

Taxinomie bactérienne

V. Guérin-Faublée

2005

Les taxons (1)

- **Espèce bactérienne**

Ensemble de souches bactériennes présentant des homologies génétiques se traduisant par des pourcentages d'hybridation ADN - ADN supérieurs ou égaux à 70 % et par une stabilité thermique des hybrides telle que $\Delta T_m \leq 5^\circ\text{C}$

Code international de nomenclature bactérienne

International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology

<http://www.bacterio.cict.fr>

Désignation binominale de l'**espèce**

Escherichia coli

Genre

←
espèce

↓
Sous-espèces subsp., biovars, sérovars, pathovars,

Les taxons (2)

- *Eubacteria*
- *Proteobacteria*
- *Gammaproteobacteria*
- *Pseudomonadales*
- *Pseudomonadinae*
- *Pseudomonadaceae*
- *Pseudomonas* sp.
- *P. aeruginosa*
- **Domaine**
- **Classe**
- **Sous-classe**
- **Ordre**
- **Sous-ordre**
- **Famille**
- **Genre**
- **Espèce**

Bergey's Manual of Systematic Bacteriology

- Règne des "*Bacteria*"
- Divisions

Gracilicutes : bactéries à Gram N

Firmicutes : bactéries à Gram P

Tenericutes = Mollicutes

Mendosicutes = archéobactéries

Classification phylogénétique (Woese *et al.*)

- Bactéries à Gram positif

Clostridies et apparentées GC % bas

Bacillus, Clostridium, Staphylococcus, Streptococcus, mycoplasmes, ...

Actinomycètes et apparentés GC % haut

- Bactéries pourpres photosynthétiques et apparentées

α protéobactéries rhizobactéries, *Nitrobacter*, rickettsies, ...

β protéobactéries *Bordetella, Neisseria, Spirillum, ...*

γ protéobactéries *Azotobacter, Enterobacteriaceae, Pasteurella, Legionella, ...* *Vibrio,*

δ protéobactéries *Desulfovibrio*, myxobactéries, ...

ϵ protéobactéries *Campylobacter, ...*

Classification phylogénétique (Woese *et al.*)

- Cyanobactéries
- Spirochètes et apparentés
 - *Borrelia, leptospires, ...*
- Groupe *Planctomyces*
- *Bacteroides, flavobactéries et apparentées*
- Chlamydies
- Bactéries sulfureuses vertes
- Bactéries vertes non sulfureuses et apparentées
- Microcoques radiorésistants et apparentés
- *Thermotoga et Thermosipho*

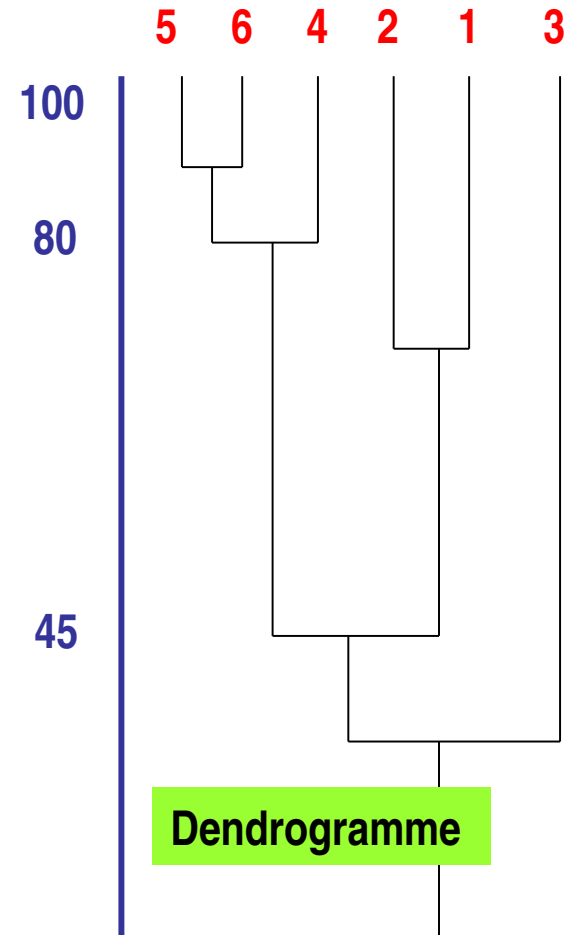
- Taxinomie phénétique
- Taxinomie numérique
- Taxinomie moléculaire
- Taxinomie phylogénétique



Taxinomie polyphasique

Matrice des similitudes

6	1.0					
5	0.90	1.0				
4	0.80	0.75	1.0			
3	0.29	0.30	0.28	1.0		
2	0.42	0.40	0.44	0.31	1.0	
1	0.39	0.41	0.43	0.33	0.70	1.0
	6	5	4	3	2	1



