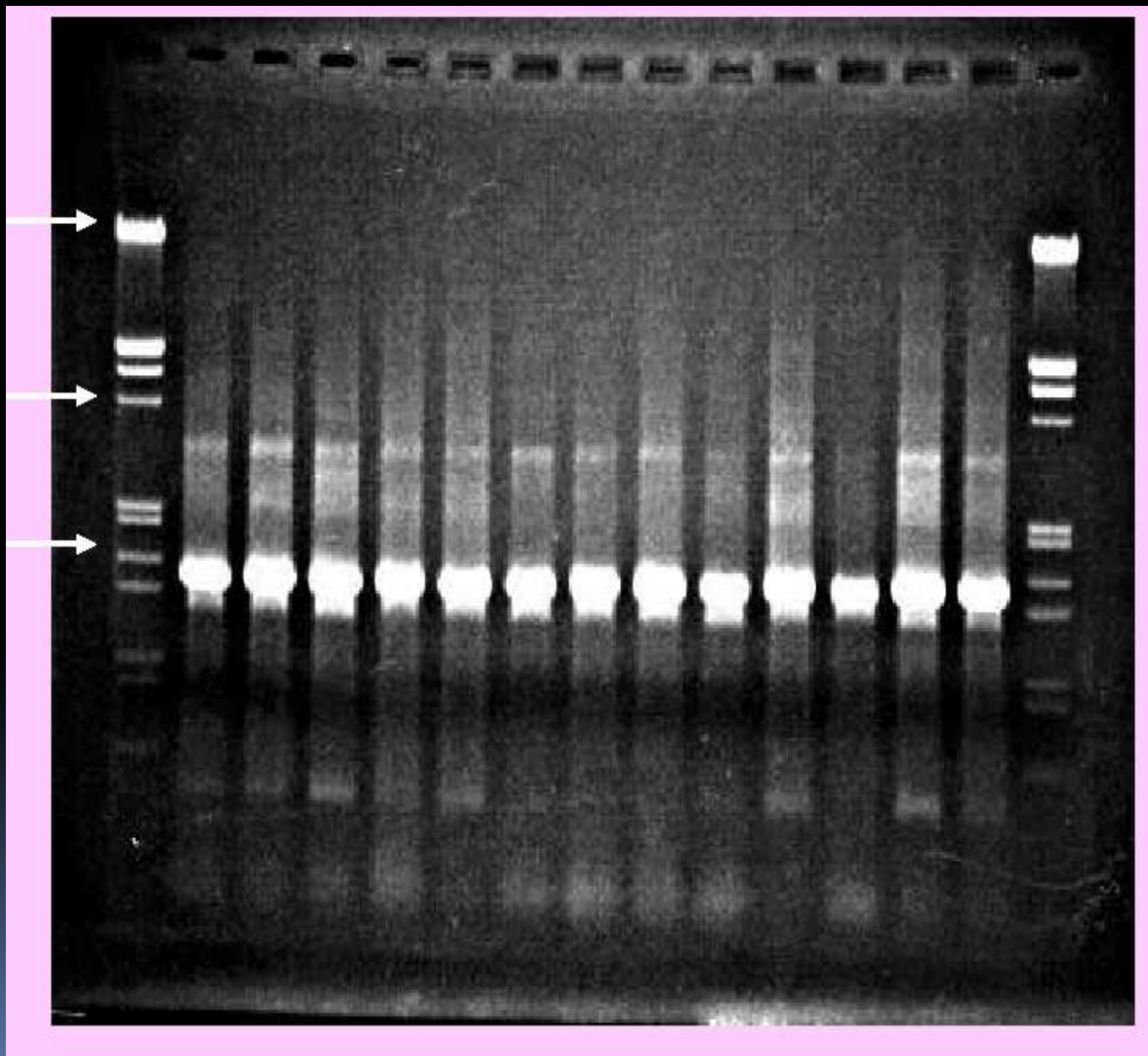
Analyse du gène rRNA-16S

Amplification et analyse du polymorphisme des fragments de restriction: **PCR/RFLP**,

