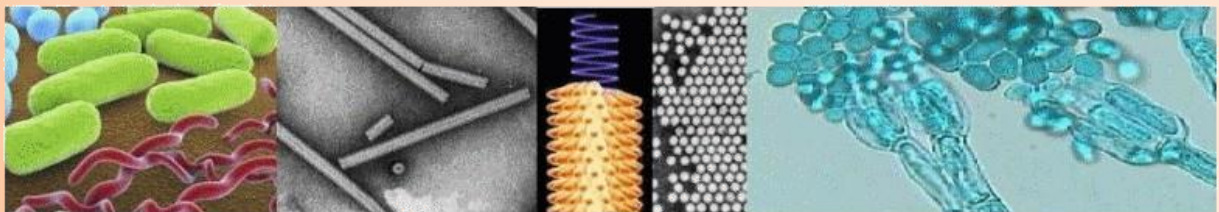
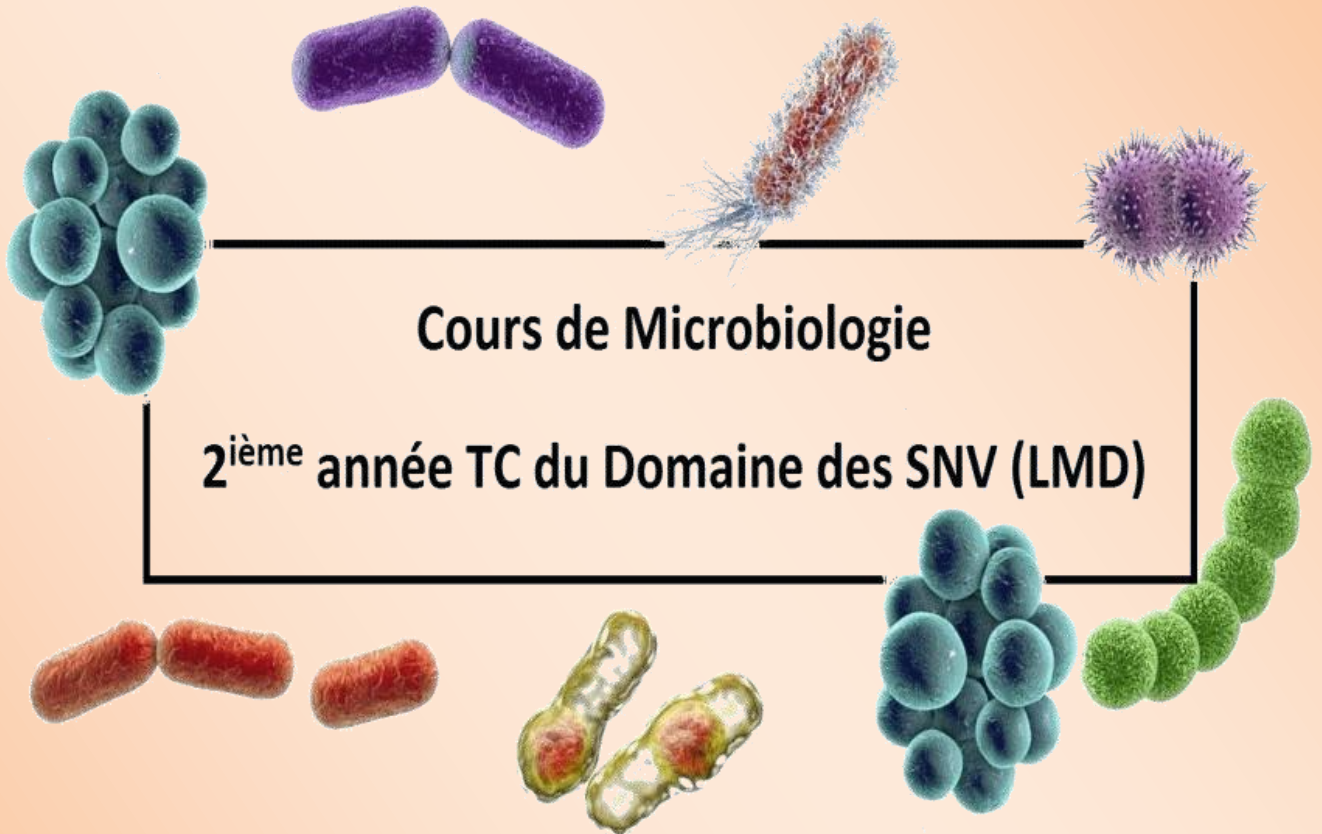


République Algérienne Démocratique et Populaire
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique



Université Mohamed BOUDIAF – M'sila
Faculté des Sciences



Dr HENDEL Noui

3. CHAPITRE III : CLASSIFICATION BACTÉRIENNE

3.1. Généralités

La **systematique** ou **taxonomie** (ou taxinomie du grec "*taxis*" = arrangement) est la science qui a pour objet la classification des êtres vivants, leur identification et leur nomenclature. Elle comprend trois domaines différents: la classification qui consiste à regrouper les organismes au sein d'ensembles " taxons " en fonction de leurs similitudes, la « nomenclature » qui consiste à attribuer un nom à chaque taxon, et enfin l'identification qui utilise les deux domaines précédents pour reconnaître et donner un nom. L'unité de classification ou taxon est l'espèce biologique.

