

# Introduction à la Taxonomie

---

Cet article tente d'approcher simplement les problèmes de classification des êtres vivants et surtout des bactéries.

Inévitablement des erreurs sont présentes... Les signaler !

Actualisé le 13 mai 2021 – La réactualisation sera poursuivie dès que possible.

---

Classer les êtres vivants n'est pas facile et surtout change selon les époques, au gré des progrès de la connaissance. On divisait autrefois en règne animal et végétal, divisions aujourd'hui obsolètes avec les connaissances acquises sur les bactéries, les archées, les champignons.

Aujourd'hui, le DNA a pris le pouvoir dans les classifications. Les êtres vivants dérivant de parents, l'analyse de leur DNA permet de remonter leur histoire ou du moins tenter de le faire (phylogénie).

Pour les bactéries, c'est l'ADN16 S qui est particulièrement utilisé et permet des rapprochements surprenants de coques et bacilles, ou des séparations surprenantes.

Pour les eucaryotes, on se fonde tout autant sur le DNA mais la situation est compliquée de l'intervention d'organites (plastides et mitochondries) dont l'origine bactérienne est très probable. Ces études conduisent à mettre le mildiou, connu comme champignon, vers les algues (ayant perdu leur chloroplaste).

## Vocabulaire

### Nomenclature :

- ensemble des termes d'une science méthodiquement classés (Robert)
- méthode de classement de ces termes (Robert)
- Ensemble organisé des noms scientifiques attribués à des êtres vivants ou fossiles. (GDC)

### Taxon

Groupe d'êtres vivants ou fossiles qui ont des traits communs.

Il ne faut pas confondre le taxon, tel que défini ci-dessus, et les diverses catégories de la taxinomie, qui sont en fait des niveaux de classification (comme la famille, le genre, l'espèce, etc.).

La taxinomie classe les taxons dans des catégories hiérarchisées.

Les principales catégories de taxons sont les suivantes, de la plus grande à la plus petite : règne, embranchement (ou phylum), classe, ordre, famille, genre et espèce.

Il existe aussi des catégories intermédiaires telles que la tribu, la section, la série, la variété et la forme.

Cette hiérarchie peut encore être subdivisée avec l'ajout des préfixes super- et sous- (et parfois infra-) aux catégories déjà énumérées (exemples : sous-espèce, superfamille).

### Taxonomie

Branche des sciences naturelles qui vise à établir une classification systématique et hiérarchisée des taxons dans diverses catégories selon les caractères qu'ils ont en commun, des plus généraux aux plus particuliers.

### Classification

Ensemble de catégories auxquelles peuvent être rapportés des individus de telle sorte qu'ils forment des groupes ayant des caractères voisins. Ces catégories sont souvent hiérarchisées. Les classifications des animaux et des végétaux s'efforcent de traduire le phénomène de l'évolution.

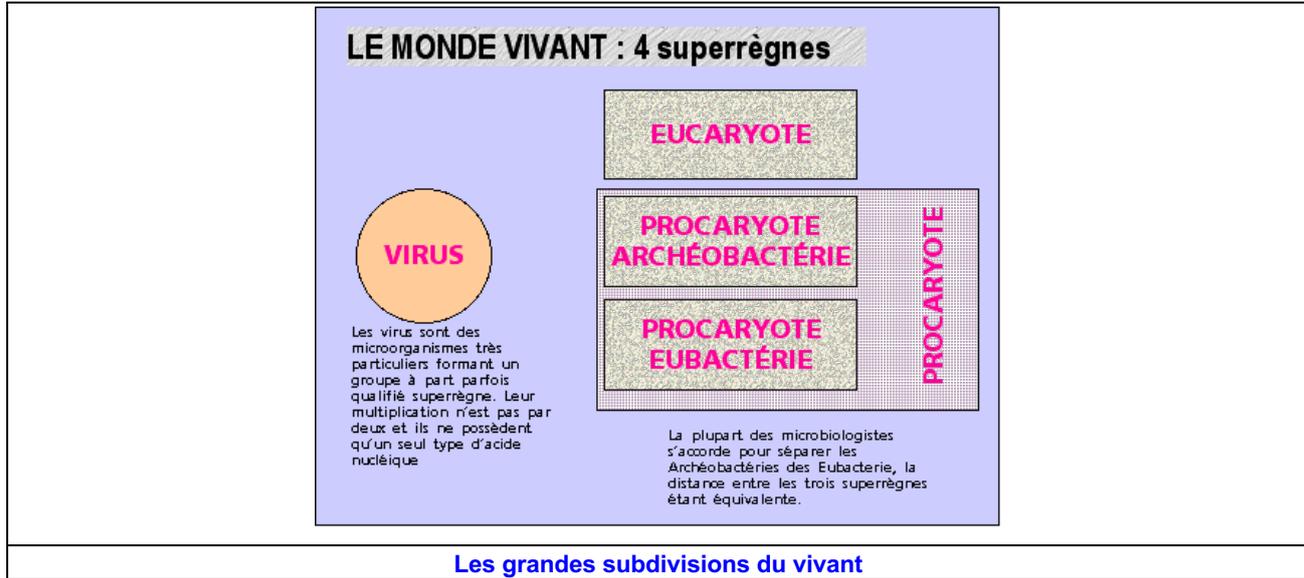
GDC : [http://www.granddictionnaire.com/btml/fra/r\\_motclef/index800\\_1.asp](http://www.granddictionnaire.com/btml/fra/r_motclef/index800_1.asp)

## 1. Les grandes divisions du vivant et principes de classifications

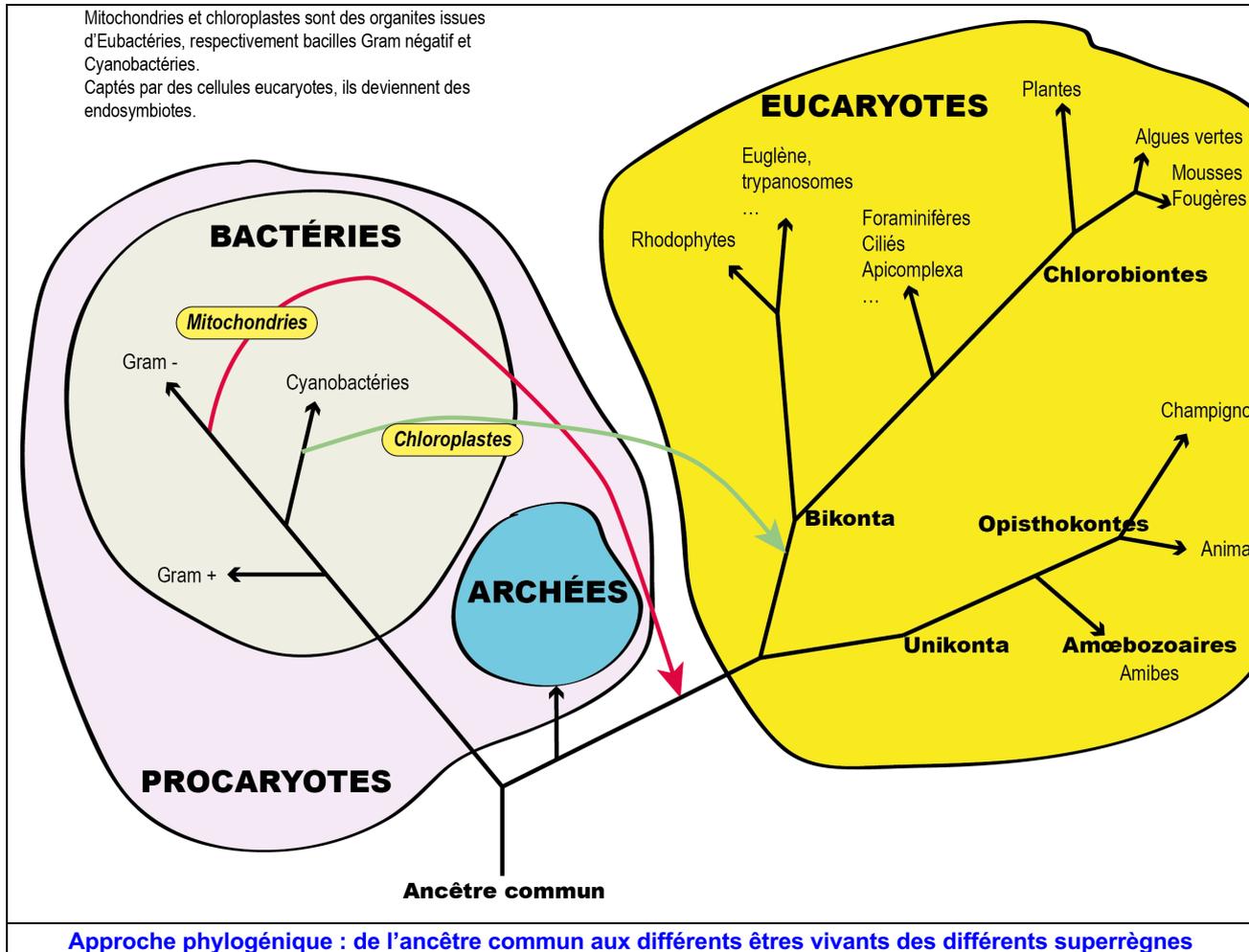
### Grandes divisions

Les virus étant aujourd'hui considérés comme des microorganismes, les grandes divisions sont les suivantes en 2009 :  
 (le concept de virus vivant ne peut qu'être contesté Lire l'article Virologie...)

La classification des êtres vivants subdivise chaque ensemble de la façon indiquée dans le schéma ci-dessous et illustrée d'un exemple bactériologique : La taxonomie c'est l'art de classer.



Note : on peut toujours discuter de la place des virus, pas seulement en les considérant comme inertes (non vivants) mais en raison de leur grande hétérogénéité de structure comme fonctionnelle.



## Histoire des classifications

Le tableau suivant résume les différentes classifications successives des êtres vivants.

Les progrès qui seront réalisés dans les études ultérieures apporteront des modifications sinon un complet remaniement de cette approche.