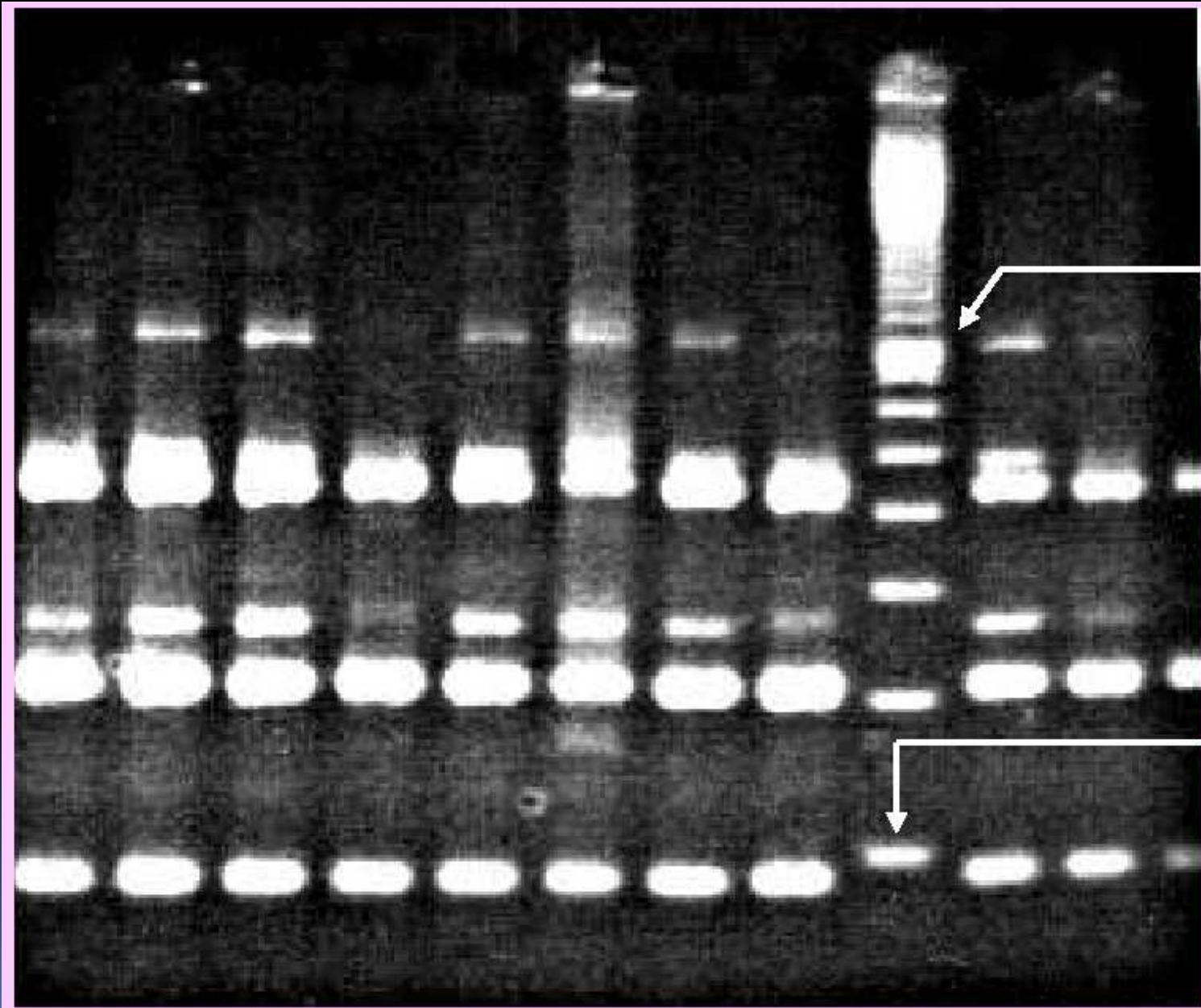
Séquençage total ou partiel ,



Gel polyachrylamide du 16 S amplifié



Gel des profils de restriction du 16 S



L'hybridation ADN / ADN

Le chauffage d'un ADN bi-caténaire donne deux brins homologues à séquences complémentaires: c'est la dénaturation.