La **nomenclature** est l'ensemble des règles gouvernant l'attribution d'un nom à un taxon. L'utilisation des noms scientifiques en microbiologie s'est inspirée de celle utilisée en botanique et basée sur la dénomination binomiale. En 1930 lors du 1^{er} Congrès International de Microbiologie fut formée une commission de la Nomenclature et de la Taxonomie. Le *code international de nomenclature des bactéries* fut publié en 1947; il régleme l'usage des noms scientifiques. Le répertoire actuel exclusivement consacré à la systematique bactérienne est le « Bergey's Manual of Systematic Bacteriology ».

Parmi les principales **règles de nomenclature**:

- La nomenclature bactérienne utilise des mots issus du grec ou du latin ou des deux qui sont traditionnellement écrits en italique ou ils sont soulignés dans un manuscrit.
- La première partie du nom est le nom de genre, la seconde partie est l'épithète ou le nom de l'espèce.
- Les mots ne doivent pas contenir de signes diacritiques (é, è, ï, æ...) ou de trait d'union.
- Le nom de genre est imprimé en italique (ou souligné dans les textes manuscrits) et sa première lettre est 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). L'épithète commence par une minuscule (ex.: *Escherichia coli*). Après une première citation, sauf le nom de genre est abrégé à sa première lettre (ex.: *E. coli*).

Les **échelons hiérarchiques** sont : règne, embranchement, classe, ordre, famille, genre et espèce : le genre étant un groupe d'espèces semblables, la famille, un groupe de genres semblables, l'ordre, un groupe de familles etc... jusqu'au règne qui serait un groupe d'embranchements . L'ordre, famille, genre et espèce sont exprimés par un terme latin (imprimé en caractères italiques ou soulignés) dont la terminaison est "*ales*" pour l'ordre, "*aceae*" pour la famille. L'initiale du nom du genre s'écrit en caractère majuscule, le reste de ce nom s'écrit en minuscules comme le nom de l'espèce (Tab.2).

Tab. 2 Hiérarchie des taxons.

Taxon	Exemple
Domaine	<i>Bacteria</i>
Phylum	<i>Proteobacteria</i>
Classe	<i>Gammaproteobacteria</i>
Ordre	<i>Enterobacteriales</i>
Famille	<i>Enterobacteriaceae</i>
Genre	<i>Escherichia</i>
Espèce	<i>Escherichia coli</i>

L'**identification** d'une souche bactérienne, c'est-à-dire l'attribution à cette souche du nom d'un taxon, s'effectue par un processus de comparaison des caractères de cette souche avec ceux des modèles décrits dans la systématique.

L'**espèce bactérienne** est l'unité fondamentale de la classification en microbiologie. Elle se définit comme "un ensemble d'organismes partageant de nombreuses propriétés stables".

Au sein de l'espèce bactérienne, la descendance d'une même cellule, en se divisant, forme un **clone**. La population bactérienne issue d'une même cellule forme une **souche**. Les souches peuvent présenter des différences légères entre elles qui pourront être caractérisées sur la base:

- de leurs propriétés biochimiques ou physiologiques pour les **biovars**.
- de leurs propriétés antigéniques pour les **sérovars**.

- de leur facteur de virulence pour les **pathovars**.
- de leur sensibilité aux antibiotiques pour les **antibiovars**.

3.2. Classification phénétique

La classification phénétique ou phénotypique utilise un nombre de caractères considérés comme importants tels que la morphologie, la mise en évidence d'un caractère biochimique, l'habitat. Ce sont des caractères anatomiques ou physiologiques mis en évidence par des tests simples. Le tableau 3 suivant présente quelques caractères phénotypiques.

Tab. 3 Caractères utilisés en systématique bactérienne.

