

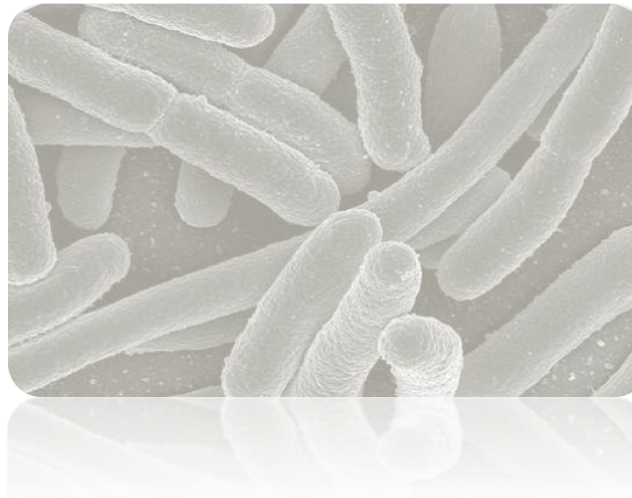
RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE
UNIVERSITÉ 8 MAI 1945 - GUELMA



Faculté : Sciences de la Nature et de la Vie et sciences de la Terre et de l'univers

DEPARTEMENT : BIOLOGIE

Licence : Microbiologie



Support de cours du module :

SYSTEMATIQUE DES PROCARYOTES

PREPARE PAR : DR. TORCHE E.

2016

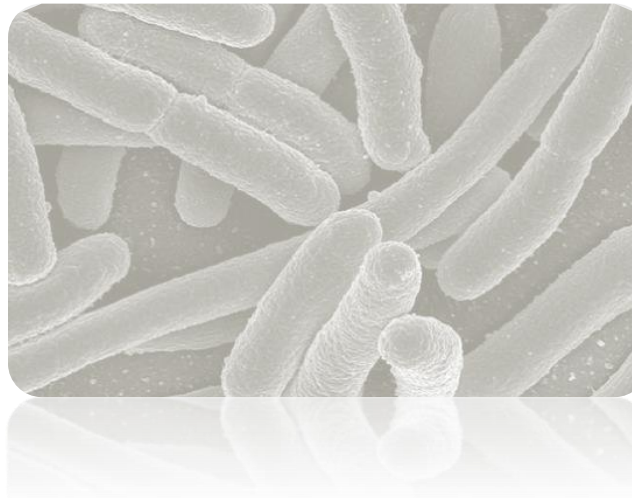
RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE
UNIVERSITÉ 8 MAI 1945 - GUELMA



Faculté : Sciences de la Nature et de la Vie et sciences de la Terre et de l'univers

DEPARTEMENT : BIOLOGIE

Licence : Microbiologie



Support de cours du module :

SYSTEMATIQUE DES PROCARYOTES

PREPARE PAR : DR. TORCHE E.

2016

Liste des figures

Figures	Page
Figure 1 : Structure générale d'une cellule procaryote	2
Figure 2 : Structure hiérarchique en taxonomie	7
Figure 3 : Paroi à Gram (-) et (+)	12
Figure 4 : Profils protéiques issus par une électrophorèse SDS-PAGE	22
Figure 5 : Dendrogramme, de quelques espèces du genre <i>Bacillus</i> et de genres apparentés	23
Figure 6 : Exemple de résultat du séquençage	26
Figure 7 : Arbre phylogénétique du monde vivant d'après Woese et al. (1990)	28
Figure 8 : Les bactéries bourgeonnantes à prosthèque <i>Hiphomicrobium facilis</i> avec hyphes et jeunes jeune bourgeons	31
Figure 9 : <i>Rhizobium leguminosarum</i> (cellule mobile flagellée et bacteroïdes)	31
Figure 10 : L'identification des genres entérobactériens selon la mobilité et les caractéristiques biochimiques	37
Figure 11 : <i>E.coli</i> sou microscope électronique.	40
Figure 12 : Les spirochètes : <i>Cristispira</i> sp	50
Figure 13 : Les spores : a : <i>Bacillus anthracis</i> (spores ellipsoïdales centrales ; b : <i>Clostridium botulinum</i> (spores ellipsoïdales subterminales)	52
Figure 14 : La diversité morphologique des actinomycètes polysporés	59

Liste des tableaux

Tableau	Page
Tableau 1 : Division des Procaryotes	2
Tableau 2 : Quelques différences caractéristiques entre les bactéries Gram (-) et (+)	13
Tableau 3 : Résumé des principaux groupes bactériens, différenciés dans les 4 divisions définies par le Bergey's manual (1994)	16
Tableau 4 : Quelques caractères morphologiques utilisés pour la classification et l'identification	18
Tableau 5 : Quelques caractères physiologiques et métaboliques utilisées pour la classification et l'identification	19
Tableau 6 : Caractéristiques des familles de bâtonnets, anaérobies facultatifs	38
Tableau 7 : Quelques caractéristiques de genres sélectionnés parmi les <i>Enterobacteriaceae</i>	39
Tableau 8 : Caractéristiques de bactéries nitrifiantes représentatives	42
Tableau 9 : Principaux groupes de bactéries photosynthétiques	45

Sommaire

Chapitre	Page
Chapitre 1 : Introduction à la systématique	1
• Procaryotes	1
• Définition de la systématique	4
• Unité de base de la taxonomie	5
• Hiérarchie taxonomique	6
• Les différentes parties de la systématique	7
• La classification du Bergey's manuel	11
Chapitre 2: Les grands groupes de Bactéries	14
• Introduction	14
• Les grands groupes bactériens	14
Chapitre 3 : Principaux types de la taxonomie	17
• Taxonomie phénotypique	17
• Taxonomie moléculaire	24
• Taxonomie phylogénétique	27
Chapitre 4 : Les proteobactéries	29
• La classe des <i>Alphaproteobacteria</i>	29
• La classe des <i>Bétaproteobactéria</i>	32
• La classe des <i>Gammaproteobactéria</i>	33
• La classe des <i>Deltaproteobactéria</i>	41
• La classe des <i>Epsilonproteobacteria</i>	43
Chapitre 5 : Etude des grands groupes bactériens	44
• Les bactéries photosynthétiques	44
• Les <i>Chlamydies</i>	48
• Les bactéries Gram négatives autres que les Proteobacteria	49
• Les bactéries Gram positives	51
Chapitre 6 : Les Archaea	60
• Généralités sur les Archaea	60
• Phylum des <i>Crearchaeota</i>	61
• Phylum des <i>Euryachaeota</i>	62
• Autres phylums	63

PRÉFACE

Cet ouvrage, conçu comme une référence pédagogique, a pour objectif de présenter les bases de la **systematique des procaryotes** aux étudiants de la troisième année de la **licence microbiologie**, ainsi qu'à tous ceux qui dans d'autres disciplines, s'intéressent à cette science.