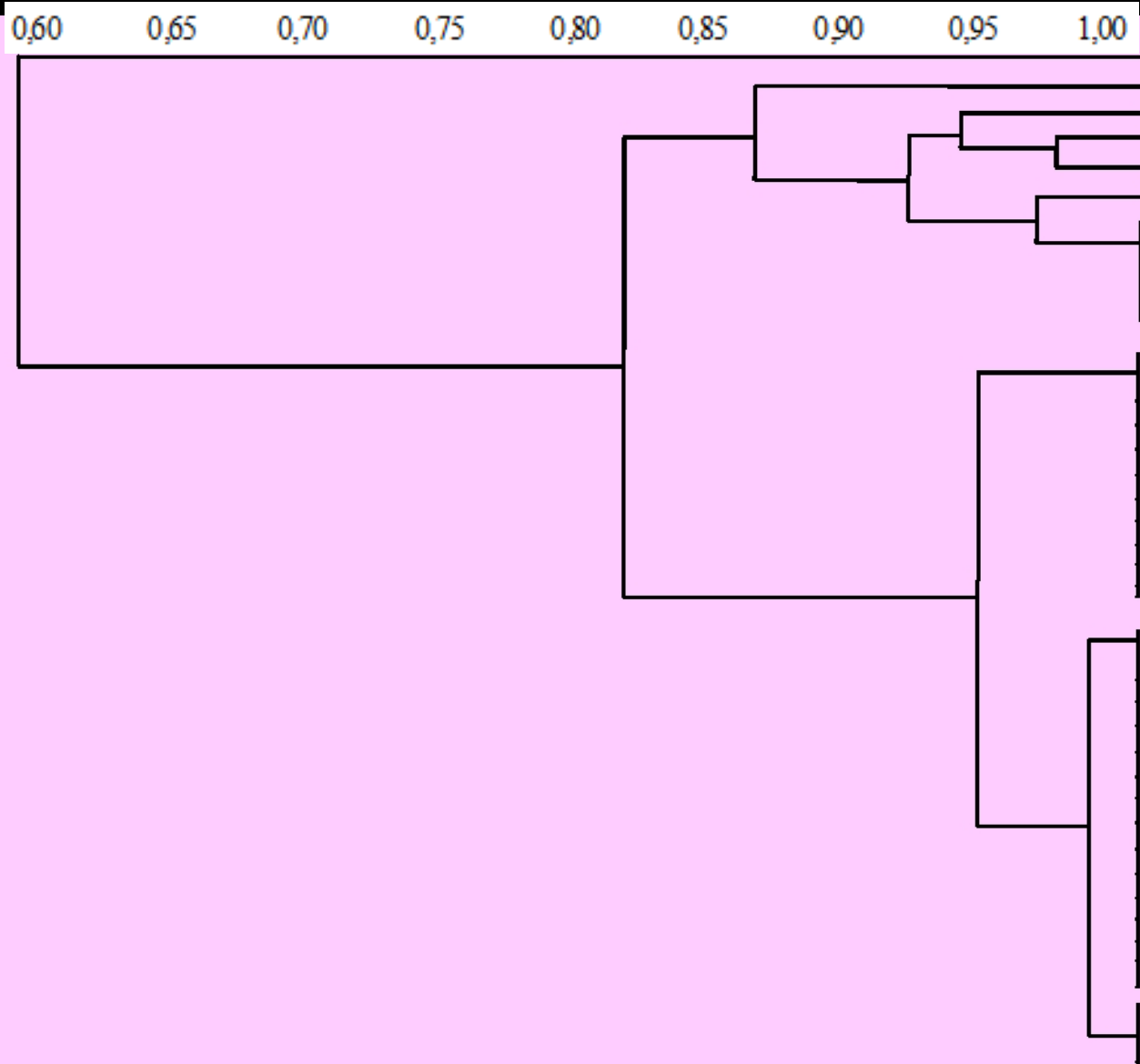
Un refroidissement entraîne un ré-appariement des deux brins d'ADN: c'est la renaturation in vitro.

Si on mélange deux ADN dénaturés provenant de deux espèces bactériennes, l'ADN monobrin d'une espèce peut éventuellement se réassocier avec le monobrin issu de la deuxième bactérie pour former un ADN bi-caténaire hybride: c'est l'hybridation.