Test d'identification	Exemple
Observations et tests préliminaires	Coloration (Gram, bleu de méthylène...); Morphologie (bacille, coque.); Mobilité; Présence de spores (déformantes, terminales); aérobie/anaérobie; Hémolyse sur gélose au sang; Production d'une catalase
Tests métaboliques ou biochimiques	Test à l'oxydase ; Test à l'uréase ; Test de l'indole ; Hydrolyse de l'hippurate ; Hydrolyse de l'esculine ; Production d'H ₂ S
Sérologie ou tests immunologiques	Agglutination ; Immunochromatographie
Test d'inhibition ou de sensibilité	Milieux sélectifs ; Sensibilité à l'optochine ; Antibiotiques.
Chimiotaxonomie ou analyse physico-chimique des constituants structuraux cellulaires	Acides gras ; acides mycoliques ; Profil protéique ; Pyrolyse.

3.3. Classification numérique

En 1957, Sneath applique une taxonomie qualifiée de numérique. Elle évalue une similitude générale en comparant de nombreuses caractéristiques ayant chacune le même poids (morphologique, physiologique, biochimique). L'ordinateur calcule les similitudes entre les souches, et les ressemble en groupes (phénons). Le nombre de caractères étudié varie entre

50 et 200. Le résultat est codé de façon binaire pour chaque test (0 ou 1 ; 0 = - et 1 = +). L'établissement de la structure taxonomique se fait à l'aide de programme d'**agrégation (cluster analysis)** qui évalue la ressemblance entre les souches en calculant un indice numérique (coefficient de simple appariement, **coefficient de Jaccard**).

3.3.1. Mesure de l'affinité entre individus

Les données taxonomiques se présentent sous forme d'un tableau de **N** lignes (**N** = nombre d'individus) et **n** colonnes (**n** = nombre de caractères).

Exemple : un tableau de 6 souches et 12 caractères (tests)

Souches/ tests	Réponses aux tests : 0: caractère négatif; 1: caractère positif											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
S ₁	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1
S ₂	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1
S ₃	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1
S ₄	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1
S ₅	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1
S ₆	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1

Pour estimer l'affinité entre 2 souches *i* et *j*, on utilise le **coefficient de Jaccard-Sneath**:

$$S(a,b) = Np / (Np + Nd)$$

S(a,b) = coefficient de similitude entre *a* et *b* (varie de 0 à 1)

Np = nombre de caractères positifs chez *a* et chez *b*

Nd = nombre de caractères différents chez *a* et *b*.

Ex : $S(S_5, S_6) = 3 / (3+6) = 3 / 9 = 0.33$

On peut aussi utiliser un **indice de distance, d**:

$$d(a,b) = 1 - S(a,b) = Nd / (Np + Nd)$$

$d = 0$ pour 2 souches semblables ($S(a,b) = 1$)

$d = 1$ pour 2 souches n'ayant aucun caractère commun ($S(a,b) = 0$)

3.3.2. Méthode de classification et représentation graphique

Dans une classe toutes les paires de souches possèdent un grand nombre de caractères en commun et peu de caractères sont possédés par toutes les souches de cette classe. On utilise pour cela l'indice de similitude ou de distance **d**.

Par la méthode hiérarchique ascendante :

- On regroupe d'abord les souches les plus semblables (d minimal)
- Puis les souches sont agrégés en grappes ayant un d plus élevé, jusqu'à ce que tous les individus soient progressivement agrégés en une grappe unique.

L'arbre de classification est constitué par la liste des éléments (souches) qui se sont agrégés pour des niveaux hiérarchiques de plus en plus hauts, entre 0 (similitude complète entre 2 souches) et 100%.

Cet arbre est présenté graphiquement par un **dendrogramme**:

Exemple

Soit 6 souches à classer $S_1, S_2, S_3, S_4, S_5, S_6$ soumises à 20 tests. On écrit, pour commencer, les résultats obtenus pour chacune des souches, en notant 0 les résultats négatifs et 1 les résultats positifs pour calculer les indices de distance d (tableau dessous).

Réponses aux tests : 0: caractère négatif; 1: caractère positif																				
Souches/ tests	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20
S_1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
S_2	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0
S_3	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0
S_4	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
S_5	0	1	0	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0
S_6	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0

On calcule l'indice de distance entre toutes les souches 2 à 2 ($S_1 S_2, S_1 S_3 \dots S_1 S_6; S_2 S_3 \dots S_2 S_6; S_3 S_4, S_3 S_5, S_3 S_6; S_4 S_5, S_4 S_6; S_5 S_6$).

S_1	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0
S_2	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0
Nd = 7	x	x			x			x	x	x							x			
Np = 6			x			x					x	x	x		x					

$Nd + Np = 13$; $d(S_1 - S_2) = Nd / Nd + Np = 7/13 = 0.538$; l'indice de distance entre S_1 et S_2 est égal à 0.538.