Ce document est la suite et l'approfondissement des connaissances acquises en L2 (S4) : U.E. de **Microbiologie générale**. Il doit aboutir à un diagnostic bactériologique de l'ensemble des bactéries et des Archaea selon les données de la nouvelle édition du Bergey's Manual (Vol 1, 2, 3, 4 et 5). En plus des caractères classiques de détermination des procaryotes, l'apport de l'outil moléculaire sur lequel se base le Bergey's Manual pour l'identification des bactéries et des Archaea est d'une grande importance.

DR. TORCHE E.
a.torche@yahoo.fr

Chapitre 1 : Introduction à la systématique

1-Procaryotes

Les bactéries et les archaea ont longtemps été rassemblées et considérées comme des procaryotes. Bien que le terme ait été introduit au début du 20^{ème} siècle, le concept de procaryote n'a été complètement esquissé qu'en 1962, lorsque R. Stanier et C.B. Van Niel ont décrit les procaryotes sur la base non pas de ce qu'ils avaient, mais de ce qu'ils n'avaient pas en commun avec les eucaryotes.

Les procaryotes sont des organismes à noyau primitif (du grec *pro*, premier et *karyon*, noyau). Les cellules sont isolées (0,2 à 10 microns) ou en associations simples.

Les cellules procaryotes sont entièrement dépourvues de membrane nucléaire et leur matériel génétique est présent en suspension dans le cytoplasme, sous la forme d'une molécule unique d'ADN bicaténaire et circulaire. Cet ADN renferme l'ensemble des informations génétiques nécessaires à la croissance et à la reproduction de la cellule. Il est répliqué, au moment de division cellulaire par un mécanisme spécifique sans mitose. La division cellulaire ne s'accompagne pas d'un changement de texture.

La plupart des cellules procaryotes, sinon toutes, possèdent en outre de petites molécules circulaires d'ADN extrachromosomiques et transmissibles : les plasmides. Des mécanismes de transfert de gène et de recombinaison existent mais ces processus n'entraînent jamais la formation de zygote par gamétogénèse.

La membrane cytoplasmique est complexe et peut former des vésicules, des lamelles ou des inclusions tubulaires dans le cytoplasme. Les fonctions respiratoires et photosynthétiques sont associées à la membrane cytoplasmique sauf chez les cyanobactéries.

Les ribosomes de type 70S sont dispersés dans le cytoplasme qui est immobile. Les aliments sont assimilés sous leur forme moléculaire. La présence d'une paroi cellulaire n'est pas obligatoire. Les cellules peuvent être immobiles ou mobiles par glissement ou grâce à des flagelles.

Ces organismes souvent ubiquistes sont la plupart du temps unicellulaires mais peuvent former des colonies, des mycéliums ou des filaments.

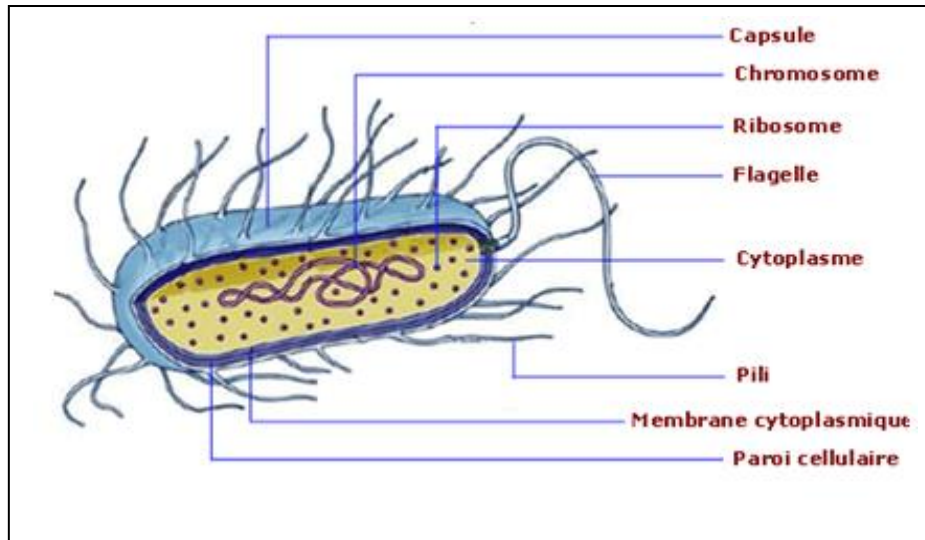


Figure1 : Structure générale d'une cellule procaryote

Dans la deuxième édition du manuel de Bergey, les procaryotes sont divisés en deux domaines : les Archaea et les Bacteria. Tous ces organismes sont formés de cellules procaryotes. Chaque domaine est divisé en embranchement, chaque embranchement en classe et ainsi de suite.

Tableau 1 : Division des Procaryotes

Domaines	2	<i>Archaea</i>	<i>Bacteria</i>
Phylums	34	5	29
Classes	57	9	48
Sous-Classes	6	0	6
Ordres	119	15	104
Sous-ordres	20	0	20
Familles	292	26	266
Genres	2100 environ	108	2000 environ
Espèces	7 300 environ	250 environ	7 000 environ
Sous-espèces	450 environ	0	450 environ

1-1-Les bactéries

On imagine généralement les bactéries comme de petites créatures invisibles et potentiellement dangereuses. Mais en réalité, peu d'espèces de bactéries causent des maladies chez les humains, les animaux, les plantes ou quelque organisme que ce soit.

Le domaine des Bacteria comprend tous les procaryotes pathogènes, beaucoup de non pathogènes présents dans le sol et l'eau, ainsi que les photoautotrophes. Tous ces procaryotes possèdent du peptidoglycane dans leur paroi cellulaire. Les lipides membranaires sont composés de chaînes de carbone droites unies à du glycérol par des liaisons ester. Les Bacteria sont sensibles aux antibiotiques et le codon d'initiation de la synthèse des protéines contient la formylméthionine.

1-2-Les archéobactéries

Le domaine des archéobactéries regroupe les procaryotes dont la paroi cellulaire ne contient pas de peptidoglycane. Ces organismes vivent souvent dans des conditions environnementales extrêmes et ils sont le siège de processus métaboliques exceptionnels.

L'analyse du génome des archéobactéries a montré que même si ces dernières ont des gènes qu'on trouve chez les bactéries, plus de la moitié de leurs gènes leur sont propres.

Les archéobactéries présentent une grande diversité. La morphologie de la plupart de ces microorganismes est ordinaire : sphérique, hélicoïdale ou en forme de bâtonnet mais dans quelques cas elle est tout à fait exceptionnelle.