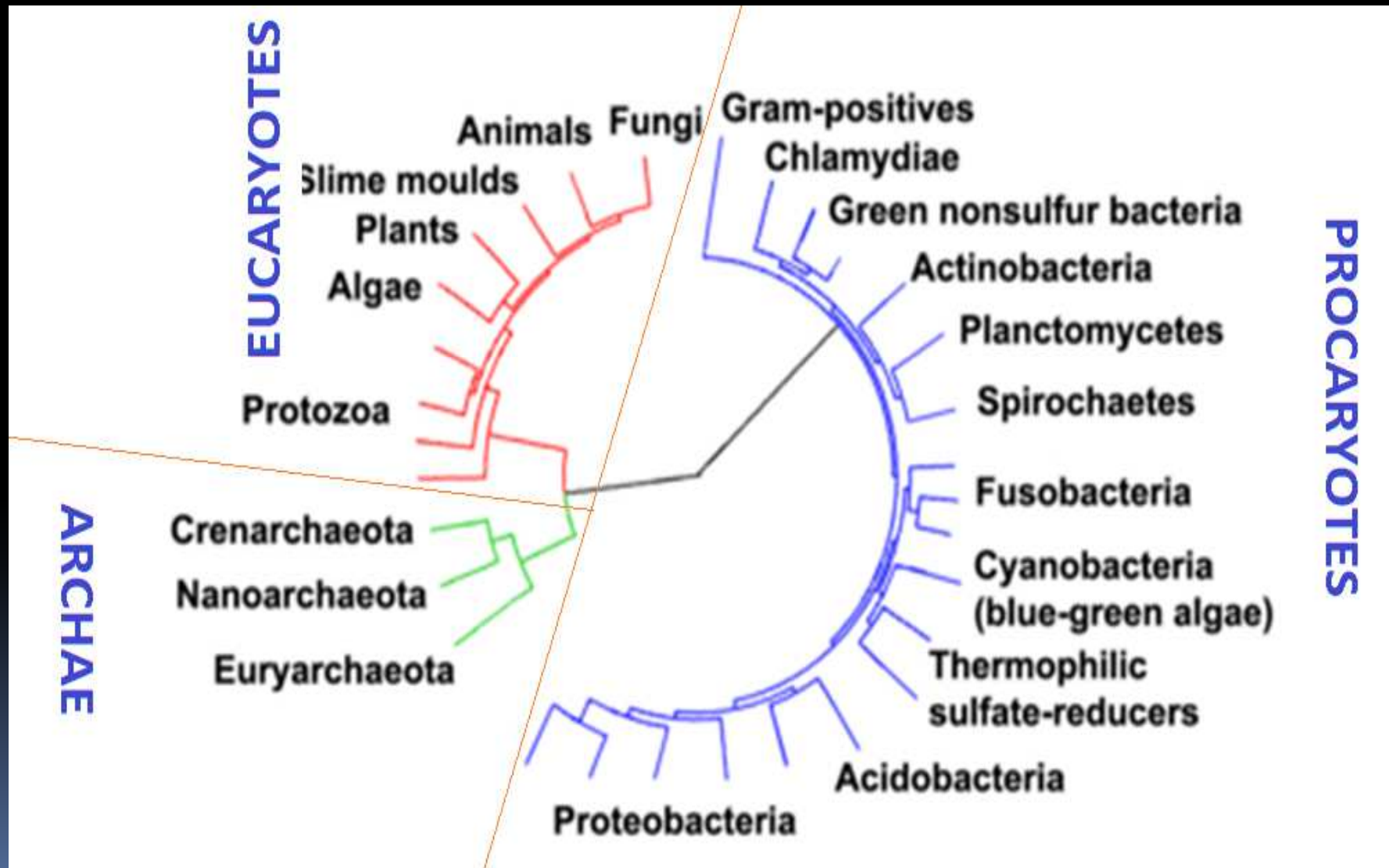
Ainsi, plus deux espèces sont proches génétiquement, plus leur séquences de bases se ressemblent (degré d'homologie important) plus il est facile de former des ADN hybrides.

Chez les *Enterobacteriaceae*, on considère que 2 souches sont de la même espèce si le taux d'hybridation ADN/ADN est de 70 à 100%.

Dendrogramme, basé sur la PCR/RFLP du gène rRNA 16S, montrant la position phylogénétique



LA CLASSIFICATION BIOLOGIQUE (ARBRE PHYLOGÉNÉTIQUE)



BERGEY'S MANUAL OF SYSTEMATIC BACTERIOLOGY

SECOND EDITION /2004

TAXONOMIE DES PROCARYOTES

Domain A. Archaea // *Domain B. Bacteria*

Domain A. Archaea

Phylum AI. Crenarchaeota

Class I. Thermoprotei

Phylum AII. Euryarchaeota

Class I. Methanobacteria

Class II. Methanococci

Class III. Methanomicrobia

Class IV. Halobacteria

Class V. Thermoplasmata

Class VI. Thermococci

Class VII. Archaeoglobi

Class VIII. Methanopyri

((plus de cinq phylum))

Domain B. Bacteria

- Phylum BI. Aquicae* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BII. Thermotogae* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BIII. Thermodesulfobacteria* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BIV. Deinococcus-Thermus* (1 classe, 2 ordres, 2 familles)
- Phylum BV. Chrysiogenetes* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BVI. Chloroexi* (2 classes, 3 ordres, 4 familles)
- Phylum BVII. Thermomicrobia* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BVIII. Nitrospira* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BIX. Deferribacteres* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BX. Cyanobacteria* (1 classe, 5 ordres, 7 familles)
- Phylum BXI. Chlorobi* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BXII. Proteobacteria* (5 classes, 37 ordres, 85 familles)

- Phylum BXIII. Firmicutes* (3 classes, 10 ordres, 34 familles)
- Phylum BXIV. Actinobacteria* (5 classes, 18 ordres, 44 familles)
- Phylum BXV. Planctomycetes* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BXVI. Chlamydiae* (1 classe, 1 ordre, 4 familles)
- Phylum BXVII. Spirochaetes* (1 classe, 1 ordre, 3 familles)
- Phylum BXVIII. Fibrobacteres* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BXIX. Acidobacteria* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BXX. Bacteroidetes* (3 classes, 3 ordres, 11 familles)
- Phylum BXXI. Fusobacteria* (1 classe, 1 ordre, 2 familles)
- Phylum BXXII. Verrucomicrobia* (1 classe, 1 ordre, 4 familles)
- Phylum BXXIII. Dictyoglomi* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)
- Phylum BXXIV. Gemmatimonadetes* (1 classe, 1 ordre, 1 famille)



FIN