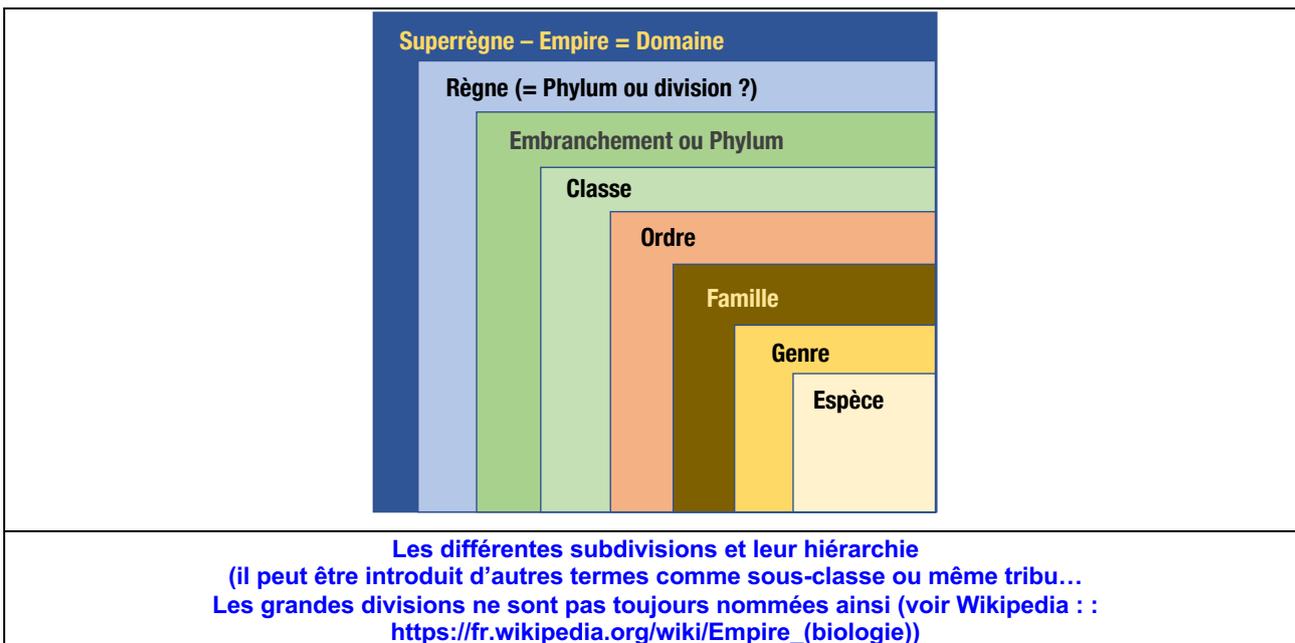
Avant	<u>Haeckel</u> (1894) Trois règnes	<u>Whittaker</u> (1969) Cinq règnes	<u>Woese</u> (1977) Six règnes	<u>Woese</u> (1990) <u>Trois domaines</u>	<u>Cavalier -Smith</u> (2000) Deux empires et huit règnes	
Animal	Animal	Animal	Animal	<u>Eucaryote</u>	Animal	
Végétal	Végétal	Champignon	Champignon		<u>Eucaryote</u>	Champignon
		Végétal	Végétal			Végétal
	Protistes	Protiste	Protiste			<u>Prokaryote</u>
		Monère (procaryotes)	Archéobactérie	<u>Archea</u>		
		Eubactérie	<u>Eubactérie</u>	<u>Prokaryote</u>	Eubactérie	

### Les subdivisions

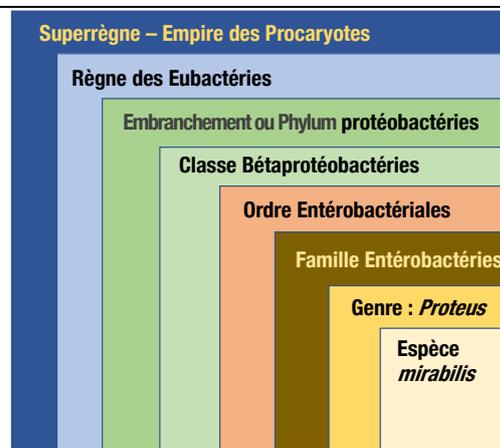
En bactériologie (en microbiologie) cela signifie donc que l'on définit des noms comme *E. coli*. Face à une nouvelle bactérie, en fonctions de certains critères, on pourra alors dire que la nouvelle est un *E. coli* ou non.

Cela revient à donner un nom à une chose de façon à pouvoir nommer ensuite des choses équivalentes, ou encore de définir un objet, de lui donner alors un nom qui prend entre autres le sens de la dénomination de cet objet... OUF !

La hiérarchie utilisée (pour tous les êtres vivants) est la suivante pour les bactéries selon le Bergeys, qui ne distingue pas 4 superrègnes mais trois (les procaryotes restant rassemblés en 2002) :



Les noms et la hiérarchie indiquée sont très variables selon les auteurs. Le choix fait est donc très subjectif ! On peut , par exemple, estimer que les trois grandes classes d'êtres vivants (eucaryotes, archées et eubactéries devraient être des superrègnes...).



Exemple pour une bactérie (*Proteus mirabilis*)

Des subdivisions supplémentaires peuvent être ajoutées : sous-classe, sous-espèce, sérovars, pathovars, biovars, tribu...)

Les règles d'écriture sont les suivantes :

- le suffixe du nom de famille est -aceae (ex : *Enterobacteriaceae*)
- le nom de genre commence par une majuscule, celui de l'espèce par une minuscule. Ils sont écrits en italique (ou soulignés dans les textes manuscrits)
- dans le cas des sérovars, pour les *Salmonella* par ex., le nom usuel du sérovar est précédé d'une majuscule. On doit donc écrire *Salmonella Para A* ou *Salmonella enterica subsp. enterica ser. Para A*.

Voir : [https://fr.wikipedia.org/wiki/Empire\\_\(biologie\)](https://fr.wikipedia.org/wiki/Empire_(biologie))

## 2. Les critères de classification des bactéries phénotypiques historiques

Ces critères sont :

- **morphologiques :**
  - forme du microorganisme
  - couleur au gram
  - présence de structures particulières (capsule, spore ...)
  - mobilité et type de mobilité
- **cultureux et biochimiques :**
  - type trophique
  - type respiratoire
  - capacité d'utilisation d'une source de carbone et les conditions de cette utilisation
  - présence d'un enzyme particulier
  - culture à des températures particulières, à des pH particuliers
  - etc ...
- **antigéniques** (identification d'épitopes)
- **d'attaque par des phages** (lysotypie)
- etc...

Mais cette méthode rencontre de sérieuses limites:

- La forme paraît un bon critère mais :
  - - elle n'est pas toujours stable dépendant souvent des conditions de culture (voir *Moraxella-Acinetobacter*)
  - - elle n'est pas toujours parfaitement définissable ... la différence entre coques et coccobacilles est parfois délicate dans certains cas : Pneumocoque et Streptocoques D sont souvent coccobacillaires, *Klebsiella* souvent coccoïde ...
- La mise en évidence d'une activité enzymatique peut, elle-même, être interprétée de différentes façons :

- Une activité enzymatique donnée peut correspondre à plusieurs enzymes différentes dans leur structure primaire. Ces différents enzymes peuvent avoir des spécificités et une affinité différentes pour les substrats.
- La reconnaissance d'un substrat peut être différente : l'hydrolyse de l'ONPG est une coupure de la molécule en ses deux parties, galactose et ortho-nitro-phénol (ONP) relié par une liaison  $\beta$  osidique. L'enzyme peut probablement reconnaître la partie  $\beta$ -galactosyl ou la partie ONP fixé en  $\beta$ . Deux activités enzymatiques très différentes peuvent ainsi être individualisées, l'une spécifique de la partie  $\beta$ -galactoside ( $\beta$ -galactosidase) et l'autre spécifique de la partie  $\beta$ -ONP.
- D'autre part, une bactérie peut posséder une  $\beta$ -galactosidase hydrolysant le lactose sans que cet enzyme puisse hydrolyser un  $\beta$ -naphthyl-galactoside ... (bactérie lac +,  $\beta$ -galactosidase - en galerie API20 Strepto)
- **La mise en évidence d'un épitope** est précise mais deux épitopes égaux peuvent appartenir à des taxons éloignés : (*E. coli* K1 et *Neisseria meningitidis* B par exemple)
- **Le nombre de caractères testés est faible** : 100 tout au plus alors que le génotype d'*E coli* par exemple est de 5000 Gènes...

Pendant très longtemps, ce furent pourtant les seuls critères accessibles, représentant le phénotype du microorganisme. Les caractères cachés du génotype ceux qui ne sont pas exprimés, n'étaient pas accessibles. Depuis les grandes découvertes de la biologie moléculaire, le matériel génétique (l'ADN pour les bactéries) peut être analysé de façon relativement fine ce qui a bouleversé les méthodes de la taxonomie.

### 3. Une première approche du DNA : le GC%

(entre phénotype et génotype)

L'ADN est constitué de deux brins complémentaires antiparallèles liés par des liaisons hydrogène. Chaque brin est un polycondensat linéaire de nucléotides liés par des liaisons phosphodiester. Chaque nucléotide contient un groupement phosphate, estérifiant le désoxyribose lié à une base azotée. Il existe 4 bases différentes dans les ADN, Adénine (A), Guanine (G), les deux bases puriques et Cytosine (C), Thymine, deux bases pyrimidiques. La complémentarité des brins est due à l'union par des liaisons hydrogène des bases : A et T, C et G des deux brins associés. Le nombre de molécules de A est donc égal au nombre de molécules de T, celui de C à celui de G. La molécule d'ADN est caractérisée par la séquence des bases de ses brins, et constitue le support de l'information génétique.

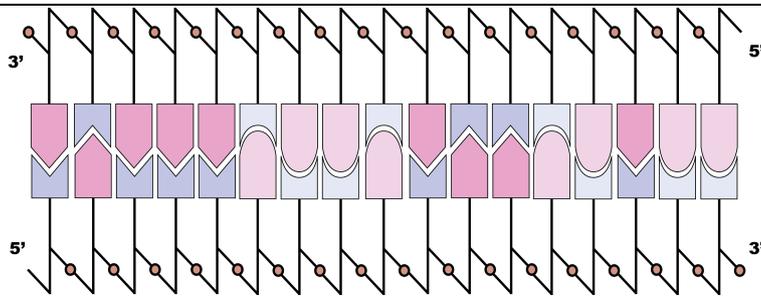
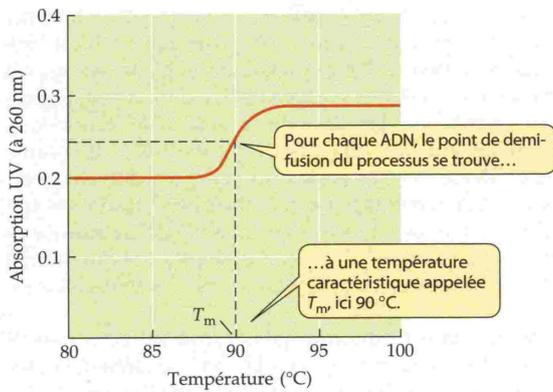


Schéma de l'ADN

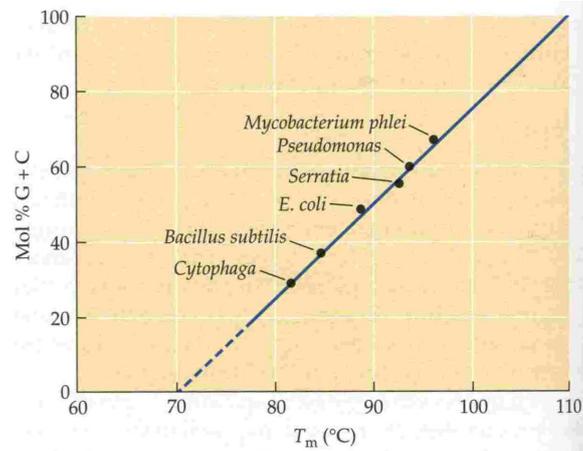
#### Pourcentage molaire des bases (GC%)

Une molécule d'ADN peut être caractérisée par le coefficient de Chargaff, rapport molaire des bases  $(G+C)/(A+T+G+C)$  ou GC %. Ce rapport est mesurable par exemple par chauffage de l'ADN bicaténaire : la température de transition où l'absorbance augmente fortement en raison de la séparation des brins est une fonction du rapport molaire des bases. Mais des molécules d'ADN différentes peuvent avoir des coefficients de Chargaff égaux. C'est par exemple le cas de l'ADN humain et de celui de *Staphylococcus aureus* ... pourtant très différents ! Toutefois, deux êtres vivants proches doivent avoir des GC % proches. Le GC % permet donc surtout d'affirmer que deux êtres vivants sont éloignés du point de vue génétique...