Quand tous les calculs sont faits, on construit le "tableau en carré"

	S ₁	S ₂	S ₃	S ₄	S ₅	S ₆
S ₁	0	0.538	0.364	0.200	0.500	0.500
S ₂	0.538	0	0.714	0.643	0.733	0.100
S ₃	0.364	0.714	0	0.500	0.200	0.714
S ₄	0.200	0.643	0.500	0	0.62	0.615
S ₅	0.500	0.733	0.200	0.62	0	0.714
S ₆	0.500	0.100	0.714	0.62	0.714	0

L'indice d entre les souches S₂ et S₆ est le plus faible ; ce sont donc les souches les moins différentes ou les plus semblables qu'on va réunir en un même groupe G₁.

On calcule les nouveaux indices de distance entre chacune des souches restantes et le nouveau groupe qui sont la moyenne des indices de chacun des constituants du groupe.

	S ₁	S ₃	S ₄	S ₅	G1
S ₁	0	0.364	0.200	0.500	0.519
S ₃	0.364	0	0.500	0.200	0.714
S ₄	0.200	0.500	0	0.62	0.631
S ₅	0.500	0.200	0.62	0	0.723
G1	0.519	0.714	0.631	0.723	0

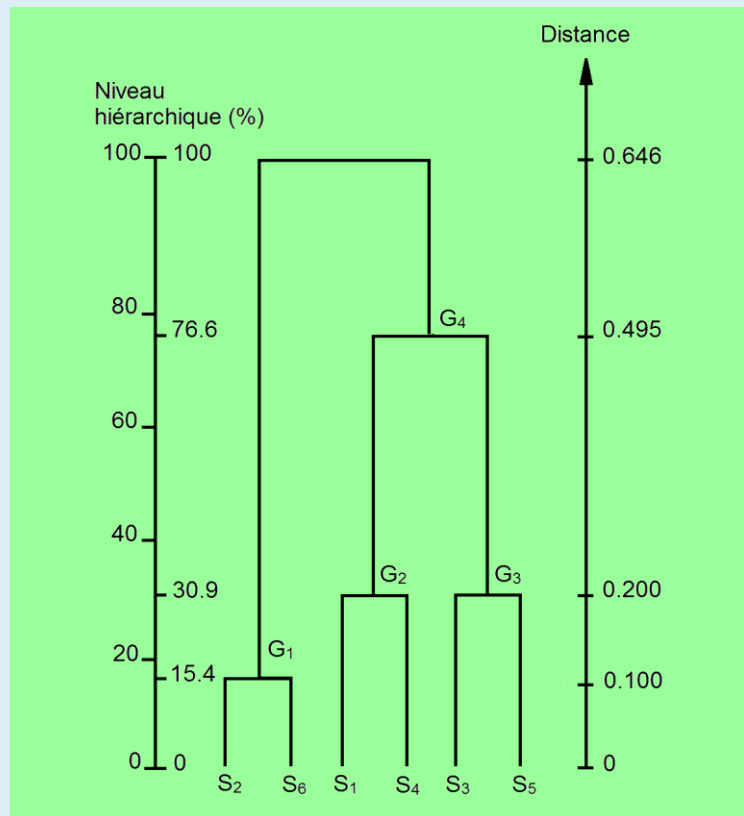
Maintenant c'est S₁ et S₄ ; S₃ et S₅ qu'on va regrouper en G₂ et G₃

	G1	G2	G3
G1	0	0.575	0.718
G2	0.575	0	0.496
G3	0.718	0.496	0

Et maintenant c'est G₂ et G₃ qu'on va regrouper en G₄

	G1	G4
G1	0	0.646
G4	0.646	0

On obtient le dendrogramme représentatif suivant:



Il est admis que les souches présentant 90% de similitudes (ou 10% de différences) appartiennent à la même espèce et qu'à 70%, elles sont du même genre.

On aperçoit la parenté entre les souches S₂ et S₆ qui appartiennent à la même espèce et les souches S₁ et S₄; S₃ et S₅ qui sont de genres différents G₂ et G₃.

3.4. Classification phylogénique

L'étude des caractères phénotypiques d'une souche bactérienne ne donne qu'une information restreinte sur la nature du génome, car les propriétés physiologiques ne reflètent pas la totalité des qualités génétiques (elles sont affectées par intervention de facteurs écologiques, milieux de culture, plasmides...etc.). Le **génotype** doit être étudié pour une classification plus rigoureuse.