Dendrogramme

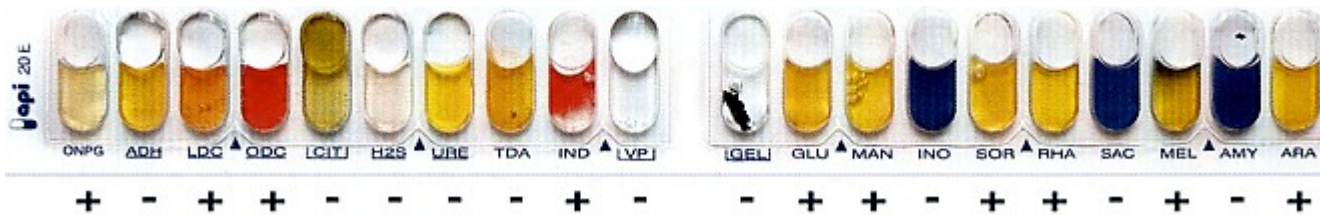
Identification bactérienne (1)

- Méthodes classiques phénotypiques

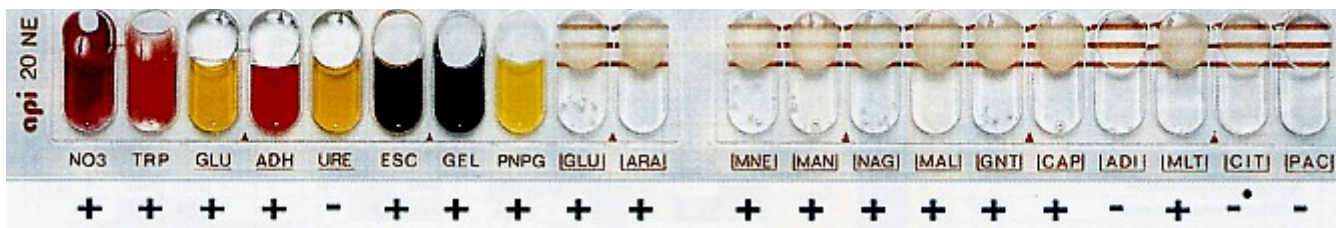
Ensemble de caractères morphologiques, structuraux, culturels, physiologiques, **métaboliques**, antigéniques

Galeries de microtests

Comparaison statistique de la souche à identifier aux souches de la banque de données



Escherichia coli



Aeromonas hydrophila

Identification bactérienne (2)

- Méthodes génomiques moléculaires

Séquençage de l'ADN codant pour l'ARN 16S

Autres

*** ** * *****
IN208/16S1 CCGCA CAAGCGGTGGAGCATG TGGTTTAAATCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGGCTTTGACATCCCAGTGCCTCTAGAGATAGAGCTTTACTTCGGTACATCGGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTA 150
IN213/16S1 -CGCA CAAGCGGTGGAGCATG TGGTTTAAATCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGGCTTTGACATCCCAGTGCCTCTAGAGATAGAGCTTTACTTCGGTACATCGGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTA 149
IN210/16S1 CCGCA CAAGCGGTGGA-CNTGTGGTTTAAATCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGGCTTTGACATCCCAGTGCCTCTAGAGATAGAGCTTTACTTCGGTACATCGGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTA 149
IN209/16S1 CCGCA CAAGCGGTGGAGCATG TGGTTTAAATCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGGCTTTGACATCCCAGTGCCTCTAGAGATAGAGCTTTACTTCGGTACATCGGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTA 150
IN214/16S1 -CGCA CAAGCGGTGGAGCATG TGGTTTAAATCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGGCTTTGACATCCCAGTGCCTCTAGAGATAGAGCTTTACTTCGGTACATCGGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTA 149
IN211/16S1 -CGCA CAAGCGGTGGAGCATG TGGTTTAAATCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGGCTTTGACATCCCAGTGCCTCTAGAGATAGAGCTTTACTTCGGTACATCGGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTA 149
IN207/16S1 --CCNFCAGCGCGGNGCATG TGGTTTAAATCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGGCTTTGACATCCCAGTGCCTCTAGAGATAGAGCTTTACTTCGGTACATCGGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTA 148
IN212/16S1 -CGCA CAGCGGTGGAGCATG TGGTTTAAATCGAAGCAACGCGAAGAACCCTACCAGGCTTTGACATCCCAGTGCCTCTAGAGATAGAGCTTTACTTCGGTACATCGGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTA 149
ruler 1.....10.....20.....30.....40.....50.....60.....70.....80.....90.....100.....110.....120.....130.....140.....150