**Figure 17.8 Courbe de fusion de l'ADN**

La courbe de fusion (ou dénaturation) d'une molécule d'ADN double-brin. Lorsque la température augmente au cours de l'expérience, la molécule d'ADN double-brin est convertie en forme simple-brin et l'absorbance de la solution dans les UV augmente. La température à laquelle 50 % de l'ADN est dénaturé est appelée  $T_m$ . Elle est déterminée à partir de la courbe. Ce phénomène est réversible si la température de la solution est abaissée lentement pour permettre la réassociation des molécules simple-brin.



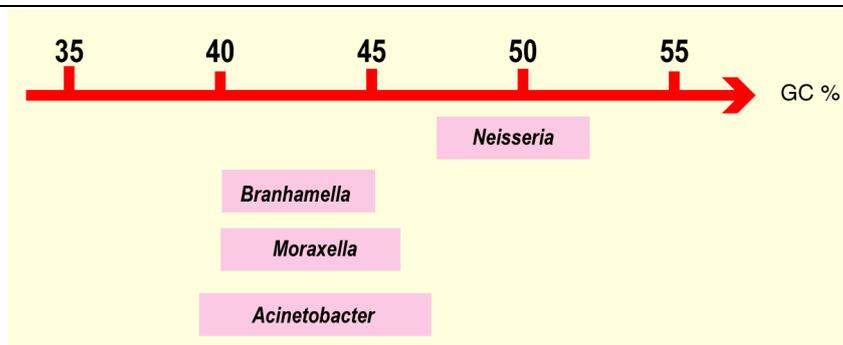
**Figure 17.9 Composition en bases de l'ADN et  $T_m$**

Graphique montrant la relation directe entre le pourcentage molaire en GC et la température de demi-fusion ( $T_m$ ) d'ADN purifié au cours d'expériences de dénaturation par la chaleur

Deux schémas : courbe de « fusion » pour la détermination de  $T_m$  et comparaison de taxons en fonction de  $T_m$  (source à déterminer)

### Exemple des coques Gram -

En voici une application pratique pour l'ancienne famille des *Neisseriaceae* :



**GC% pour les coques Gram -**

Le G+C % varie de 40 à 52 % :

- les bactéries du genre *Neisseria* ont un GC % de 47 à 52 %
- les bactéries du genre *Branhamella* ont un GC % de 40 à 45 %. Elles sont aujourd'hui reclassées dans les *Moraxella*.
- les bactéries du genre *Moraxella* ont un GC % de 40 à 46 %
- les bactéries du genre *Acinetobacter*, temporairement rapprochés de cette famille ont un GC % de 39 à 47 % et forment donc manifestement un groupe inhomogène ...

### Exemple des Proteus

Pour le groupe *Proteus-Providencia*, la mise en évidence d'un G+C % de 50 % pour *Proteus morganii* contre 38 à 42 % pour les autres membres du groupe, a conduit à la définition d'un nouveau genre, le genre *Morganella*.

### Vue d'ensemble des bactéries et des êtres vivants

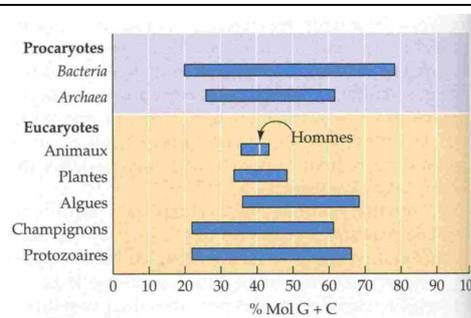
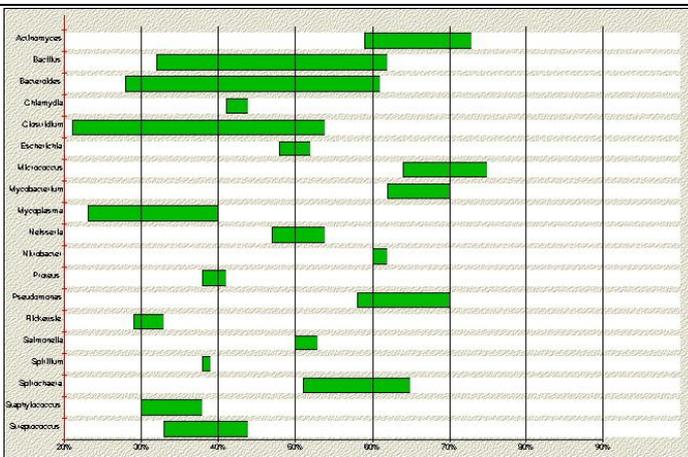


Figure 17.10 Gamme de composition en bases de l'ADN

La gamme du contenu molaire en % de GC parmi divers groupes d'organismes. Remarquez la grande variabilité de pourcentage en GC des bactéries comparée à celle des plantes et des animaux ainsi qu'à d'autres eucaryotes.

## 4. Critères génétiques

### Techniques particulières appliquées au DNA

#### Amplification génique (PCR)

Technique (voir diaporama)

Intérêt :

- les amorces sont SPÉCIFIQUES : on n'amplifie que le DNA cible.
- l'amplification est considérable
- l'amplification peut être QUANTITATIVE (PCR dite en temps réel)
- les amorces, incluses dans les amplifiats, peuvent être marquées (à la biotine par exemple ou radioactivité)

#### Coupe spécifique (enzyme de restriction)

#### Séquençage

(voir biochimie)

#### Électrophorèses des DNA

On peut comparer les DNA par électrophorèse après digestion enzymatique.

### Hybridations globales DNA-DNA

#### Techniques

Les deux brins de l'ADN peuvent être séparés par action de la température. Une fois séparés, les brins d'ADN se réassocient spontanément. On peut ainsi étudier la réassociation de brins d'origines différentes par rapport à la réassociation des brins originaux en mesurant la fraction (pourcentage) de réassociation. Cette fraction est une mesure de l'homologie entre les différents ADN. Une réassociation importante montre que les séquences sont complémentaires, une faible réassociation, qu'elles sont éloignées. Cette étude permettra donc en particulier la mise en évidence d'homologie entre deux ADN. En effet, deux individus de la même espèce peuvent, l'un posséder une enzyme donnée, l'autre ne pas la posséder simplement du fait d'une mutation de l'ADN correspondant rendant la protéine produite inefficace. En ce cas l'hybridation montrera l'homologie des ADN. Mais ces techniques sont très sophistiquées, mettent en jeu souvent la radioactivité, et sont donc pour l'instant réservées aux Laboratoires de recherche.

#### Résultats

Voici un exemple d'application chez les Entérobactéries :

Les deux "genres" *Escherichia* et *Shigella* sont historiquement très différents car phénotypiquement très différents :

- |            |           |               |       |            |
|------------|-----------|---------------|-------|------------|
| ○ E coli   | lactose + | indole +      | LDC + | mobilité + |
| ○ Shigella | lactose - | indole - ou + | LDC - | mobilité - |

Pourtant la comparaison des ADN, pourcentage d'hybridation supérieur à 70 %, montre que ces deux bactéries sont très proches : l'existence du genre *Shigella* n'est pas justifiable par des critères génétiques et l'on devrait l'abandonner.

L'utilisation de sondes nucléiques ou de la PCR est basée de la même façon sur la réassociation spécifique des molécules d'ADN. (voir Sondes et PCR)

## Les Entérobactéries

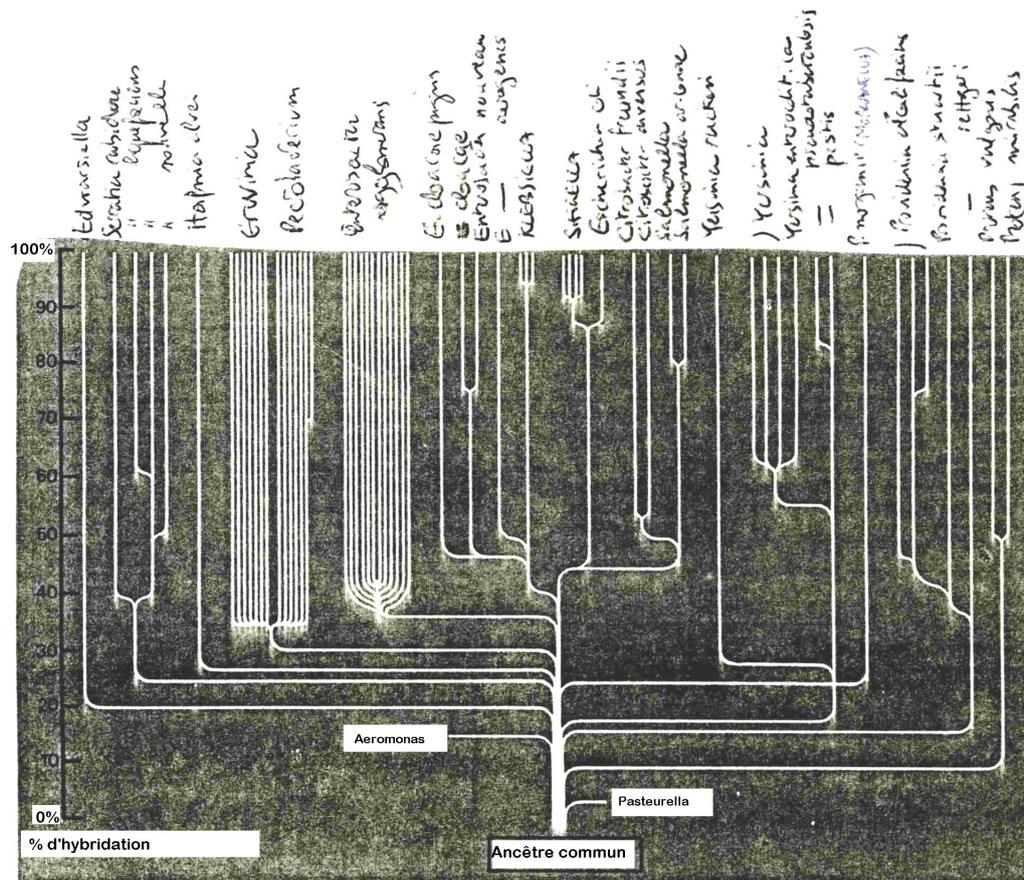


Fig. II-61 - Relations génétiques entre les différentes espèces de la famille des Enterobacteriaceae, obtenues par hybridation ADN/ADN (d'après BRENNER, Prog. Clin. Pathol., 1978, 7, 71-11).

