

Matière Physiologie et Génétique Bactérienne (PGB)

Chapitre II : Taxonomie bactérienne et phylogénie

La systématique a pour but de classer les êtres vivants de manière rationnelle en se basant sur les ressemblances et sur les relations qui existent entre eux. Elle repose sur deux disciplines, la nomenclature et la taxonomie (ou taxinomie) :

- La taxonomie est la science qui permet de classer les organismes en taxons ;
- La nomenclature est l'ensemble des règles utilisées pour donner un nom à chaque taxon.

1. Principales règles de nomenclature :

- La nomenclature bactérienne utilise des mots latins ou latinisés qui sont traditionnellement écrits en italique ou ils sont soulignés dans un manuscrit.
- Aucun signe diacritique (á, à, â, ä, ã, é, è, ê, ë, í, î, ï, ñ, ó, ò, ô, ö, õ, ú, ù, û, ü, ø, æ...) n'est toléré et les mots ne doivent pas contenir de trait d'union. Par exemple, on doit écrire *Bacteroides* et non *Bacteroides*.
- Les noms de famille et de genre s'écrivent avec une majuscule.
- Les noms des espèces sont formés d'une combinaison binaire dont le premier terme est le nom de genre et d'un deuxième terme (« une épithète »). Le premier terme prend une majuscule et le deuxième terme commence par une minuscule (exemple : *Streptococcus equi*). Après une première citation, l'utilisation de la première lettre du nom de genre suivie d'un point puis de l'épithète est tolérée (exemple : *S. equi*).
- Les noms des sous-espèces sont formés d'une combinaison ternaire commençant par le nom d'espèce suivi par l'abréviation « subsp. » et d'un troisième terme propre à la sous-espèce (exemple : *Streptococcus equi subsp. equi*).

Les principaux échelons hiérarchiques sont les suivants :

TAXON	Exemple 1	Exemple 2	Exemple 3
Domaine	<i>Bacteria</i>	<i>Bacteria</i>	<i>Bacteria</i>
Phylum	<i>Proteobacteria</i>	<i>Proteobacteria</i>	<i>Firmicutes</i>
Classe	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Gammaproteobacteria</i>	<i>Bacilli</i>
Ordre	<i>Enterobacteriales</i>	<i>Vibrionales</i>	<i>Bacillales</i>
Famille	<i>Enterobacteriaceae</i>	<i>Vibrionaceae</i>	<i>Listeriaceae</i>
Genre	<i>Escherichia</i>	<i>Vibrio</i>	<i>Listeria</i>
Espèce	<i>Escherichia coli</i>	<i>Vibrio cholerae</i>	<i>Listeria monocytogenes</i>
Sérovar	<i>Escherichia coli</i> O157:H7	<i>Vibrio cholerae</i> O1	<i>Listeria monocytogenes</i> 4b

2. Principes et méthodes de la taxonomie bactérienne

2.1. Supports de la classification phénotypique

De nombreuses manipulations au laboratoire mettent en évidence les différences phénotypiques entre les bactéries :

- Aspect macroscopique des colonies ;
- Morphologie et structure de la cellule (forme, Gram, flagelle, capsule, spore...);
- Conditions de culture (type trophique, type respiratoire, température optimale, pH optimal, concentration en dioxygène, exigences nutritionnelles particulières...);
- Caractères biochimiques (ONPG, mannitol, indole, TDA...);
- Sérotypie (antigènes O et H des entérobactéries, antigènes des streptocoques...);
- Lysotypie (sensibilité aux phages);
- Antibiotypie (sensibilité aux antibiotiques).

2.2. Supports de la classification génotypique

Les progrès de la biologie moléculaire ont permis de comparer les bactéries entre elles d'une manière plus rigoureuse. La classification est obtenue par la comparaison molécules d'ADN des bactéries.

2.2.1. Le GC% (ou coefficient de Chargaff)

Chaque base azotée est présente dans une certaine concentration molaire dans une molécule d'ADN donnée. Cette molécule d'ADN peut être caractérisée par le rapport molaire des bases :

$$\text{GC}\% = \frac{[G] + [C]}{[G] + [C] + [A] + [T]} \times 100$$

Le GC% varie selon les espèces, il est donc intéressant du point de vue taxonomique :

- ❖ Deux bactéries appartenant à la même espèce possèdent des GC% identiques (à 2,5 % près) ;
- ❖ Deux bactéries ayant des GC% différents n'appartiennent pas à la même communauté génétique ;
- ❖ Deux bactéries qui ont un GC% identique ne présentent pas obligatoirement les mêmes séquences nucléotidiques, et peuvent donc être éloignées génétiquement.

Le GC% ne peut être qu'un critère d'exclusion : il permet seulement d'affirmer que deux individus sont éloignés du point de vue génétique.

2.2.2. Hybridation ADN / ADN

Cette méthode permet la comparaison de la totalité du génome de deux bactéries par la mesure du degré d'homologie des deux ADN. Les différentes techniques reposent sur le même principe : la renaturation in vitro de deux brins d'ADN hétérologues (chaque brin provenant de deux bactéries comparées) conduit à la formation d'un hétéroduplex. Le degré d'homologie est le pourcentage de séquences complémentaires par rapport aux séquences totales.

2.2.3. Etude des ARN ribosomaux (ARNr)

Les ARNr sont considérés comme des « chronomètres moléculaires » :

- ✚ Ils sont présents dans les cellules procaryotes et eucaryotes,
- ✚ Ils ont une structure bien conservée chez tous les êtres-vivants,
- ✚ Des portions d'ARNr ont une séquence identique chez tous les êtres vivants.
- ✚ Ils sont abondants dans la cellule, faciles à purifier et à séquencer (utilisation d'une reverse transcriptase).

2.2.4. Etude des profils de restriction

L'ADN double brin peut être coupé par des enzymes de restriction, dénommées endonucléases. Le génome bactérien est alors caractérisé par une série de fragments (dont la taille est mesurable) séparés par électrophorèse en gel d'agarose. Le mode d'action très spécifique des endonucléases permet d'établir des profils de restriction, d'où leur intérêt en taxonomie et en épidémiologie.

L'épidémiologie (Étude de la distribution et des déterminants d'une maladie dans des populations humaines, et application des résultats de cette étude dans la lutte contre cette maladie).

2.3. Taxonomie numérique

De manière schématique, la méthode consiste à étudier, pour chaque souche, plus d'une centaine de caractères morphologiques, biochimiques, culturels, structuraux... et à attribuer le même poids à chacun des caractères qui sont codés 1 (présence du caractère) ou 0 (absence du caractère). Le but recherché est de rassembler dans une classe de similitude les individus les plus semblables. L'analyse mathématique de quantités importantes de données concernant les caractères phénotypiques et moléculaires permet le calcul des distances existant entre différents groupes taxonomiques. Les résultats obtenus peuvent être représentés graphiquement sous forme de **dendrogramme**.