Certaines archéobactéries sont à Gram positif et d'autres à Gram négatif ; certaines se divisent par scissiparité et d'autres par fragmentation ou par bourgeonnement ; quelques-unes n'ont pas de paroi cellulaire.

Les archéobactéries présentent également une grande diversité physiologique, depuis les aérobies jusqu'aux anaérobies stricts en passant par les anaérobies facultatifs. Du point de vue nutritionnel, ce domaine comprend des chimioautotrophes et des photoautotrophes et des chimiohétérotrophes.

2-Définition de la systématique

La science des lois de la classification, et en particulier de la classification des formes de vie, s'appelle taxinomie (*taxi*= arrangement, ordre ; *nomis*= lois). On dit également taxonomie.

La taxonomie ou taxinomie est l'étude de la diversité des micro-organismes et des relations susceptibles d'exister entre eux. Elle est généralement prise comme synonyme du systématique ou du biosystématique. Donc toute étude de la nature des organismes, quand le gain de connaissance est utilisé en taxinomie, fait partie de la systématique. Ainsi, la systématique englobe des disciplines comme la morphologie, l'écologie, l'épidémiologie, la biochimie, la biologie moléculaire et la physiologie.

Au sens large, la taxonomie est faite de parties séparées, mais reliées entre elle : la classification, la nomenclature et l'identification.

La classification

Dès qu'un schéma de classification est choisi, on utilise pour répartir les organismes en groupes appelés **taxons**, sur la base de leur similarité mutuelle. La Classification définit des groupes ou taxons selon des critères phylogénétiques, phénotypiques et génétiques.

La nomenclature

La nomenclature est la branche de la taxinomie qui donne des noms aux groupes taxinomiques, selon des règles publiées. Elle affecte un nom à ces groupes selon un système binomial découlant des lois de Linné dans lequel un nom latin de genre précède le nom d'espèces.

L'identification

L'identification attribue à une souche inconnue l'un des taxons déjà décrit ou permet de créer un nouveau taxon. C'est le processus pour déterminer si un organisme appartient à une des unités définies (classifiées) et marquées (nommées).

L'objectif de la taxinomie est donc de nommer les organismes vivants et de les classer, c'est-à-dire d'établir des relations entre deux groupes d'organismes et de faire la distinction entre eux. La taxinomie fournit également des points de repère pour l'identification d'organismes classés. Par exemple si on pense qu'une bactérie isolée d'un patient est

responsable d'une maladie donnée, on tente de découvrir une correspondance entre les caractéristiques de bactéries classées et celles de l'isolat afin de reconnaître ce dernier. Enfin en tant que langage universel, la taxinomie est un outil fondamental et indispensable pour les scientifiques.

La taxinomie moderne constitue un champ d'étude fascinant et dynamique. Des techniques récentes, reliées à la biologie moléculaire et la génétique, permettent d'aborder la classification et l'évolution sous de nouvelles perspectives.

3-Unité de base de la taxonomie

L'espèce

On peut définir **une espèce** procaryote simplement comme une population de cellules bactériennes ayant des caractéristiques semblables.

La définition la plus fondamentale d'une espèce de bactérie ou d'archée est un ensemble de souches qui partagent de nombreuses propriétés stables et diffèrent de façon significative des autres groupes de souches. Chaque espèce est assignée à un genre le rang précédent dans la hiérarchie taxonomique.

Toutefois, dans certains cas, des cultures pures d'une même espèce ne sont pas tout à fait identiques. On utilise alors le terme de **souche** pour désigner chaque groupe, une souche étant un ensemble de cellules bactériennes descendantes toutes d'une même cellule mère. On distingue les souches d'une même espèce en faisant suivre l'épithète spécifique d'un numéro, d'une lettre ou d'un nom. Par exemple, la souche *E.coli* O157 :H7 est l'agent responsable de la diarrhée associée à la maladie de hamburger.

Il y a un bon nombre de façons différentes de décrire les souches à l'intérieur d'une espèce.

- Des **biovars** sont des souches variantes caractérisées par des différences biochimiques ou physiologiques,
- Les **morphovars** diffèrent morphologiquement,
- Les **sérovars** ont des propriétés antigéniques distinctives
- Les **pathovars** ont des différences pathogéniques,

- Les **zymovars** différences d'isotypie des enzymes,
- Les **lysovars** différences **de sensibilité à des bactériophages**,
- Les **antibiotypes** différences **de sensibilité aux antibiotiques**,

L'espèce bactérienne est constituée par sa souche type et par l'ensemble des souches considérées comme suffisamment proche de la **souche type** pour être incluses au sein de la même espèce.

La souche type est habituellement une des premières souches étudiées et elle est souvent plus complètement caractérisée que les autres. La souche type de l'espèce est appelée espèce type et devient le détenteur du nom de l'espèce. Ceci assure la permanence des noms quand des révisions de la nomenclature interviennent parce que l'espèce type doit rester dans l'espèce originale. Seules les souches très semblables à la souche type ou à l'espèce type sont incluses dans une espèce.

4-Hiérarchie taxonomique

La classification des microorganismes consiste à les placer dans des niveaux taxonomiques hiérarchiques. Les microorganismes, dans chaque niveau ou rang, partagent un ensemble de caractères spécifiques. Les rangs sont organisés en une hiérarchie non chevauchante, de sorte que chacun d'eux inclure non seulement les traits qui définissent le rang, mais un nouvel ensemble de traits plus restrictifs.

Le rang le plus élevé est le **domaine**, dans chaque domaine, chaque microorganisme est placé (en descendant la classification) dans un phylum, une classe, un ordre, une famille, un genre et une espèce. Certains microorganismes sont aussi attribués à une sous espèce.