### Hybridations partielles DNA-DNA ou RNA-DNA : sondes et puces

Sonde = séquence de DNA marquée (radioactive, biotynillée...) (on pourrait dire repérable)

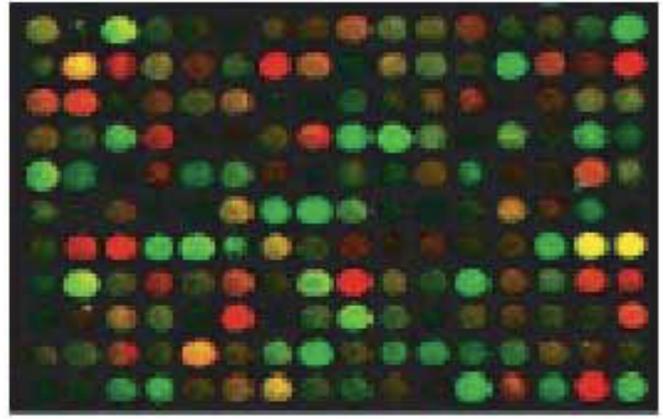
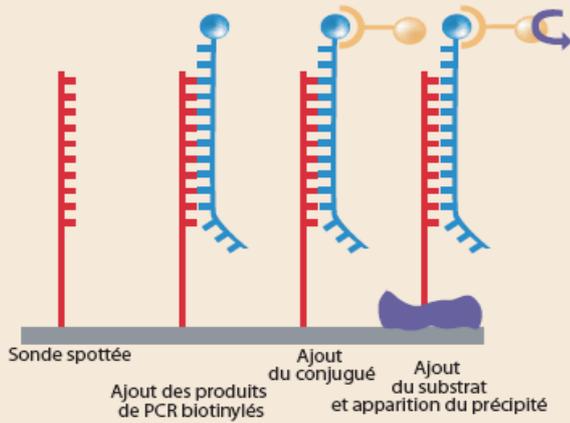
#### Électrophorèse et sondes

Une sonde peut être placée sur le profil d'électrophorèse : elle se fixera spécifiquement sur le DNA complémentaire montrant que la bande correspondante possède une séquence complémentaire.

#### Puces DNA ou dispositifs comparables

- au fond d'un puits ou à un emplacement bien déterminé, est fixée une sonde possédant une séquence connue.
- on ajoute les produits d'amplification réalisés à partir de sonde biotynillées. Les DNA complémentaires se fixent.
- on lave.
- on ajoute un complexe Streptavidine-PAL
- on ajoute le substrat et on lit.
- Il est aussi possible d'utiliser la fluorescence, donc un complexe Streptavidine-molécule fluorescente.

### Principe de la détection sur puce par colorimétrie



### Exemple : une puce dédiée à la détection des pathogènes responsables de mammites

Notre partenaire taiwanais a déjà développé plusieurs applications qui fonctionnent en routine en Asie : une puce dédiée à la détection des enterovirus, une pour la détection des virus de la crevette (marché très important en Asie !) et une pour la détection des pathogènes alimentaires (salmonelles, *E. coli*, *S. aureus* et bientôt *Listeria*).

Dédiée au secteur vétérinaire, une puce "mammites" permet la détection de 6 espèces et 1 genre bactérien responsables de mammites chez la vache : le genre streptococcus, *S. agalactiae*, *S. dysgalactiae*, *S. uberis*, *S. aureus*, *E. coli*, *S. bovis*.

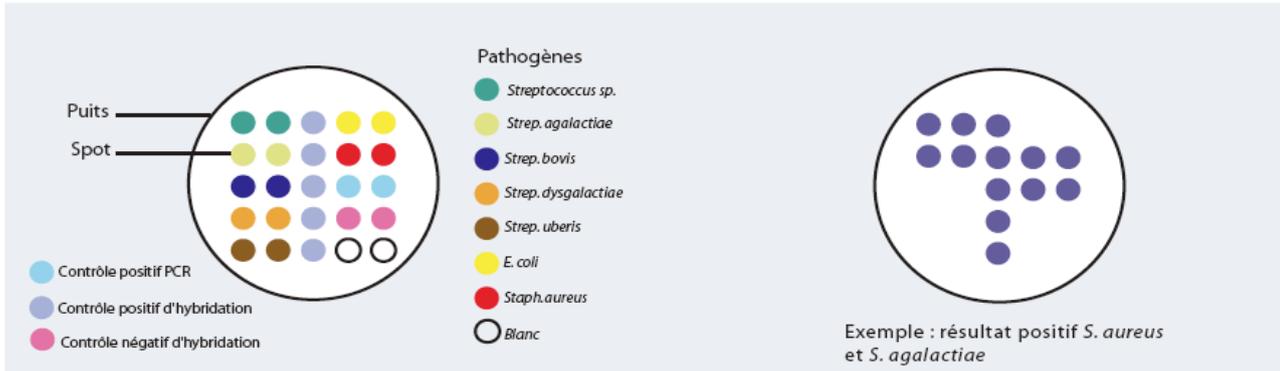
Après une PCR multiplexe (un seul tube par échantillon), les amplifiats sont déposés sur la puce. Chaque emplacement (spot) est dédié à une sonde spécifique

soit du contrôle interne soit d'un des pathogènes. Après la révélation, le motif qui apparaît donne le résultat. (cf schéma ci-dessous). Un lecteur doté d'un scanner va capturer l'image et l'analyser en la comparant aux profils existants dans sa mémoire.

Aujourd'hui, Adia-gène propose dans le cadre de ses services de Recherche et Développement à façon ce système de puces pour la détection de produits PCR. Mieux adapté que le gel aux PCR multiplexes, ce système a également l'avantage d'autoriser l'automatisation.

Au même titre que la PCR, les puces ADN se démocratisent, se simplifient pour devenir un outil de diagnostic supplémentaire conciliant multiplexage et haut débit.

 Solenn Vaillant-Bougis



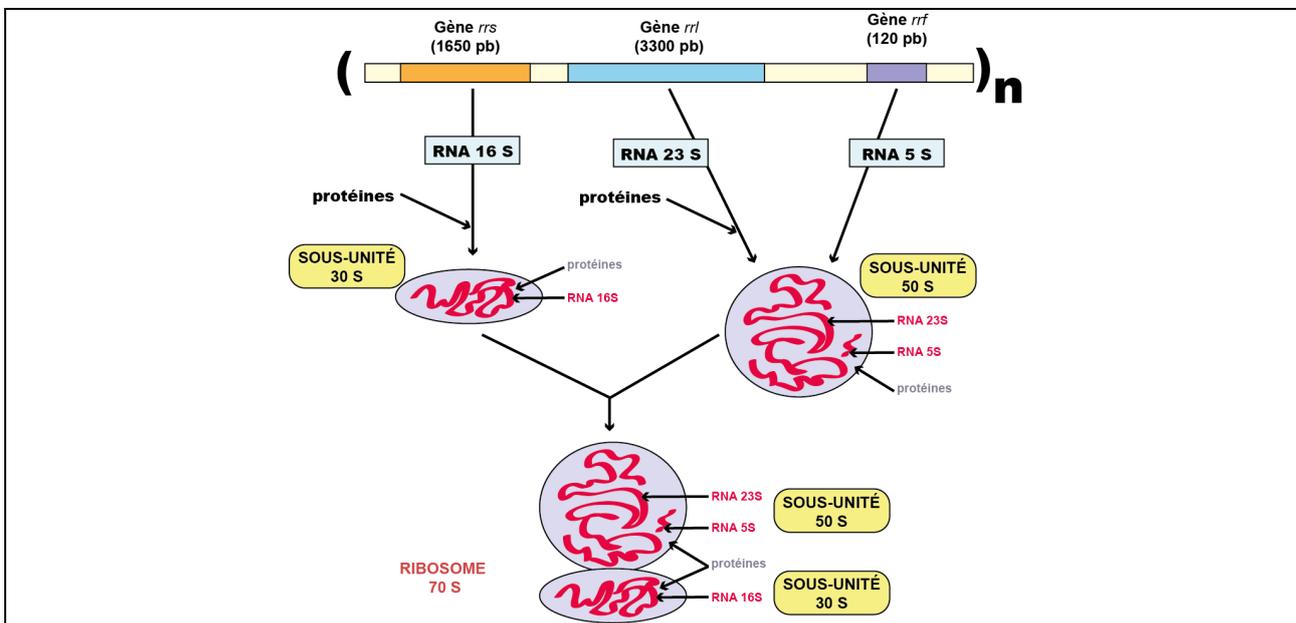
## Séquençage des DNA ou des RNA

La comparaison des DNA peut se faire à partir de leur séquençage (total ou partiel).