3.4.1. Mesure du GC%

Le contenu en bases puriques (G = guanine, A = adénine) et en bases pyrimidiques (C = cytosine, T = thymine) de l'ADN peut varier, mais il est relativement constant pour les individus d'une même espèce (Chargaff - 1945). Ce contenu est exprimé par le G + C % (ou

GC%) qui est défini ainsi (chaque base étant exprimée par sa concentration molaire):

$$\text{GC\%} = (G + C) \times 100 / (A + T + G + C).$$

On admet que les bactéries dont le GC% diffèrent de plus de 3% ne peuvent appartenir à la même espèce et que les bactéries dont les GC% diffèrent de plus de 10% ne peuvent appartenir au même genre. Attention, les valeurs peuvent être identiques sans que les bactéries soient proches (bases disposées de manière différente sur l'ADN).

Le GC% est déterminé par mesure de la température de fusion T_m (melting température) de l'ADN. En chauffant une solution d'ADN, les liaisons hydrogènes sont rompues. Parallèlement la DO à 260nm augmente selon une sigmoïde. Le point d'inflexion de la courbe détermine le T_m où 50% de l'ADN est sous forme simple brin. Le T_m est d'autant plus élevé que le GC% est grand (Fig. 30).

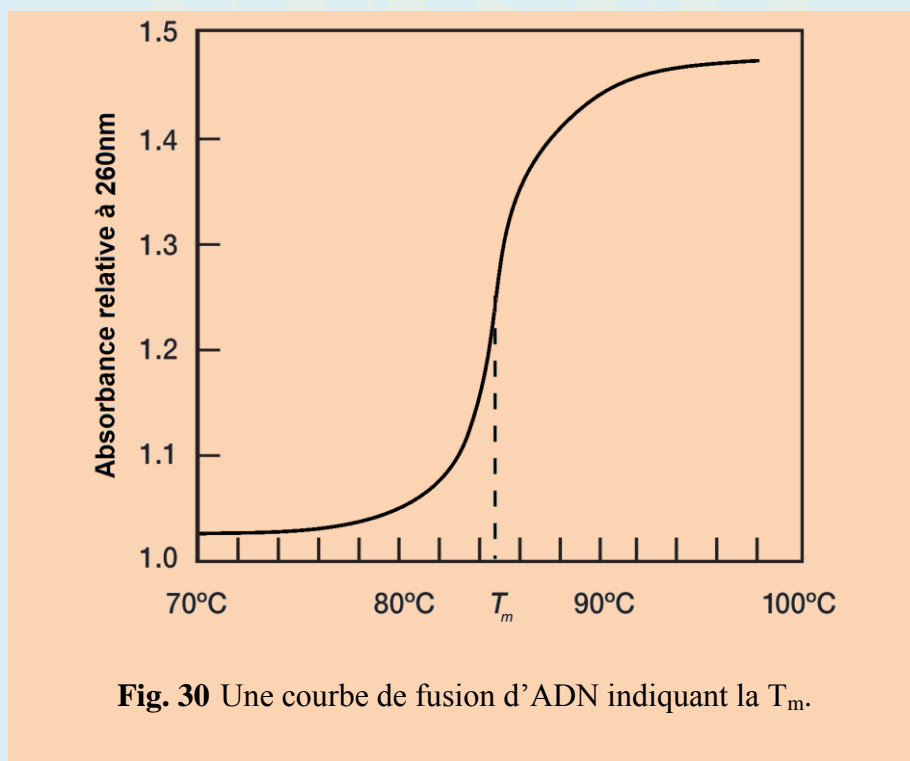


Fig. 30 Une courbe de fusion d'ADN indiquant la T_m .

La détermination du GC% permet de regrouper des souches pour des études complémentaires (hybridation ADN/ADN). Le tableau ci-contre (Tab. 4) représente les GC% de quelques espèces bactériennes.

Tab. 4 Contenu en GC% de quelques bactéries.

Espèce	GC%
<i>Bacillus subtilis</i>	43.5
<i>Escherichia coli</i>	51
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	67
<i>Vibrio cholerae</i>	47.5

3.4.2. Hybridation ADN/ADN

Le chauffage progressif d'un ADN en solution conduit à une dénaturation de la molécule (séparation de ses deux brins). La température de dénaturation augmente avec le nombre de paires de bases GC qui sont reliées par trois liaisons hydrogène. Le refroidissement lent permet la renaturation de l'ADN : les deux brins de l'ADN monocaténaire se réassocient pour reformer une double hélice (Fig. 31).

Les méthodes d'hybridation ADN/ADN sont basées sur le fait que deux molécules d'ADN dénaturées peuvent se réassocier à condition de présenter une homologie.

La renaturation est réalisée à partir d'un mélange de deux ADN dénaturés provenant de bactéries différentes (hybridation). Pour reconnaître la provenance de chaque brin d'ADN dans les hybrides, l'un des ADN est marqué par un isotope radioactif ou par une enzyme. La température optimale de réassociation de l'ADN est inférieure de 25-30°C au T_m .