Les groupes microbiens de chaque niveau ont des noms avec un suffixe spécifique, indicatif du rang ou niveau. Ainsi les noms de famille se terminent par **aceae** et les noms des ordres par **ales**. Parfois les ordres sont subdivisés en sous ordres dont les noms se terminent par **ineae**

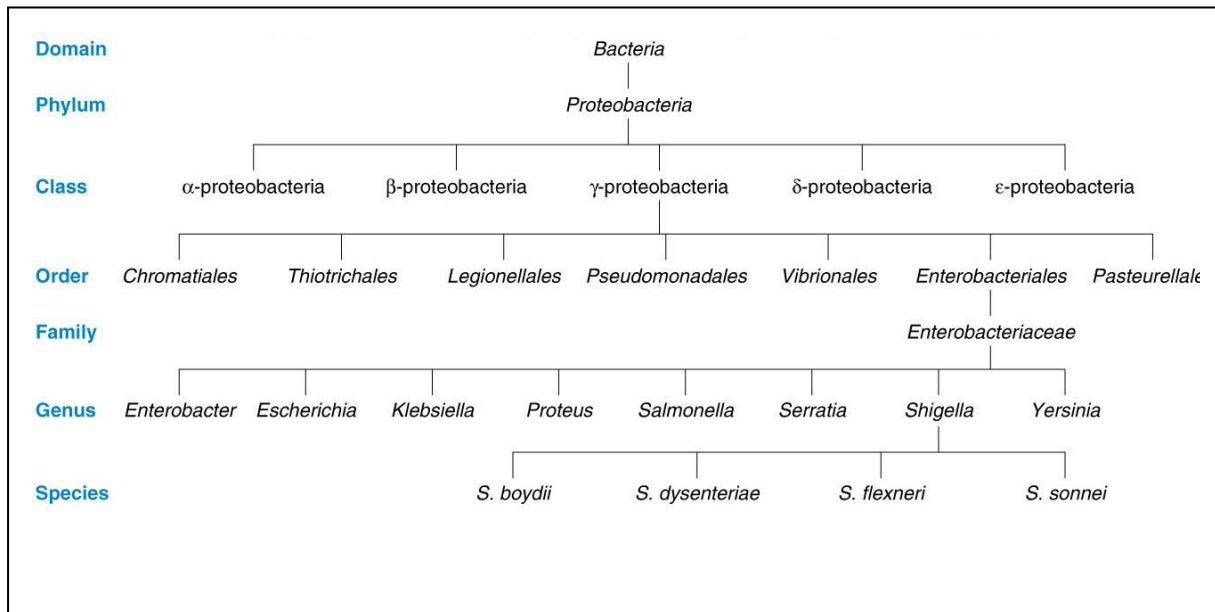


Figure 2 : Structure hiérarchique en taxonomie

5- Les différentes parties de la systématique

5-1-Classification

Il existe deux grands types: artificielle ou naturelle.

5-1-1-Classification artificielle

Elle est basée sur une clé qui regroupe un ensemble de bactéries partageant une même propriété phénotypique : physiologique ou métabolique, aisément reconnaissable par sa présence (+) ou son absence (-). Elle est basée sur la prévalence de quelques caractères choisis arbitrairement.

Ce type de taxonomie est d'un grand intérêt pratique puisqu'il limite a priori le champ d'investigation aux seules bactéries partageant la propriété discriminante.

Cette classification vient du fait que les bactériologistes n'ont pas tous la même approche de la microbiologie (médicale, agroalimentaire, biotech, fondamental, ...). Chaque domaine est tenté d'utiliser ses propres critères pour faire de la classification ce qui implique que certaines bactéries peuvent avoir différents noms.

Ex: *Erwinia hibiicola* (saprophyte des plantes) = *Enterobacter agglomerans* (bactérie intestinale) ou encore *Bacillus cereus* = *Bacillus thurengiensis*.

5-1-2-Classification naturelle

On classe ici les microorganismes avec un maximum de critères sans les hiérarchiser les uns par rapport aux autres.

Il existe deux approches différentes:

- Classification numérique phénotypique,
- Classification phylogénétique.

Les classifications naturelles sont appliquées aux organismes supérieurs et se basent sur l'existence d'espèces clairement identifiées qui à partir d'un ancêtre commun ont évolué différemment. Elles sont basées sur les relations évolutives établies entre les différents taxons.

Chez les bactéries, il existe maintenant de nombreuses techniques d'étude de la composition chimique des bactéries et surtout de leurs structures moléculaires génétiques qui permettent d'établir entre elles des relations phénétiques et phylogénétiques fiables. Les modèles proposés ont pour principe de base l'étude comparative de marqueurs moléculaire, retenus en raison de leur grande stabilité évolutive ou de leur faible variabilité. Ces marqueurs sont soit liés au génome comme l'ADN ou les ARN et les protéines qui en dérivent, soit des molécules structurales telles que les composants membranaires (lipoquinones, acides gras) ou pariétaux (peptidoglycane, acide techoiques).

5-2-Nomenclature

Le système de nomenclature des organismes utilisé aujourd'hui a été mis au point en 1735 par Carl Von Linné. Les noms scientifiques sont en latin parce que c'était la langue employée traditionnellement par les savants. Suivant la nomenclature scientifique, l'appellation de chaque organisme est formée de deux mots : le premier désigne le **genre** et il porte toujours la majuscule ; le second est une **épithète** spécifique (qui désigne **l'espèce**) sans majuscule.

Pour parler d'un organisme, on utilise les deux mots, qui sont soulignés ou écrit en italique. On a l'habitude, après avoir mentionné un nom scientifique une fois, de l'abréger en écrivant la lettre initiale du genre suivie de l'épithète spécifique.

Les noms scientifiques peuvent, entre autre choses, décrire l'organisme, rendre hommage à un chercheur ou nommer l'habitat d'une espèce. Par exemple, considérons *Staphylococcus aureus*, une bactérie qui se trouve communément sur la peau des humains. *Staphylo-* décrit la disposition groupée des cellules ; *coccus* indique qu'elles ont la forme de

sphères. L'épithète spécifique, *aureus*, signifie doré en latin : un grand nombre de colonies de cette bactérie sont cette couleur. Le nom de genre de la bactérie *Escherichia coli* a été donné en l'honneur du scientifique Theodor Escherich, alors que son épithète spécifique, *coli*, nous rappelle qu'*E.coli* habite le colon ou gros intestin.

Le nom de l'espèce est stable ; l'épithète la plus ancienne pour un organisme particulier a la préséance et doit être utilisée. Au contraire, un nom du genre peut changer si l'organisme est versé dans un autre genre à cause d'information nouvelle. Par exemple, certains membres du genre *Streptococcus* ont été placés dans deux nouveaux genres, *Enterococcus* et *Lactococcus* sur base d'analyse des ARNr et d'autres caractéristiques. Ainsi *Streptococcus faecalis* s'appelle maintenant *Enterococcus faecalis*.

Une nouvelle espèce ne peut être reconnue qu'après publication de données génomiques, métaboliques, morphologiques, écologique et de reproduction, dans *International journal of systematic and evolutionary Microbiology*.

Règne	Protistes
Division	Procaryote
Classe	Schizomycètes
Ordre	<i>Micrococcales</i>
Famille	<i>Micrococcaceae</i>
Genre	<i>Staphylococcus</i>
Espèce	<i>aureus</i>
Nom informel (vernaculaire)	Staphylocoque doré
Individu	souche

5-3-Identification

L'identification consiste à placer un individu dans un taxon connu. La souche inconnue est comparée à des espèces déjà décrites (souches types) et le nom de l'espèce la plus similaire est proposé.