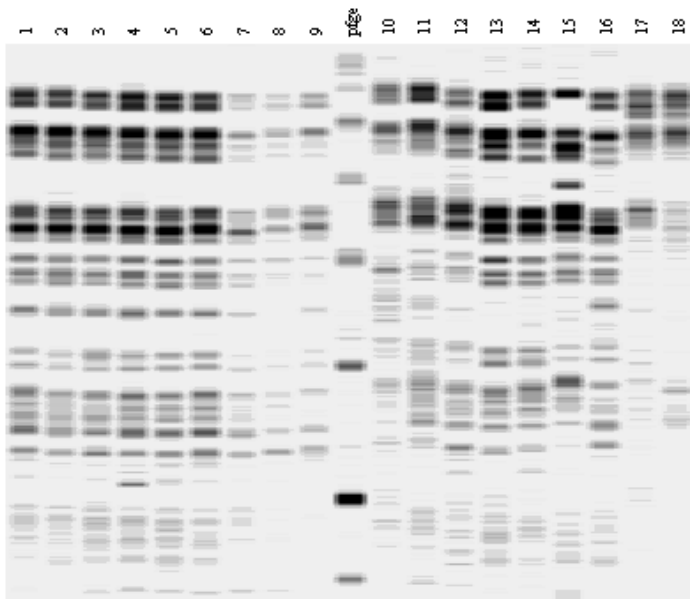
IN208/16S1 GATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATTGTTAGTTGCCATCATTAAAGTTGGGCACTCTAGCGAGACTGCCGGTAAATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACG 300
IN213/16S1 GATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATTGTTAGTTGCCATCATTAAAGTTGGGCACTCTAGCGAGACTGCCGGTAAATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACG 299
IN210/16S1 GATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATTGTTAGTTGCCATCATTAAAGTTGGGCACTCTAGCGAGACTGCCGGTAAATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACG 299
IN209/16S1 GATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATTGTTAGTTGCCATCATTAAAGTTGGGCACTCTAGCGAGACTGCCGGTAAATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACG 300
IN214/16S1 GATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATTGTTAGTTGCCATCATTAAAGTTGGGCACTCTAGCGAGACTGCCGGTAAATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACG 299
IN211/16S1 GATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATTGTTAGTTGCCATCATTAAAGTTGGGCACTCTAGCGAGACTGCCGGTAAATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACG 299
IN207/16S1 GATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATTGTTAGTTGCCATCATTAAAGTTGGGCACTCTAGCGAGACTGCCGGTAAATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACG 298
IN212/16S1 GATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATTGTTAGTTGCCATCATTAAAGTTGGGCACTCTAGCGAGACTGCCGGTAAATAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAAATCATCATGCCCTTATGACCTGGGCTACACACG 299
ruler160.....170.....180.....190.....200.....210.....220.....230.....240.....250.....260.....270.....280.....290.....300

IN208/16S1 TGCTACAATGGTTGGTACAACGAGTCGCAAGCCGGTGACGGCAAGCTAATCTCTTAAAGCCAACTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCGCCCTACATGAAGTCGGAAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCCGGTTGAATACGTT 450
IN213/16S1 TGCTACAATGGTTGGTACAACGAGTCGCAAGCCGGTGACGGCAAGCTAATCTCTTAAAGCCAACTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCGCCCTACATGAAGTCGGAAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCCGGTTGAATACGTT 449
IN210/16S1 TGCTACAATGGTTGGTACAACGAGTCGCAAGCCGGTGACGGCAAGCTAATCTCTTAAAGCCAACTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCGCCCTACATGAAGTCGGAAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCCGGTTGAATACGTT 449
IN209/16S1 TGCTACAATGGTTGGTACAACGAGTCGCAAGCCGGTGACGGCAAGCTAATCTCTTAAAGCCAACTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCGCCCTACATGAAGTCGGAAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCCGGTTGAATACGTT 450
IN214/16S1 TGCTACAATGGTTGGTACAACGAGTCGCAAGCCGGTGACGGCAAGCTAATCTCTTAAAGCCAACTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCGCCCTACATGAAGTCGGAAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCCGGTTGAATACGTT 449
IN211/16S1 TGCTACAATGGTTGGTACAACGAGTCGCAAGCCGGTGACGGCAAGCTAATCTCTTAAAGCCAACTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCGCCCTACATGAAGTCGGAAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCCGGTTGAATACGTT 449
IN207/16S1 TGCTACAATGGTTGGTACAACGAGTCGCAAGCCGGTGACGGCAAGCTAATCTCTTAAAGCCAACTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCGCCCTACATGAAGTCGGAAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCCGGTTGAATACGTT 448
IN212/16S1 TGCTACAATGGTTGGTACAACGAGTCGCAAGCCGGTGACGGCAAGCTAATCTCTTAAAGCCAACTCAGTTCGGATTGTAGGCTGCAACTCGCCCTACATGAAGTCGGAAATCGCTAGTAATCGCGGATCAGCACGCCCGGTTGAATACGTT 449
ruler310.....320.....330.....340.....350.....360.....370.....380.....390.....400.....410.....420.....430.....440.....450

Marqueurs épidémiologiques

- Biovars, Sérovars, Lysovars, Antibiotypes, ...
- Profils de restriction enzymatique de l'ADN (pulsotypes), ...

Pulsotypes PFGE *Xba*I + *Spe*I
Salmonella enterica subsp. *enterica*
Serovar Typhimurium



Enterococcus faecium

homme

poulets