Deux souches appartiennent à la même espèce lorsque le pourcentage d'hybridation ADN/ADN est >70%. Entre 0-65%, les souches n'appartiennent pas à la même espèce mais peuvent appartenir au même genre.

La stabilité thermique d'un ADN double brin de contrôle (homologue) et celui de l'hétéroduplex reconstitué (hétérologue) permet de mettre en évidence les différences de séquences nucléotidiques entre les 2 ADN. Cette différence définit le ΔT_m . La stabilité

thermique est directement corrélée avec le pourcentage de bases non appariées. La correspondance est d'environ 1% de bases mésappariées pour un ΔT_m de 1°C. Une valeur de 5°C a été fixée comme seuil d'appartenance à une même espèce.

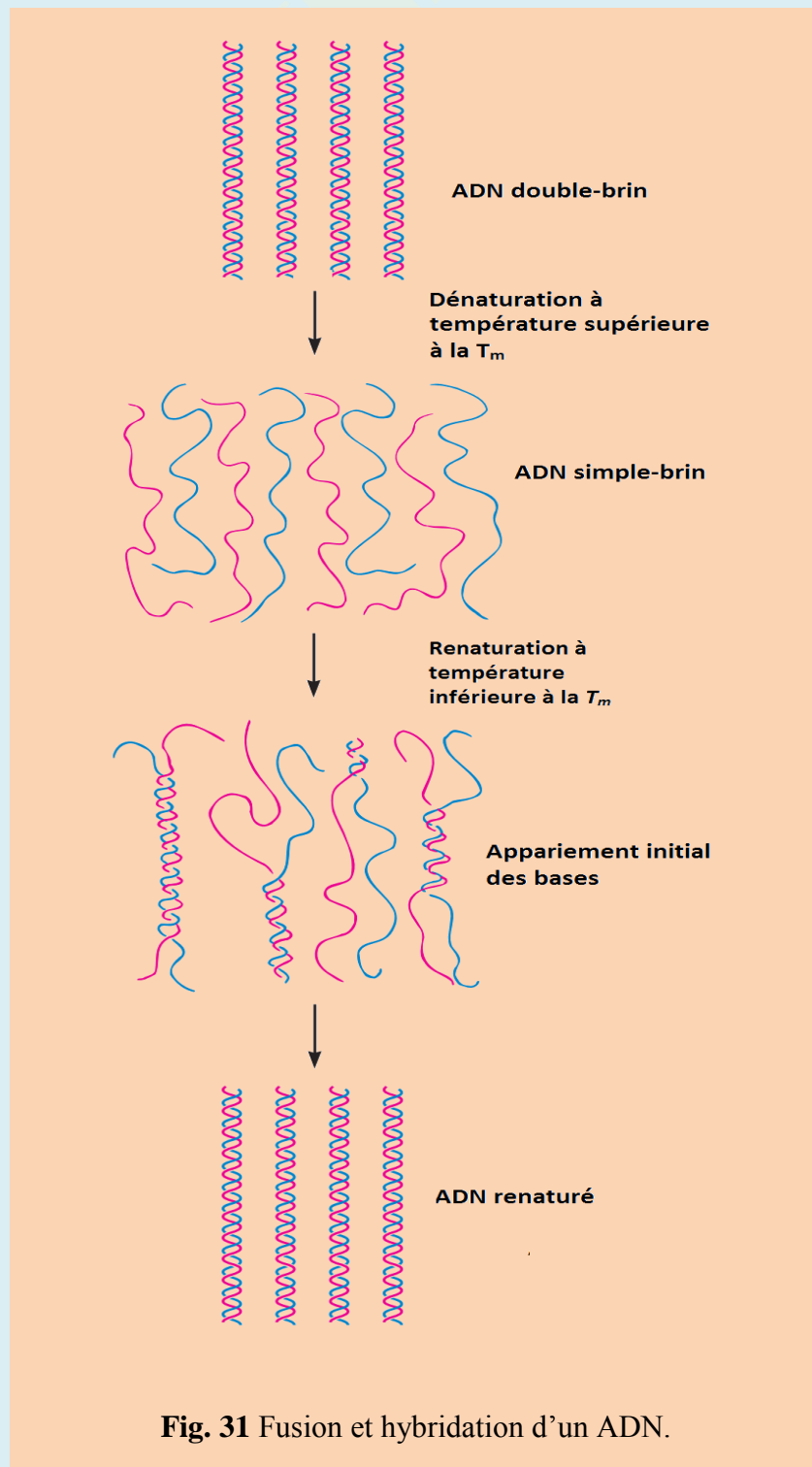


Fig. 31 Fusion et hybridation d'un ADN.