L'identification d'une bactérie consiste habituellement à obtenir une culture pure de celle-ci et de la comparer à l'aide de tests variés à un grand nombre d'autres espèces jusqu'à retrouver celle correspondante. L'apport des techniques moléculaires permet parfois de s'affranchir de la mise en culture et de proposer une alternative aux tests biochimiques.

De nombreuses méthodologies existent aujourd'hui pour l'identification et sont basées sur des caractéristiques phénotypiques des germes et de plus en plus moléculaires.

La démarche doit tenir compte de critères de chaque méthodologie et s'organiser selon la forme d'entonnoir en partant du plus simple et informatif au plus compliqué et précis.

En pratique, la détermination du genre et de l'espèce d'un procaryote nouvellement découvert est basée sur la taxonomie polyphasique. Cette approche inclut les caractères phénotypiques, phylogénétiques et génotypiques.

5-3-1-Caractères phénotypiques

Un système phénotypique groupe les organismes vivants suivant la similitude de leurs caractères phénotypiques. Ce système de classification a réussi à mettre de l'ordre dans la diversité biologique et à clarifier la fonction de structures morphologiques. Des organismes qui partagent beaucoup de caractères forment ainsi un seul groupe phénotypique ou taxon.

5-3-2-Caractères phylogénétiques

Le terme phylogénie (du grec *phulon*, tribu ou race et *genesis*, génération ou origine) désigne le développement évolutif d'une espèce. Lorsque Carl Woese et George Fox proposèrent d'utiliser les séquences nucléotidiques de la petite sous-unité de l'ARNr pour évaluer les relations évolutives entre les microorganismes, ils ont ouvert la porte à la résolution de la question posée de longue date sur l'origine et l'évolution des formes de vie majoritaires sur la terre : les microorganismes. La validité de cette approche est maintenant largement admise et il y a actuellement plus de 500 000 séquences d'ARNr 16S et 18S dans les bases de données internationales GenBank et dans le Ribosomal database project (RDP-II).

5-3-3-Caractères génotypiques

En général, la classification génotypique cherche à comparer des gènes individuels ou des génomes entiers. À partir des années 70, il a été largement accepté que les bactéries et archées dont les génomes étaient homologues à au moins 70% appartenaient à la même espèce.

6-La classification du Bergey's manuel

Malgré les problèmes posés par la classification des bactéries, il existe des travaux en ce domaine dont le plus remarquable est certainement le « Bergey's Manual of systematic bacteriology » (communément appelé Bergey's Manual).

En 1923, David Bergey, professeur de bactériologie à l'université de Pennsylvanie, et quatre collègues publièrent une classification des bactéries qui pouvait être utilisée pour l'identification des espèces bactériennes le « Bergey's Manual of déterminative bacteriology ». Ce manuel continue à servir de guide de référence relativement succinct pour l'identification des bactéries basée sur leurs traits physiologiques et morphologiques. Le manuel en un volume en est maintenant à sa neuvième édition.

En 1984, fut publiée la première édition du « Bergey's Manual of systematic bacteriology », il contient la description de toutes les espèces de bactéries et d'archées identifiées à l'époque.

La seconde édition plus récente consiste en cinq volumes dont le premier a été publié en 2001.

Chaque volume couvre un groupe spécifique de microbes et est écrit par les experts de ce domaine particulier qui en détaillent la morphologie, la physiologie, les conditions de croissance, l'écologie et d'autres informations au point de faire de chaque volume une référence appréciée par les microbiologistes.

La seconde édition du Bergey's manuel reflète les progrès énormes accomplis en taxonomie microbienne depuis la première édition, en particulier pour les approches moléculaires de l'analyse phylogénétique.

Les cinq volumes sont les suivants :

Volume 1- les archaea et les bacteria des branches les plus anciennes et les bacteria phototrophes.

Volume 2- les proteobacteria

Volume 3- les bacteria Gram positives pauvres en G+C

Volume 4- les bacteria Gram positives riches en G+C

Volume 5- les planctomycetes, les spirochaetes, les fibrobacteres, les bacteroidetes, les fusobacteria, les chlamydiae, les actinobacteria, les verrumicrobia et les dictyoglomi.

Le volume 5 contient aussi une section qui met à jour les descriptions et les classements phylogénétiques qui auront été revus depuis la publication du volume 1.

Bien que les réponses à la coloration de Gram soient généralement considérées comme caractères phénétiques, elles jouent aussi un rôle dans la classification phylogénétique des microorganismes.