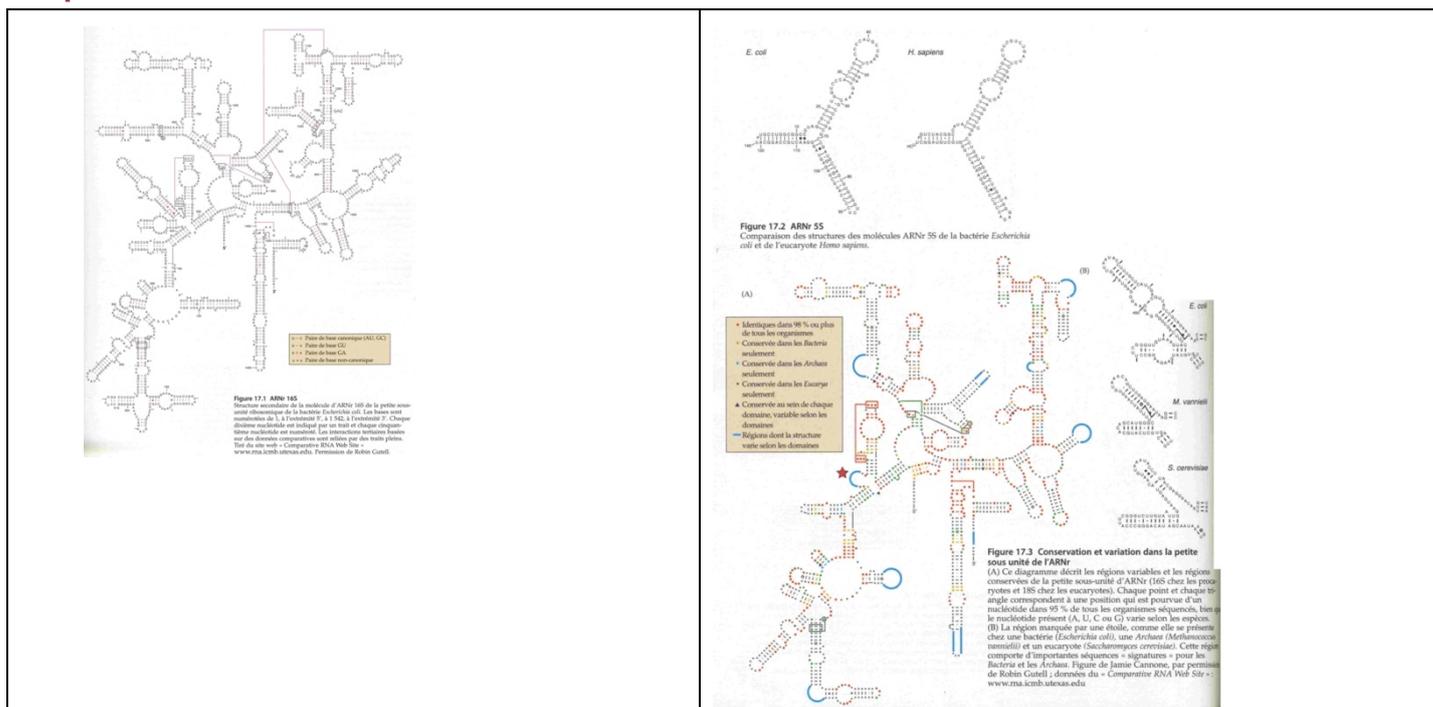
Il est utilisé dans certains LABM hospitaliers.

Cas du DNA 16S

### Situation du DNA 16S



## Comparaison des RNA 16 S homme-E. coli



## Comparaison de DNA par électrophorèse

- coupure par des enzymes de restriction (plusieurs enzymes peuvent être utilisées). Rappel : une enzyme de restriction découpe le DNA au niveau d'une séquence spécifique présentant un centre de symétrie.
- électrophorèse séparant des bandes de DNA en fonction de leur masse (en général électrophorèse en champ pulsé)
- comparaison des bandes obtenues

Chaque test donne une sorte de code-barre de la bactérie.

En comparant les différents tests, on peut affirmer que deux tests ayant des code-barres différents, sont différents car l'enzyme de restriction utilisée a découpée les DNA différemment en raison de séquences différentes. Dans le cas de code-barres identiques, il n'est pas possible de conclure à l'égalité... mais la présomption est probable. En testant avec une autre enzyme de restriction, la conclusion pourra être affinée.

## Exemple du suivi d'une infection

Dans l'exemple décrit ci-dessous, une infection à *streptococcus agalactiae* (B) est suivie au niveau du sang et du LCR de nouveau-nés et de l'infection d'une mère.



## 6. Phylogénétique ou des études de parenté

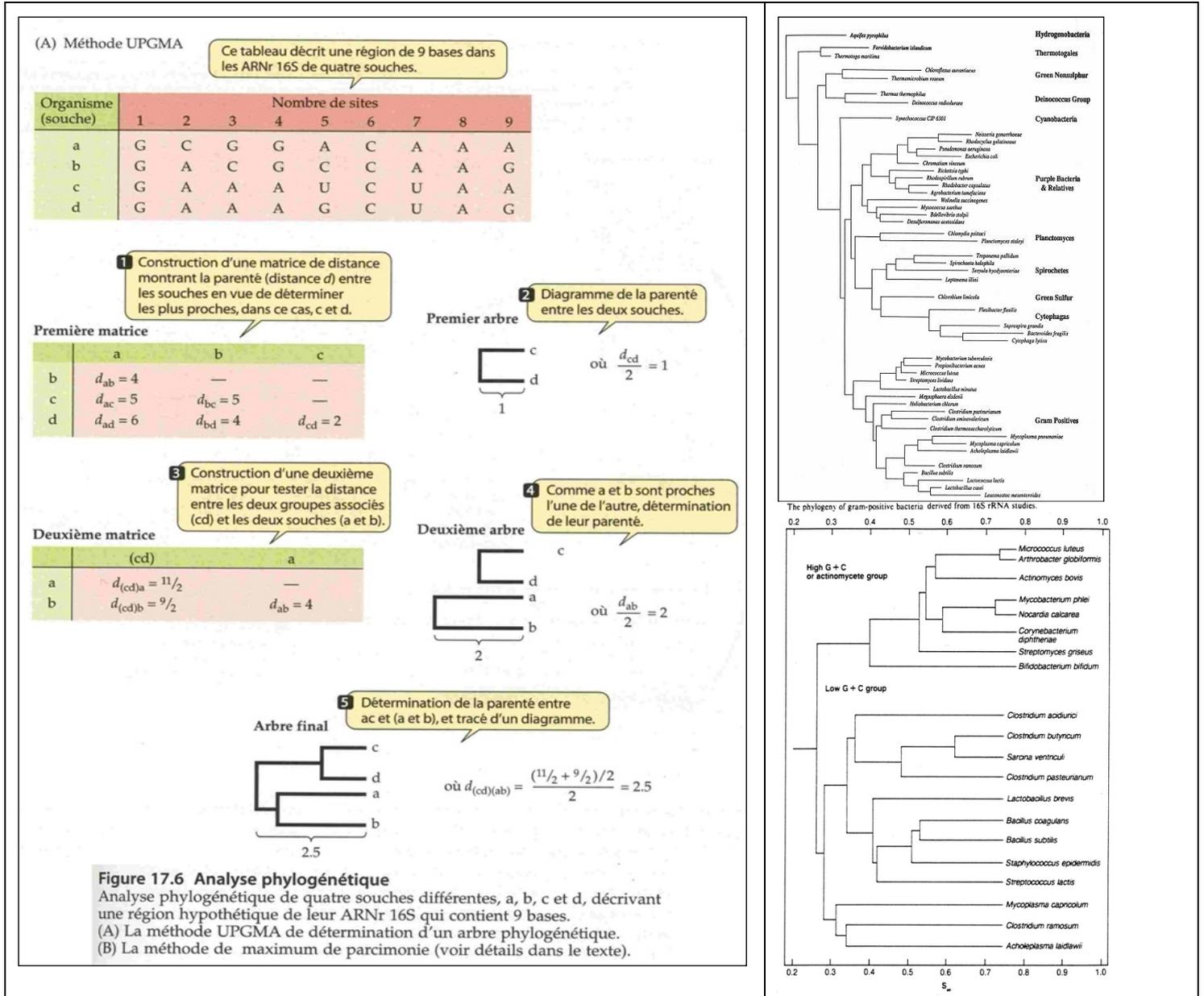
On peut comparer les gènes globalement, ou s'intéresser à des gènes particuliers, comme ceux des DNA 16S.

L'observation des êtres vivants montre des relations entre eux : tous les animaux vertébrés sont construits sur le même modèle avec un axe vertébral et quatre membres, tous les mammifères possèdent des poils et des glandes mammaires...

Ce plan commun subit évidemment des variations conduisant à des individus différents. Mais on peut faire l'hypothèse de la filiation, c'est-à-dire l'existence d'un ancêtre commun.

Cet ancêtre est inconnu et n'existe plus mais, l'étude des descendants, en comparant les séquences et donc les variations de ces séquences, permet de retrouver l'ancêtre : on peut alors construire des arbres.

La phylogénétique est l'art de construire des arbres phylogénétiques permettant de regrouper les taxons en évitant de tenir compte des caractères phénotypiques.



Ces études sont appliquées à tous les êtres vivants : on s'aperçoit ainsi que les hippopotames sont rapprochés non des éléphants, mais des cétacés. La phénotypie est trompeuse...

Comme toute technique, elle a ses limites : il y a de nombreux échanges de DNA entre les êtres vivants qui peuvent perturber ces analyses ! On doit donc toujours conserver un regard critique sur les conclusions apportées.

## 7. Comment utiliser les critères pour Classer

### Les approches

Deux approches différentes peuvent conduire à classer :

- la définition d'une **espèce-type**, démarche première,
- l'approche globale de la taxonomie numérique d'application plus récente.

Dans tous les cas, il faut tenir compte de la grande variabilité du phénotype bactérien.

## Espèce-type

On définit des espèces type (TAXONS) par un ensemble de critères.

Face à chaque bactérie nouvelle, on étudie les mêmes caractères puis l'on compare les résultats avec ceux d'autres espèces types jusqu'à trouver celle qui se rapproche le plus. Si l'on n'en trouve aucune, on sera amené à créer un nouveau sous-ensemble.

Bien entendu, le classement ne porte pas que sur l'espèce mais sur toutes les subdivisions. On peut donc définir le genre-type ...

## Approche globale (taxonomie numérique)

La comparaison de l'ensemble des caractères testés entre les souches testées, permet le calcul des indices de similitude. On tente alors de regrouper différents individus dans des mêmes classes (les TAXONS) en comparant tous les indices. C'est la taxonomie numérique nécessitant une analyse mathématique complexe, et un ordinateur capable de traiter les multiples opérations à faire. Un microbiologiste est utile *in fine* car les limites des classes sont forcément subjectives ...

Ces deux approches phénotypiques portant sur les mêmes micro-organismes se recoupent. Elles doivent d'autre part tenir compte des résultats des comparaisons génétiques, coefficient de Chargaff (GC%) et hybridations qui peuvent en réduire la subjectivité. L'espèce-type définie par ses critères phénotypiques doit être en conformité avec les hybridations DNA/DNA (70% d'homologie pour le genre) qui forment la **technique de référence**.