3.4.3. Hybridation ADN/ARNr

L'ADN simple brin à étudier est fixé sur une membrane de nitrocellulose et est hybridé avec une sonde radioactive d'ARNr (16S ou 23S) isolée d'une souche référence.

3.4.4. Etude des ARNr

Les ARNr sont choisis en taxonomie pour plusieurs raisons:

- ils sont présents dans les cellules procaryotes et eucaryotes.
- ils ont structure bien conservée car toute modification pourrait nuire à la synthèse protéique.
- ils ont séquences d'ARNr identiques chez tous les êtres vivants.
- ils sont abondants dans la cellule et donc facilement purifiables.

La stabilité des ARNr est mise à profit pour analyser les relations des bactéries au niveau de l'espèce et à des niveaux hiérarchiques plus élevés. L'ARNr 16S est le plus utilisé. L'ARNr 16S est utile à la classification phylogénétique et à l'identification bactérienne puisqu'il est présent dans toutes les bactéries. Il comporte des séquences conservées (stables) communes à des unités de taxons élevés et des séquences variables spécifiques d'espèces.

En conclusion,

Une espèce est définie phylogénétiquement comme le rassemblement de souches ayant un pourcentage d'hybridation ADN/ADN >70% ainsi qu'un $\Delta T_m < 5^\circ\text{C}$. Toute description d'une nouvelle espèce devrait inclure le séquençage de l'ARN 16S de la souche type et s'accompagner de l'analyse des caractères phénotypiques.

3.5. Classification de Bergey

Publié par Bergey et collègues en 1923, le *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology* renfermait une classification des bactéries qui pouvait être utilisée pour l'identification des espèces bactériennes.

La première édition du *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology* est principalement phénétique (la forme, coloration de Gram, dépendance vis-à-vis de l'oxygène, mobilité, la présence d'endospores, mode de production d'énergie, etc.) Les groupes procaryotes sont répartis dans les quatre volumes de la façon suivante:

- 1- Les bactéries Gram-négatives d'importance générale, médicale ou industrielle.
- 2- Les bactéries Gram-positives autres que les actinomycètes.
- 3- Les bactéries Gram-négatives à propriétés distinctes ; les cyanobactéries et les archéobactéries.
- 4- Les actinomycètes (bactéries filamenteuses Gram-positives).

La seconde édition du Bergey (5 volumes) renferme plus d'informations écologiques sur chaque taxon. Les espèces pathogènes sont placées phylogénétiquement:

Volume 1 : Les Archéobactéries et les Bactéries des branches les plus anciennes et les
Bactéries phototrophes

Volume 2 : Les Protéobactéries

Volume 3 : Les Bactéries Gram-positives pauvres en GC.

Volume 4 : Les Bactéries Gram-positives riches en GC.

Volume 5 : Les Planctomycètes, Spirochètes, Fibrobactéries, Bactéroïdes et Fusobactéries

Le tableau présente l'organisation du *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*.

Tab. 5 Organisation du *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology* (Carroll *et al.*, 2015).