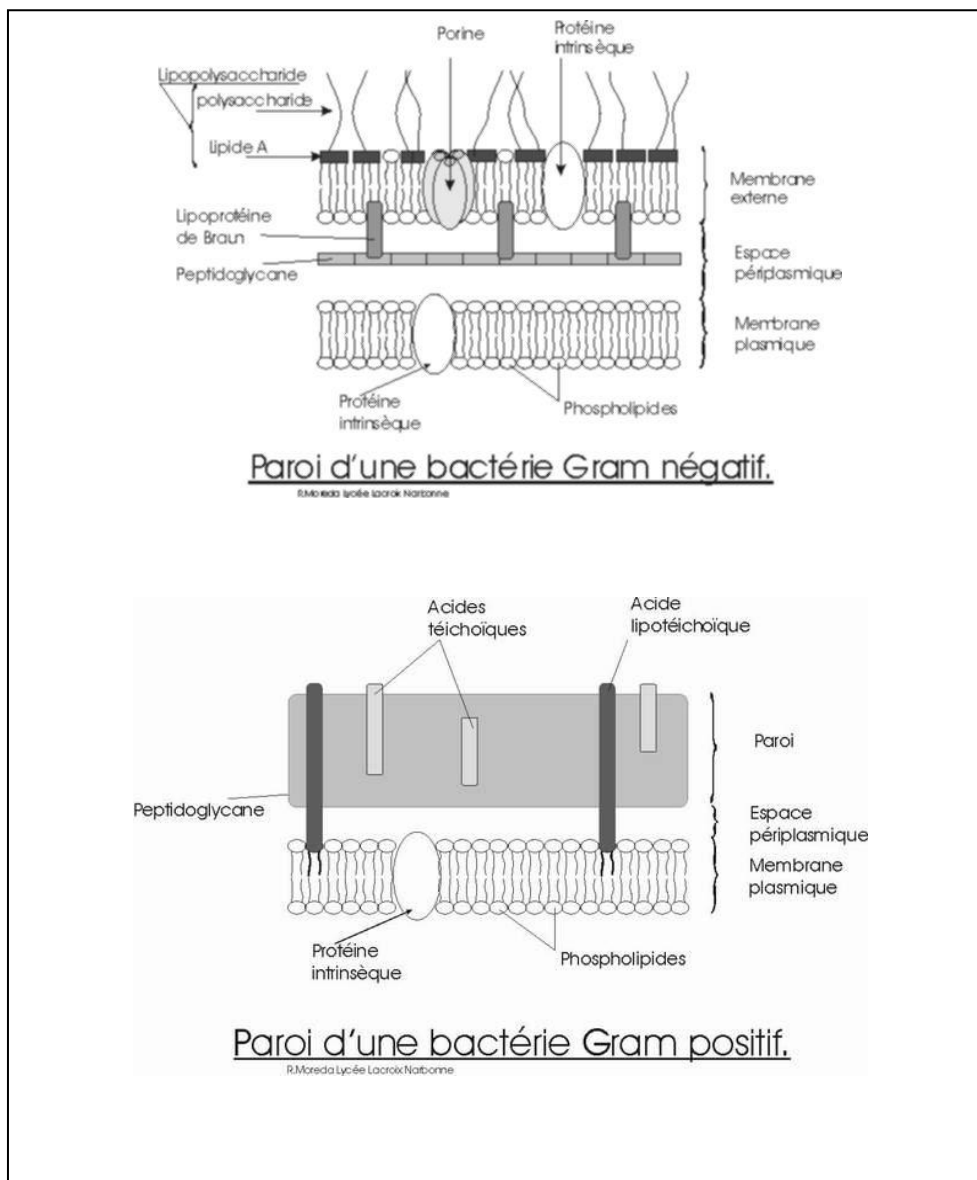


Figure 3: Paroi à Gram (-) et (+)

Tableau 2 : Quelques différences caractéristiques entre les bactéries Gram (-) et (+)

propriétés	Bactéries Gram négatives	Bactéries Gram positives
Paroi cellulaire	Paroi cellulaire de type Gram négatif avec une couche interne de peptidoglycane de 2 à 7nm et une membrane externe épaisse de 7à 8nm) contenant des lipides, des protéines et des lipopolysaccharides	Paroi cellulaire de type Gram positif homogène et épaisse (20 à80 nm) faite principalement de peptidoglycane. Il peut y avoir d'autre polysaccharide et des acides techoïque.
Forme cellulaire	Sphère, ovale, bâtonnets droits ou courbés, hélices ou filaments, certaines ont des gaines ou des capsules	Sphères, bâtonnets ou filaments peuvent avoir de vraies ramifications
Reproduction	Scissiparité, parfois bourgeonnement	Scissiparité, les formes filamenteuses croissent par allongement de l'extrémités.
Métabolisme	Phototrophes, chimiolithoautotrophes, ou chimioorganohétérotrophes.	Généralement chimioorganohétérotrophes quelques un sont phototrophes
Mobilité	Mobiles ou non mobiles. La localisation des flagelles. La mobilité peut être due à des filaments axiaux (spirochètes) ou à du glissement.	Le plus souvent non mobiles ; si mobiles ont des flagelles péritriches.
Appendices	Peuvent produire différents types d'appendices : pili, fimbriae, prosthèques, pédoncules	Généralement sans appendices (peuvent avoir des spores sur des hyphes)
Endospores	Ne forment pas d'endospores	Certains groupes formes des endospores

Chapitre 2 : Les grands groupes de Bactéries

1-Introduction

En l'absence d'une classification officielle des bactéries, les bactériologistes font largement référence à la classification du Bergey qui, à l'origine était établie sur la base exclusive de caractères phénétiques, seules disponibles à l'époque. Ces caractères restent aujourd'hui encore de première importance car des bactéries de génomes différents ne peuvent avoir des phénotypes significativement comparables et inversement.

Bien que l'apport spécifique de la taxonomie moderne à la différenciation des divers groupes de bactéries soit considérable, il est admis qu'une classification équilibrée doit bénéficier de l'apport de toutes les approches disponibles : génotypes, phénotypes, composition chimique, caractères immunologique et autres.

La taxonomie reste une science en évolution permanente et les taxons, à tous les rangs hiérarchiques, sont régulièrement remaniés ou redéfinis dans leurs compositions et dans leurs filiations. Ainsi, le Bergey's manuel a intégré dans sa VIII édition (1984) les données nouvelles établies quelques années auparavant par la taxonomie moléculaire.

2-Les grands groupes bactériens

Les bactéries sont réunies dans le règne des *Procaryotae* qui comprend quatre divisions définies sur la base de la présence ou l'absence d'une paroi cellulaire, et sur sa nature, quand elle est présente. Ce dénominateur commun aux membres d'une même division, réunit des bactéries par ailleurs très hétérogène, par : leurs morphologies, leurs types trophiques, leurs modes de reproduction, leur écologie.

Les trois premières divisions sont formées d'Eubactéries dont les deux premières possèdent une paroi alors que la 3^{ème} en dépourvue. La 4^{ème} division regroupe l'ensemble des Archaeobactéries qui ont pour la plupart une paroi mais elle est de structure et de compositions différentes de celles des Eubactéries.

Les 4 divisions de bactéries sont dénommées et définies de la manière suivante :

2-1-Gracilicutes

Eubactéries possédant une paroi de type Gram négatif, c-à-d composée de deux éléments : le peptidoglycane et la membrane externe qui leur est spécifique.

2-2-Firmicutes

Eubactéries ayant une paroi type Gram positif, c-à-d formée d'un seul élément le peptidoglycane.

2-3-Ténéricutes

Eubactéries dépourvues de paroi, leur membrane cytoplasmique constituant leur enveloppe externe.

2-4-Mendosicutes

Ensemble des Archaeobactéries qui en général possèdent une paroi mais certaines espèces ont dépourvues. Quand elle est présente, la paroi est de composition chimique différente de celle des eubactéries mais elle possède le même type de structure et le même rôle.

Tableau 3: Résumé des principaux groupes bactériens, différenciés dans les 4 divisions définies par le Bergey's manual (1994)

<p>Division 1 : Eubactéries à Gram négatif</p>	<ul style="list-style-type: none"> 1- Spirochètes 2- Bactéries aérobies microaerophiles mobiles et de formes hélicoidales ou en vibrion 3- Bacilles non mobiles (ou rarement) incurvés 4- Bacilles et cocci aérobies microaérophiles 5- Bacilles anaérobies facultatifs 6- Bacilles anaerobies droits, incurvés et hélicoidales 7- Bactéries réduisant les sulfures ou les sulfates par voie dissimulatoire 8- Cocci anaérobies 9- Rickettsies et chlamydie 10- Bactéries phototrophes anoxygéniques 11- Bactéries phototrophes oxygéniques 12- Bactéries aérobies chimiolithotrophes 13- Bactéries bourgeonnantes et ou appendiculés 14- Bactéries engainées 15- Bctéries mobiles par glissement non sporulantes 16- Bactéries mobiles par glissement sporulantes : Myxobactéries
<p>Division 2 : Eubactéries à Gram positif</p>	<ul style="list-style-type: none"> 17- Cocci 18- Cocci et bacilles formant des endospores 19- Bacilles réguliers non sporulants 20- Bacilles irréguliers non sporulants 21- Mycobactéries 22- Actinomycètes
<p>Division 3 : Eubactéries Mycoplasmes</p>	<ul style="list-style-type: none"> 23- Mycoplasmes
<p>Division 4 : Archaébactéries</p>	<ul style="list-style-type: none"> 24- Archaébactéries méthanogènes 25- Archaébactéries sulfatoréductrices 26- Archaébactéries halophiles extrêmes 27- Arhaébactéries sans paroi 28- Archaébactéries thermophiles et hyperthermophiles métabolisant le soufre.