## Pourcentages

Pour rendre les résultats accessibles aux microbiologistes, ces études de taxonomie numérique confrontées aux autres méthodes conduisent à affecter à un TAXON donné et à un caractère donné un nombre représentant la probabilité pour le caractère et le taxon d'être POSITIF. L'analyse d'une souche donnée vis à vis d'un ensemble de caractères consistera donc à calculer la probabilité de chaque taxon puis à comparer les probabilités obtenues. On pourra alors considérer que le taxon ayant la plus grande probabilité est le bon si toutefois le deuxième est loin ...

Cette probabilité du taxon est égale (si les caractères sont indépendants) au produit des probabilités de chaque caractère, elles-mêmes égales au % de positivité si le caractère est + ou à 100 - % si le caractère est négatif.

Cette méthode est simple à mettre en œuvre mais :

- elle nécessite une base de données rassemblant les valeurs numériques et les différents taxons,
- l'identification ainsi faite ne peut tenir compte des taxons absents de la base,
- le nombre de caractères testés est faible : il peut donc y avoir erreur ... et la compétence d'un microbiologiste est sûrement utile pour vérifier la cohérence d'ensemble de l'opération. Il pourra en particulier tenir compte de critères non utilisés par la base de données ou procéder à des études complémentaires.

En pratique courante, on se contente d'étudier des caractères beaucoup plus accessibles : étude de la dégradation de glucides, de la production d'enzymes ... caractères qui ont bien entendu un support génétique : la présence d'une activité enzymatique montre la présence de l'ADN correspondant. Il existe malheureusement des enzymes différentes capables de réaliser la même catalyse et donc des gènes différents rattachés à une même expression phénotypique.

Après la définition d'un taxon donné, toutes les caractères testés pour les souches du taxon sont rassemblés pour constituer la base de données. L'identification est alors faite en comparant les caractères de la souche étudiée et ceux collectés au préalable.

L'ensemble des données est collecté internationalement dans le «Bergey's manual of determinative bacteriology» qui publie périodiquement l'état de la classification bactérienne.

## Les bases de données. Comment identifier ?

### Les bases de données

A l'heure actuelle s'offrent au microbiologiste, en routine, deux grands types de base de données de principes différents, mais portant sur les mêmes micro-organismes.

La première, la plus ancienne, associe à chaque micro-organisme (taxon) et à chaque caractère un résultat qui peut être : positif, négatif ou variable (par existence de variétés dans le taxon). Exemple:

E coli est    ONPG +    ADH -    LDC + ou -    Indole + ....

La deuxième associe à chaque microorganisme (taxon) et à chaque caractère une probabilité de positivité. Exemple :

E coli est    ONPG: 98 %    ADH: 2 %    LDC: 70 %    Indole: 98 % ....

## Comment identifier ?

L'identification microbienne repose sur deux grands types de méthodes, éventuellement associées, dichotomiques ou probabilistes

### Dichotomiques

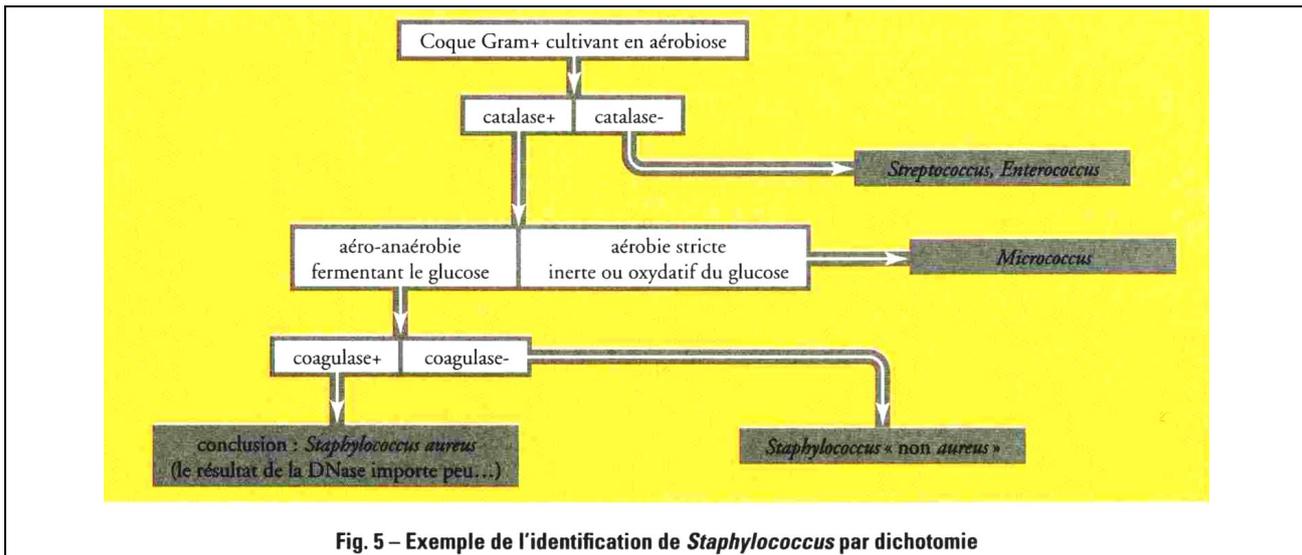
Le nom du micro-organisme est obtenu par choix successifs dans une "base de donnée" en fonction des caractères testés, généralement dans un ordre hiérarchique :

ex: coque gram +, catalase +, aéroanaérobie, fermentant le glucose, coagulase +, DNase+

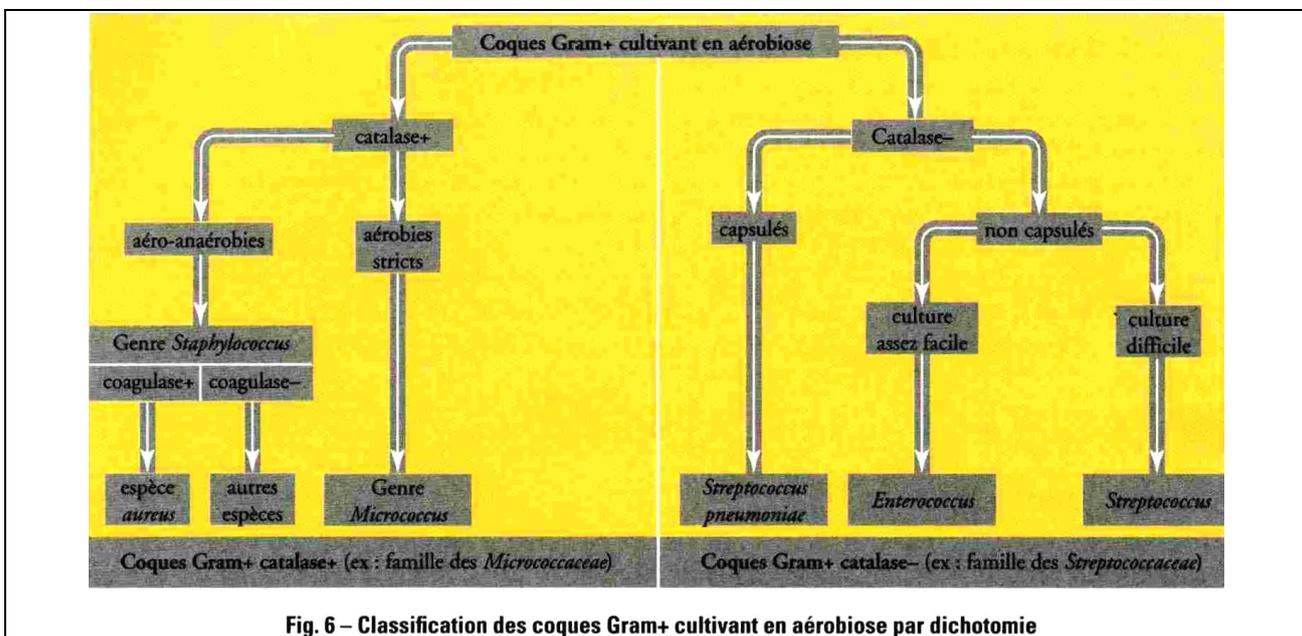
La dichotomie sera appliquée de la façon suivante :

- 1. coque gram + : exclu les autres microorganismes (bacilles gram - ...)
- 2. catalase + : exclu les Streptococcus et permet d'affirmer famille des *Staphylococcaceae* ou des *Micrococcaceae*
- 3. aéroanaérobie, fermentant le glucose : exclu les *Micrococcaceae* (notamment *Micrococcus*), et permet d'affirmer famille des *Staphylococcaceae*
- 4. coagulase + : exclu les *Staphylococcus* coagulase - et permet d'affirmer l'espèce *aureus*.
- 5. DNase+ : confirme le diagnostic précédent. Un résultat négatif ne changerait pas grand-chose.

soit :



pour les coques gram + cultivant en aérobiose, voici la dichotomie simplifiée possible pour leur identification, reprenant les informations du tableau précédent :



On remarquera que deux types de dichotomie peuvent être appliqués :

- une dichotomie systématique : les mêmes critères sont appliqués dans un ordre donné
- une dichotomie telle qu'à chaque "nœud" les critères sont choisis dans le contexte.

## Probabilistes

Le nom du microorganisme est obtenu par un calcul de probabilité à partir des valeurs données à chaque caractère testé dans une base de données numériques. Chaque caractère est affecté, pour microorganisme donné (taxon), d'une probabilité d'être positif (ou négatif ...). Le calcul porte pour chaque taxon sur l'ensemble des caractères testés. Le résultat correspond à la liste des taxons dans l'ordre des probabilités. Le calcul peut être réalisé par un ordinateur qui ne donnera que le nom du taxon le plus probable ou un index donnant le résultat de chaque profil.

Voici un exemple de tels calculs sur un extrait de la base de données API20E.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M
	Base de données	TDA	IND	VP	GEL	P(taxon/profil)	P(taxon/profil)	P(plus typique)	S				
1													
2	profil	+	+	+	+					1,00E-05			
3	<i>Escherichia coli</i>	0	94	0	0	94	0,0%	9,4E+07	-20%	-			
4	<i>Klebsiella oxyto</i>	0	100	91	1	9100	1,7%	9,0E+07	20%	-			
5	<i>Proteus mirabilli</i>	98	2	3	63	37044	7,0%	5,9E+07	36%	-			
6	<i>Proteus vulgaris</i>	99	94	0	52	483912	91,3%	4,8E+07	60%		Proteus vulgaris		
7													
8	FORMULES	en G4 :		PRODUIT(SI(profil="+";B4:E4;100-B4:E4))									
9	MATRICIELLES	en H4		G4/SOMME(G\$4:G\$7)									
10		en I4		PRODUIT(SI(profil="+";SI(B4:E4=0;1;B4:E4);SI(B4:E4=100;1;100-B4:E4)))									
11		en J4		I4/SOMME(I\$4:I\$7)									
12		en K4		PRODUIT(SI(B4:E4<50;100-B4:E4;B4:E4))									
13		en L4		(LOG(I4/K4)-LOG(S))-LOG(S)									
14		en M4		SI(G4=MAX(G\$4:G\$7);\$A4;"-")									
15		en N4		SI(I4=MAX(I\$4:I\$7);\$A4;"-")									

## Exemple du tableau

Cette feuille de calcul (excel) est téléchargeable sur ce site.