Taxonomic Rank	Representative Genera
Volume 1. The Archaea and the Deeply Branching and Phototrophic Bacteria	
Domain <i>Archaea</i>	
Phylum <i>Crenarchaeota</i>	<i>Thermoproteus</i> , <i>Pyrodictium</i> , <i>Sulfolobus</i>
Phylum <i>Euryarchaeota</i>	
Class I. <i>Methanobacteria</i>	<i>Methanobacterium</i>
Class II. <i>Methanococci</i>	<i>Methanococcus</i>
Class III. <i>Halobacteria</i>	<i>Halobacterium</i> , <i>Halococcus</i>
Class IV. <i>Thermoplasmata</i>	<i>Thermoplasma</i> , <i>Picrophilus</i>
Class V. <i>Thermococci</i>	<i>Thermococcus</i> , <i>Pyrococcus</i>
Class VI. <i>Archaeoglobi</i>	<i>Archaeoglobus</i>
Class VII. <i>Methanopyri</i>	<i>Methanopyrus</i>
Domain <i>Bacteria</i>	
Phylum <i>Aquificae</i>	<i>Aquifex</i> , <i>Hydrogenobacter</i>
Phylum <i>Thermotogae</i>	<i>Thermotoga</i> , <i>Geotoga</i>
Phylum <i>Thermodesulfobacteria</i>	<i>Thermodesulfobacterium</i>
Phylum "Deinococcus-Thermus"	<i>Deinococcus</i> , <i>Thermus</i>
Phylum <i>Chrysiogenetes</i>	<i>Chrysiogenes</i>
Phylum <i>Chloroflexi</i>	<i>Chloroflexus</i> , <i>Herpetosiphon</i>
Phylum <i>Thermomicrobia</i>	<i>Thermomicrobium</i>
Phylum <i>Nitrospira</i>	<i>Nitrospira</i>
Phylum <i>Deferribacteres</i>	<i>Geovibrio</i>
Phylum <i>Cyanobacteria</i>	<i>Prochloron</i> , <i>Synechococcus</i> , <i>Pleurocapsa</i> , <i>Oscillatoria</i> , <i>Anabaena</i> , <i>Nostoc</i> , <i>Stigonema</i>
Phylum <i>Chlorobi</i>	<i>Chlorobium</i> , <i>Pelodictyon</i>
Volume 2. The Proteobacteria	
Phylum <i>Proteobacteria</i>	
Class I. Alphaproteobacteria	<i>Rhodospirillum</i> , <i>Rickettsia</i> , <i>Caulobacter</i> , <i>Rhizobium</i> , <i>Brucella</i> , <i>Nitrobacter</i> , <i>Methylobacterium</i> , <i>Beijerinckia</i> , <i>Hyphomicrobium</i>
Class II. Betaproteobacteria	<i>Neisseria</i> , <i>Burkholderia</i> , <i>Alcaligenes</i> , <i>Comamonas</i> , <i>Nitrosomonas</i> , <i>Methylophilus</i> , <i>Thiobacillus</i>
Class III. Gammaproteobacteria	<i>Chromatium</i> , <i>Leucoxithrix</i> , <i>Legionella</i> , <i>Pseudomonas</i> , <i>Azotobacter</i> , <i>Vibrio</i> , <i>Escherichia</i> , <i>Klebsiella</i> , <i>Proteus</i> , <i>Salmonella</i> , <i>Shigella</i> , <i>Yersinia</i> , <i>Haemophilus</i>
Class IV. Deltaproteobacteria	<i>Desulfovibrio</i> , <i>Bdellovibrio</i> , <i>Myxococcus</i> , <i>Polyangium</i>
Class V. Epsilonproteobacteria	<i>Campylobacter</i> , <i>Helicobacter</i>
Volume 3. The Low G + C Gram-Positive Bacteria	
Phylum <i>Firmicutes</i>	
Class I. Clostridia	<i>Clostridium</i> , <i>Peptostreptococcus</i> , <i>Eubacterium</i> , <i>Desulfotomaculum</i> , <i>Helibacterium</i> , <i>Veillonella</i>
Class II. Mollicutes	<i>Mycoplasma</i> , <i>ureaplasma</i> , <i>Spiroplasma</i> , <i>Acholeplasma</i>
Class III. Bacilli	<i>Bacillus</i> , <i>Caryophanon</i> , <i>Paenibacillus</i> , <i>Thermoactinomyces</i> , <i>Lactobacillus</i> , <i>Streptococcus</i> , <i>Enterococcus</i> , <i>Listeria</i> , <i>Leuconostoc</i> , <i>Staphylococcus</i>
Volume 4. The High G + C Gram-Positive Bacteria	
Phylum <i>Actinobacteria</i>	
Class <i>Actinobacteria</i>	<i>Actinomyces</i> , <i>Micrococcus</i> , <i>Arthrobacter</i> , <i>Corynebacterium</i> , <i>Mycobacterium</i> , <i>Nocardia</i> , <i>Actinoplanes</i> , <i>Propionibacterium</i> , <i>Streptomyces</i> , <i>Thermomonospora</i> , <i>Frankia</i> , <i>Actinomadura</i> , <i>Bifidobacterium</i>
Volume 5. The Planctomycetes, Spirochaetes, Fibrobacteres, Bacterioidetes, and Fusobacteria	
Phylum <i>Planctomycetes</i>	<i>Planctomyces</i> , <i>Gemmata</i>
Phylum <i>Chlamydiae</i>	<i>Chlamydia</i>
Phylum <i>Spirochaetes</i>	<i>Spirochaeta</i> , <i>Borrelia</i> , <i>Treponema</i> , <i>Leptospira</i>
Phylum <i>Fibrobacteres</i>	<i>Fibrobacter</i>
Phylum <i>Acidobacteria</i>	<i>Acidobacterium</i>
Phylum <i>Bacterioidetes</i>	<i>Bacteroides</i> , <i>Porphyromonas</i> , <i>Prevotella</i> , <i>Flavobacterium</i> , <i>Sphingobacterium</i> , <i>Flexibacter</i> , <i>Cytophaga</i>
Phylum <i>Fusobacteria</i>	<i>Fusobacterium</i> , <i>Streptobacillus</i>
Phylum <i>Verrucomicrobia</i>	<i>Verrucomicrobium</i>
Phylum <i>Dictyoglomi</i>	<i>Dictyoglomus</i>