Chapitre 3 : Principaux types de la taxonomie

L'approche Taxonomique est polyphasique

La taxonomie bactérienne moderne vise l'intégration de toutes les données et les informations phénotypiques, génotypiques et phylogénétiques menant à une taxonomie polyphasique et une classification plus stable.

1-Taxonomie phénotypique

L'identification de l'espèce repose sur la comparaison de divers caractères phénotypiques de la souche à étudier vis à vis de ceux d'une souche de référence. La classification phénotypique ou phénétique utilise un faible nombre de caractères considérés comme importants tels que la morphologie, la mise en évidence d'un caractère biochimique, l'habitat. Mais elle ne reflète qu'un nombre réduit d'information, les caractères considérés comme importants sont subjectifs et dépendent des conditions environnementales.

1-1-Caractéristiques morphologiques

Les traits morphologiques sont importants en taxonomie microbienne pour de nombreuses raisons. La morphologie est facile à étudier et à analyser, en particulier pour les microorganismes eucaryotes et les bactéries ou archées les plus complexes. De plus, les comparaisons morphologiques sont significatives parce que les caractères structuraux dépendent de l'expression de nombreux gènes, qu'ils sont habituellement génétiquement stables et que, normalement (au moins chez les eucaryotes), ils varient peu avec les changements environnementaux. Ainsi, une similarité morphologique est une bonne indication d'une parenté phylogénétique.

Les caractères morphologiques sont utiles pour orienter le processus d'identification des bactéries. On peut ainsi distinguer les bactéries d'après leur forme, leur groupement et leur taille ; de plus, les différences entre des structures telles que les endospores, les capsules ou des flagelles fournissent des indications précieuses.

Beaucoup de caractères morphologiques différents sont utilisés dans la classification et l'identification des microorganismes sont résumés dans le **tableau** :

Tableau4 : Quelques caractères morphologiques utilisés pour la classification et l'identification

Caractères	Groupes microbiens
Formes cellulaire	Tous les groupes principaux
Taille cellulaire	Tous les groupes principaux
Morphologie des colonies	Tous les groupes principaux
Caractéristiques ultrastructurales	Tous les groupes principaux
Réaction à la coloration	Bactéries, certains champignons
Cils et flagelles	Tous les groupes principaux
Mécanismes et mobilité	Bactéries mobiles par glissement, spirochètes, protistes
Formes et localisation de l'endospores	Bactéries formatrices d'endospores
Morphologie et localisation des spores	Bactéries, champignons, protistes
Inclusions cellulaire	Tous les groupes principaux
couleur	Tous les groupes principaux

1-2-Caractères tinctoriaux : la coloration différentielle

En mettant en évidence les similitudes ou les différences dans la composition de la paroi cellulaire des microorganismes étudiés fournissent des informations à propos des relations phylogénétiques. La coloration différentielle est l'une des premières étapes de processus d'identification d'une bactérie. La majorité des bactéries sont soit gram positif, soit Gram négatif. D'autres colorations différentielles, telles que la coloration acido-alcool-résistante, peuvent servir à identifier des microorganismes appartenant à des groupes plus restreints. Ces colorations sont élaborées en fonction de la composition chimique de la paroi cellulaire et qu'elles ne permettent pas les bactéries sans paroi ou les archaebactéries dont la paroi présente des caractéristiques inhabituelles.

1-3-Caractéristiques physiologiques et métaboliques

Les caractéristiques physiologiques et métaboliques sont très utiles, car elles sont directement en relation avec la nature et l'activité des enzymes microbiennes et des protéines de transport. Le **tableau 5** énumère certaines de ces propriétés.

Tableau5 : Quelques caractères physiologiques et métaboliques utilisées pour la classification et l'identification

Sources de carbone et d'azote
Constituants de la paroi cellulaire
Produits de fermentation
Mode générale de nutrition
Optimum et domaine de température de croissance
Luminescence
Mécanismes de conversion de l'énergie
Mobilité
Tolérance osmotique
Pigments photosynthétiques
Besoins et tolérance en sel
Métabolites secondaires formés
Sensibilité aux inhibiteurs métaboliques et aux antibiotiques
Inclusions de réserves

1-4-Caractéristiques biochimiques

L'activité enzymatique sert souvent à différencier des bactéries. Il est généralement possible de distinguer des bactéries étroitement apparentées et de les regrouper en des espèces distinctes au moyen d'épreuves biochimiques, comme celle qu'on utilise pour déterminer leur capacité à provoquer la fermentation d'une gamme donnée de glucides.

1-5-Caractéristiques écologiques

La capacité d'un microorganisme de coloniser un environnement spécifique a une valeur taxinomique. Certains microorganismes peuvent être très similaires sous beaucoup d'autres aspects, mais habiter des niches écologiques différentes, ce qui suggère qu'ils peuvent n'être pas aussi proches parents que supposé à première vue. Comme exemple de propriétés écologiques taxinomiquement importantes, citons les modèles de cycles biologiques, la nature des relations symbiotiques, la capacité de causer une maladie chez un

hôte particulier, les préférences d'habitat telles les exigences de températures, de pH, d'oxygène et de concentration osmotique.

1-6-Caractères sérologiques

La sérologie est la science qui étudie le sérum sanguin et les réponses immunitaires mises en évidence par l'examen du sérum. On trouve sur le marché des trousse commerciales contenant des solutions d'anticorps destinées à l'identification de divers microorganismes important d'un point de vue médical. Ce type de solution s'appelle antisérum ou immunosérum. Si on isole une bactérie inconnue d'un patient, on peut souvent l'identifier rapidement à l'aide d'antisérum connus.