Le choix de la galerie est réalisée en sélectionnant le bon onglet.

L'entrée des données se fait sur la ligne 10.

Les résultats sont affichés sur les lignes 3 à 7. Ils sont classés par ordre décroissant de probabilité. Une évaluation est réalisée pour la typicité (le profil est-il habituel pour le taxon identifié) et surtout sur les caractères incompatibles avec le profil (+ alors que le % est 0, ou – alors que le % est de 100 – Ex : si, pour une Entérobactérie on note oxydase +... l'incompatibilité sera signalée mais le calcul réalisé !). Au-delà de deux incompatibilités, le profil n'est pas pris en compte.

API 20E+ (version 4.1)

liste des taxons possibles à partir du plus probable

probabilité "normalisée"

Indice de typicité

Nombre de caractères incompatibles

Conclusion sur la probabilité ou sur la typicité

Classement des taxons en fonction de la probabilité

Probabilité brute

Probabilité normalisée

Indice de typicité

Zone d'entrée des données (le profil)

API 20 E 4.1 02/2006	ONPG	ADH	LOC	ODC	CTT	FS	U	TDA	IND	VP	GEL	GLU	MAN	INO	SCR	RHA	SAC	MEL	AMY	ABA	OX	NO2	K2	MOB	M+S	OPPO	OFF	Classement	P (tacon/ profil)	P (tacon/ profil)	P (plus typique)	T					
profil	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-					1,00E-06					
11 Butliauxella agrestis	100	0	0	95	25	0	0	0	0	0	0	100	100	0	1	99	0	92	99	100	0	100	0	100	100	100	100	161	8.9E+26	0,0%	5,7E+53	-2,97	9				
12 Cedecea davisae	99	89	0	99	75	0	0	0	0	89	0	100	100	10	0	0	100	0	100	1	0	99	0	87	100	100	100	148	1.9E+32	0,0%	4,9E+53	-2,56	7				
13 Cedecea lapagei	99	99	0	0	75	0	0	0	0	99	0	100	99	0	0	0	0	1	100	1	0	99	0	87	100	100	100	121	2.1E+36	0,0%	5,9E+53	-1,90	5				
14 Citrobacter braakii	50	45	0	98	75	81	1	0	4	0	0	100	100	1	100	100	1	91	99	99	0	100	0	95	100	100	100	164	8.6E+28	0,0%	1,3E+53	-3,03	7				
15 Citrobacter freundii	90	24	0	0	75	75	1	0	1	0	0	100	99	25	99	99	99	82	40	99	0	98	0	95	100	100	100	159	2.3E+30	0,0%	1,2E+53	-3,5	3				
16 Citrobacter koseri/amalonicus	99	75	0	100	97	0	1	0	99	0	0	100	100	25	99	99	1	1	98	99	0	100	0	95	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	
17 Citrobacter Koseri/farmeri	99	2	0	100	25	0	1	0	99	0	0	100	100	1	99	99	99	80	99	99	0	100	0	95	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	
18 Citrobacter youngae	100	50	0	1	80	80	0	0	1	0	0	100	100	0	95	100	1	0	25	100	0	85	0	95	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	
19 Edwardsiella hoshinae	0	0	100	99	50	94	0	0	99	0	0	100	100	0	0	1	100	0	0	1	0	100	0	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	
20 Edwardsiella tarda	0	0	100	99	1	75	0	0	99	0	0	100	100	0	0	0	0	0	0	0	0	100	0	98	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
21 Enterobacter aerogenes	99	0	99	98	82	0	1	0	0	85	0	99	99	99	99	99	99	99	99	99	0	100	0	97	100	100	100	100	189	5.2E+18	0,0%	5,9E+53	-4,84	5			
22 Enterobacter amnigenus 1	99	25	0	99	40	0	0	0	75	0	100	100	0	1	100	99	99	99	99	99	0	100	0	92	100	100	100	100	177	3.4E+26	0,0%	2,9E+53	-3,49	7			
23 Enterobacter amnigenus 2	99	80	0	99	80	0	0	0	75	0	100	100	0	0	99	100	1	99	99	99	0	100	0	100	100	100	100	100	176	4.0E+26	0,0%	4,9E+53	-3,51	7			
24 Enterobacter asburiae	100	25	0	99	80	0	0	0	10	0	100	99	25	100	0	99	0	100	100	0	100	0	95	100	100	100	100	167	3.2E+28	0,0%	3,7E+53	-3,18	9				
25 Enterobacter cancerogenus	100	75	0	99	99	0	0	0	99	0	100	100	0	100	100	0	100	0	100	0	100	0	99	100	100	100	100	165	7.9E+28	0,0%	6,3E+53	-3,15	10				
26 Enterobacter cloacae	98	82	1	92	90	0	1	0	85	0	99	99	0	100	100	0	100	0	100	0	100	0	95	100	100	100	100	163	9.7E+28	0,0%	2,9E+53	-3,08	4				
27 Enterobacter gergoviae	99	0	32	100	75	0	98	0	96	0	100	99	0	100	100	0	100	0	100	0	100	0	90	100	100	100	100	180	1.2E+26	0,0%	3,0E+53	-3,57	9				
28 Enterobacter intermedius	99	0	0	99	1	0	0	0	2	0	100	97	0	100	100	0	99	40	100	99	99	0	100	0	92	100	100	100	174	1.9E+27	0,0%	4,3E+53	-3,39	7			
29 Enterobacter sakazakii	100	96	0	91	94	0	1	0	25	91	10	100	100	75	0	100	99	99	99	99	99	0	100	0	96	100	100	100	175	7.7E+26	0,0%	3,1E+53	-3,43	5			
30 Escherichia coli 1	90	1	74	70	0	1	3	0	85	0	99	98	1	99	0	100	82	36	75	3	99	0	100	0	95	100	100	100	141	1.2E+33	0,0%	1,2E+53	-2,34	4			
31 Escherichia coli 2	26	1	45	20	0	1	1	0	50	0	0	99	90	1	4	30	3	3	1	70	0	98	0	5	100	100	100	28	1.8E+38	0,0%	3,4E+52	-1,38	3				

Autres galeries

## Exemple du logiciel php du site upbm.org

Le logiciel impose un accès internet.

Il est réalisé en langage php. Les tableaux sont issus des feuilles de tableur (4.2.) et peuvent contenir des erreurs qu'il faut signaler !

La version actuelle a été réalisée par Antoine GAUDIN.

## Choix de la galerie

lab.upbm.org/identifieur/

UPBM le Lab' Accueil Site de l'UPBM A propos du Lab' Contact Ressources 12

### Identifieur microbien

Logiciel d'identification microbienne en ligne, pour les galeries les plus courantes. Ce logiciel réalise un calcul de probabilité pour les caractères phénotypiques obtenus avec la microgalérie sélectionnée. Il permet une compréhension de l'approche statistique, grâce au mode pédagogique intégré.

**Nouveau** Le calcul avancé, avec exclusions, est désormais disponible.

Choix de la galerie :

- ✓ Sélectionnez...
- api 10S - Identification des Enterobacteriaceae et autres bactéries Gram négatif non exigeantes
- api 20A - Identification des bactéries anaérobies
- api 20CAUX - Identification des levures
- api 20E - Identification de bactéries gram négatif non exigeantes
- api 20E Bacillus - Identification des Bacillus via la api20E
- api 20NE - Identification de bactéries gram négatif non entérobactéries
- api 50CHB - Identification des Bacillus et apparentés
- api 50CHE - Identification des Enterobacteriaceae et Vibrionaceae
- api 50CHL - Identification des Lactobacillus et apparentés
- api Campy - Identification des Campylobacter
- api Candida - Identification des levures
- api Coryne - Identification des corynéformes
- api Listeria - Identification des Listeria
- api NH - Identification des Neisseria et Haemophilus
- api STAPH - Identification des Staphylococcus
- api STREP - Identification des Streptococcus et Enterococcus
- ID 32C - Identification des levures
- ID 32E - Identification des Enterobacteriaceae et autres bG- non exigeants
- ID 32STAPH - Identification des staphylocoques

⚠ Logiciel à usage pédagogique, mis à disposition gracieusement par l'UPBM. Ne PAS utiliser pour un usage professionnel - la base de données n'est pas à jour. L'auteur et l'hébergeur déclinent toute responsabilité quant aux résultats fournis par ce logiciel. Merci de signaler à l'auteur toute erreur. Si votre laboratoire ne dispose pas d'une connexion internet satisfaisante, vous pouvez aussi télécharger la version excel de l'identifieur. Attention : les deux bases de données utilisées peuvent parfois diverger, et il est possible qu'occasionnellement un même profil donne deux taxons différents.

[Télécharger](#)

### Exemple de résultat : Premier mode de calcul (pas de prise en compte des caractères exclus)

[Retour](#)  Activer le mode pédagogique

Resaisir un code api :

api 20E	ONPG	ADH	LDC	ODC	CIT	H2S	URE	TDA	IND	VP	GEL	GLU	MAN	INO	SOR	RHA	SAC	MEL	AMY	ARA	OX	NO2	N2	MOB	McC	OF/O	OF/F

api 20E	ONPG	ADH	LDC	ODC	CIT	H2S	URE	TDA	IND	VP	GEL	GLU	MAN	INO	SOR	RHA	SAC	MEL	AMY	ARA	OX	NO2	N2	MOB	McC	OF/O	OF/F	
+	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>						
-	<input checked="" type="radio"/>	<input type="radio"/>																										
?	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>						

Calcul direct **1**    Calcul avec exclusion(s) **35**    Légende

Les calculs proposent (cliquez sur pour voir les détails du profil) :

- Proteus vulgaris group** avec une probabilité de 99.9 % (excellente identification)

99.9%

Les taxons ayant une probabilité trop faible (< 5%) sont éliminés.

## Exemple de résultat : Deuxième mode de calcul (prise en compte des caractères exclus)

Retour

Activer le mode pédagogique

Resaisir un code api :

api	20E	ONPG	ADH	LDC	ODC	CIT	H2S	URE	TDA	IND	VP	GEL	GLU	MAN	INO	SOR	RHA	SAC	MEL	AMY	ARA	OX	NO2	N2	MOB	McC	OFO	OFF

api	20E	ONPG	ADH	LDC	ODC	CIT	H2S	URE	TDA	IND	VP	GEL	GLU	MAN	INO	SOR	RHA	SAC	MEL	AMY	ARA	OX	NO2	N2	MOB	McC	OFO	OFF
+	<input type="radio"/>																											
-	<input type="radio"/>																											
?	<input type="radio"/>																											

Calcul direct 1

Calcul avec exclusion(s) 35

Légende

Les calculs avec exclusion(s) doivent être interprétés avec réflexion. Le pourcentage de probabilité varie évidemment en fonction du nombre d'exclusions - ne pas comparer les pourcentages de taxons ayant un nombre d'exclusions différent - les exclusions sont indiquées en rouge dans le tableau de détail. Ces calculs proposent (cliquez sur  pour voir les détails du profil) :

### Taxon(s) sans exclusion

1. *Proteus vulgaris group*  avec une probabilité brute de 0.0098 % et 0 exclusion
2. *Proteus mirabilis*  avec une probabilité brute < 0.0001% et 0 exclusion

### Taxon(s) ayant une exclusion

3. *Providencia alcalifaciens/rustigianii*  avec une probabilité brute de 18.0764 % et 1 exclusion
4. *Providencia stuartii*  avec une probabilité brute de 1.3294 % et 1 exclusion
5. *Morganella morganii*  avec une probabilité brute de 0.0132 % et 1 exclusion
6. *Providencia rettgeri*  avec une probabilité brute de 0.0030 % et 1 exclusion
7. *Chromobacterium violaceum*  avec une probabilité brute de 0.0002 % et 1 exclusion
8. *Vibrio vulnificus*  avec une probabilité brute < 0.0001% et 1 exclusion

# Quelques commentaires et problèmes sur la taxonomie

## Phylogénie moléculaire et génomes (mars. 2001)

(D'après **BIOFUTUR** 206 - Décembre 2000)  
Très important article...

Tout ramener au génome sans précautions particulière pour réaliser des classifications n'est pas forcément aussi rigoureux que l'on peut l'imaginer. En effet, il faut tenir compte des échanges génétiques qui peuvent être très importants entre bactéries. Un exemple avec une eubactérie ayant échangé 15 % de génome avec une archée thermophile et qui est devenue thermophile... La mise en évidence des gènes risquerait de les rapprocher malgré leurs grandes différences.

En utilisant l'ordre des gènes sur le chromosome bactérien, on semble pouvoir obtenir des données plus solides. Si vous êtes intéressés, je vous conseille donc vivement la lecture de l'original plutôt que ce résumé bien sommaire !

## Bactéries et classification... une Entérobactérie oxydase + !!! (janvier 2001)

L'Opéron a apporté une information qui manifestement n'est pas passée inaperçue de notre communauté : ***Plesiomonas* est une Entérobactérie bien qu'oxydase + !**

Cette information n'est pourtant pas nouvelle ! On peut même ajouter que *Plesiomonas* risque de devenir *Proteus shigelloides* !

L'idée qu'un seul caractère permet de classer est tout de même quelque peu périmée : qui soutiendrait que la couleur de la peau est un bon moyen de classer les humains ? Il y a déjà plus de 25 ans, un inventeur génial nous apportait les nouveaux concepts en bactériologie avec la galerie API20E, d'ailleurs refusée par les bactériologistes traditionalistes de l'Institut Pasteur (1) mais aussi bioMérieux et autres fabricants. Ce concept était avant tout la somme d'une vingtaine de caractères phénotypiques permettant une identification précise. N'oublions pas que *Stenotrophomonas maltophilia*, *Pseudomonas aeruginosa* et autres *Acinetobacter* peuvent être très facilement identifiés par cette galerie API20E même si l'oxydase n'a pas été faite ! (l'oxydase confirmera bien évidemment l'identification des oxydase - ou l'infirmera).

On ne peut donc échapper à la conception génétique de la classification : c'est l'étude du DNA, en particulier par les hybridations DNA-DNA, qui détermine les différentes catégories d'êtres vivants, donc fonde les genres, espèces, ordres... Mais ces études ne peuvent être en général appliquées au travail quotidien de par leur coût : le phénotypage reste l'approche quotidienne et l'on doit donc établir un rapport entre classification génétique et classification phénotypique, tout en gardant à l'esprit que le génotype prime sur le phénotype.

Notre problème pédagogique est l'hyperformalisme dans lequel est faite la bactériologie avec des certitudes qui n'en sont pas. Il faut reconnaître que définir les entérobactéries par x critères stricts n'est pas sérieux. Dire que c'est mieux pour les élèves d'avoir des choses bien carrées n'est pas scientifique et bloque les évolutions ultérieures. La bactériologie est une science où l'on peut montrer que la connaissance n'est pas absolue mais évolutive : pourquoi se priver de cette approche ?

Le problème est donc de classer les bacilles gram négatifs en fonction des critères possibles sans les prendre avec autant de rigueur, c'est-à-dire en précisant que la positivité ou la négativité d'un caractère n'est pas vraie ou fausse mais vraie ou fausse à 99 %, 30 %, 1 %. Peut-on dire les Français sont blancs ? C'est pourtant sûrement vrai à 98%...

Pour les Entérobactéries (Gram - à 100 %?!), il existe des individus particuliers que l'on peut facilement rencontrer (à condition de ne pas se contenter des bactéries de souchier). J'ai isolé sans les chercher :

- o des *Klebsiella* produisant de l'azote au lieu des nitrites, seul caractère défailant de la galerie.
- o des *Yersinia* ne réduisant pas les nitrites.
- o des *E. coli* lactose - ... au grand dam d'élèves ne comprenant pas que c'était possible !
- o des *Hafnia alvei* lactose + (après dénombrement des "coliformes")
- o un *Staphylococcus haemolyticus* aérobie stricte identifié à 100 % par Id32 Staph.
- o etc...

On peut donc, face à un bacille Gram négatif cultivant sur gélose ordinaire (y compris les milieux d'isolement sélectif traditionnels) avoir la démarche suivante : l'oxydase permet une orientation, c'est-à-dire que son résultat va engager un choix (économique) du travail ultérieur, galerie d'identification par exemple. Une fois (le deuxième jour) ce travail complémentaire effectué, l'analyse de l'ensemble des résultats permettra la conclusion en incluant le caractère oxydase. Mais au départ, l'oxydase n'aura servi qu'à choisir le travail à faire pour limiter la dépense, en présumant la nature de la conclusion (Entérobactéries probable si oxydase négative). Une telle démarche justifie l'utilisation de l'oxydase. Il faut bien dire que s'il existait une galerie bacilles Gram négatif (oxydase + et oxydase -) les choses seraient plus simples et plus logiques.

On ne peut donc enseigner des certitudes quand elles sont fausses et que l'élève va les rencontrer. Ce n'est pas un privilège de la bactériologie d'introduire le doute dans les esprits ! Cela n'empêche pas des simplifications pédagogiques inévitables. Mais on ne peut pas introduire les tableaux de pourcentages dans les caractères sans avoir la notion de relativité de la valeur du caractère : cette introduction impose donc la pédagogie du "doute". Elle éviterait la surprise de bactériologistes éminents quand ils rencontrent des *E. coli* lactose -, ne cultivant pas à 44 °C, et les conduiraient peut-être à définir autrement certains concepts !

## COMPLÉMENT DE Pascal PICQUOT

Je suis tout à fait d'accord avec les remarques de Jean-Noël, le concept d'espèce chez les procaryotes est tout sauf clair ! Les techniques que nous sommes amené à enseigner (classification phénotypique) sont pratiques, couramment utilisées, mais totalement inadaptées pour ranger toutes les bactéries existantes dans des "boîtes" bien étiquetées (sans parler des bactéries non-cultivables). En ce qui concerne la classification basée sur les caractères génétiques, JN évoque les manips de réassociation ADN/ADN. Il y en a une autre maintenant utilisée couramment, c'est l'analyse des gènes d'ARN ribosomique 16S (et maintenant 23S).

Schématiquement le procédé est simple : amplification par PCR (avec ou sans extraction préalable de l'ADN), électrophorèse en condition dénaturante (DGGE ou TGGE), séquençage de chaque fragment et comparaison avec des séquences publiées. (JN ajoute : ces études sur les RNA ribosomiques sont importantes en particulier lorsque la distance génétiques entre les microorganismes testés est plus grande, les hybridations DNA-DNA étant plus intéressantes quand la distance est courte)

Lorsqu'on sort du domaine médical ou alimentaire, on s'aperçoit que les classifications phénotypiques présentent des approximations : boues de stations d'épuration, sols etc...

Enfin il ne faut pas oublier les transferts horizontaux d'ADN, courants chez les procaryotes, et qui rende les génomes bactériens très changeant, tout le monde connait le problème de la résistance aux antibiotiques, mais ces transferts peuvent concerner d'autres caractères.

Deux articles intéressants récemment parus :

- OCHMAN et col (2000) lateral gene transfer and the nature of bacterial innovation Nature 405 : 299-304
- ROSELLO-MORA et AMANN (2001) The species concept for procaryotes FEMS Microbiology reviews 25 : 39-67

---

## Taxonomie (octobre 1999)

Sujet difficile...

Lors de l'AG de Bourges, nous avons discuté de taxonomie et il n'est pas sûr que celle que nous adoptons en ce moment soit juste et d'avenir.

Le monde des coques Gram + peut ébranler bien des convictions. Les Coques gram + catalase + sont rassemblés en ce moment dans la famille des *Micrococcaceae*. Pourtant les études génomiques (séquences des RNAr ou hybridations DNA-DNA ou RNA-DNA, ou encore plus simplement le GC%) montrent clairement que les deux genres les plus habituels pour nous n'ont aucun rapport taxonomique hormis les trois caractères cités : comment rassembler dans la même famille des êtres différents ? (les ornithorynques sont-ils des oiseaux ?) Certains taxonomistes parlent de famille des *Staphylococcaceae*...

La même démarche peut être faite pour les coques Gram + catalase - et la famille des *Enterococcaceae* nous éviterait bien des pirouettes pédagogiques ou des incertitudes dans nos mots.

Le site de **JP Euzéby** contient bien des données intéressantes et complètes : <https://psn.dsmz.de/>  
Il sera peut être utile que nous nous en inspirions pour moderniser notre approche du monde bactérien.

## *Aeromonas* dans une urine... (déc 2000)

Nous avons eu la surprise de trouver dans une urine **normale** un *Aeromonas*... (profil API20E sans aucune ambiguïté, lactose utilisé et glucose fermenté en Hajna-Kligler, mais immobile)

Quelqu'un saurait-il si une telle découverte est fréquente ?