Le test d'agglutination sur lame avec l'antisérum est une procédure qui consiste à incorporer des échantillons d'une bactérie inconnue dans des gouttes de solution saline (eau physiologique) placées sur différentes lame. On ajoute ensuite un antisérum différent à chaque échantillon. Les bactéries s'agglutinent (ou forment des grumeaux) lorsqu'elles sont mélangées aux anticorps spécifiquement produits en réaction à cette espèce ou souche de bactérie ; l'agglutination indique que l'épreuve est positive.

Les épreuves sérologiques permettent de différencier non seulement des espèces de microorganismes, mais aussi des souches d'une même espèce.

1-7-Chimiotaxonomie

L'application des techniques chimiques et physiques dans l'étude de la composition chimique du milieu interne de la cellule bactérienne a contribué à fournir des informations de grande utilité aussi bien dans l'identification que dans la classification des bactéries. Le terme chimiotaxonomie décrivent la classification des bactéries sur la base de leur constitution chimique a été lentement discuté.

1-7-1-Composition de la paroi cellulaire

Différencier qualitativement les bactéries sur la base de leur paroi cellulaire demande l'analyse microscopique à transmission et l'analyse de la composition des différents polymères : peptidoglycane, polysaccharides, lipopolysaccharides, acides techoiques.

1-7-2-Composition lipidique

Déjà à partir de la structure de base des lipides, on peut distinguer les Archaeobactéries de tous les autres organismes ; en effet leurs lipides contiennent des chaînes latérales

isoprénoides avec des liaisons ether (isoprenyl-glycerol-ether) à la différence des autres organismes (eucaryotes) à chaînes hydrocarbures avec liaison type ester.

Les lipides eubactériens comprennent de nombreuses et différentes classes dont quelques unes ont un potentiel chimiotaxonomique à l'exemple des glycolipides moins répartis que les phospholipides.

Parmi les caractéristiques employées en taxonomie microbienne, il faut citer l'analyse des acides gras par une technique appelée l'analyse FAME (pour fatty acids methyl-ester). Un profil d'acides gras d'une souche peut révéler des différences spécifiques dans la longueur des chaînes, le degré de saturation, les branchements dans les chaînes et les groupes hydroxyles. Les microbes de la même espèce auront des profils d'acides gras identiques pour autant qu'ils aient été cultivés dans les mêmes conditions.

1-7-3-Quinones isoprénoidiques

Les quinones isoprénoides sont une classe de terpènes localisés dans la membrane cytoplasmique de nombreuses bactéries. Elles jouent un rôle important dans le transport des électrons, la phosphorylation oxydative et éventuellement dans le transport actif.

Les benzoquinones (Ubiquinone et Plastoquinone) et les naphthoquinones (Menaquinones, Dimethylmenaquinones, phyloquinones) forment deux groupes structuraux.

1-7-4-Les acides aminés et les protéines

La comparaison des séquences d'acides aminés des différents types de protéines entre différentes souches est utilisée comme référence pour les mesures phylogénétiques entre microorganismes. Les séquences en acides aminés des protéines reflètent directement les séquences des ARNm et par conséquent, les gènes qui codent pour leur synthèse.

Il y a plusieurs façons de comparer des protéines. Les méthodes indirectes de comparaison des protéines sont d'usage courant. En particulier, la mobilité électrophorétique des protéines est utile pour étudier les relations au niveau de l'espèce et de la sous espèce. Les profils issus par l'électrophorèse SDS-PAGE ont indiqué que les différentes souches possèdent différents profils mais les souches qui appartiennent à la même espèce ont des profils semblables.

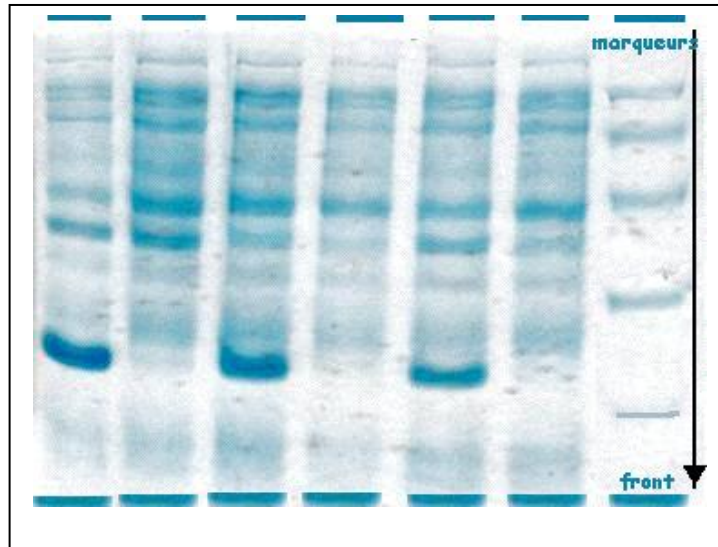


Figure 4 : Profils protéiques issus par une électrophorèse SDS-PAGE
 (<http://biochimej.univangers.fr/Page2/TexteTD/8TPmethodologie/5Electrophorese/1Electrophorese.htm>)

1-8-Taxonomie numérique

La taxinomie numérique ou taxométrie ou taxonomie adansonienne (du nom d'ADANSON son auteur) est une approche quantitative rendue possible grâce à la puissance des ordinateurs car elle implique un volume de calcul considérable. Elle est basée sur la comparaison de caractères de différentes natures : morphologiques, physiologique, génétiques appartenant à des souches prises deux à deux.

Les caractères retenus sont considérés d'égale valeur et sont quantifiés numériquement, de manière à établir des distances taxonomiques qui traduisent à la fois la similarité (ressemblance) et les rapports d'ascendance évolutive (parenté, filiation) entre les organismes confrontés. La quantification binaire (0 ou 1, c'est-à-dire absence ou présence) des similitudes et des différences permet alors de caractériser les taxons par un **coefficient** de similitude, calculé de diverses manières, selon le choix des caractères sélectionnés et le codage et le traitement appliqués aux données recueillies.

Parmi les indices les plus couramment utilisés, il y a l'indice de Jaccard Sneath donné par la relation suivante :

$$S_{AB} = nS^+ / nS^+ + nd$$

S_{AB} : coefficient de similitude entre la souche A et la souche B

nS^+ : nombre de caractère similaires

nd : nombre de caractères différents pour donner une valeur significative à l'étude.

La taxonomie numérique implique le choix de caractères taxonomiques indépendants les uns des autres et non hiérarchisés, ainsi que la standardisation rigoureuse de la méthode. Le nombre de caractère retenus doit être significatif.

En pratique, ce nombre se situe entre 30 et 300 caractères qui peuvent être de diverses natures : paramètres génomiques, caractères phénétiques classiques (morphologie, physiologie, structure, métabolisme), composants chimiques (peptidoglycane, LPS...).

Les résultats de l'analyse taxonomique numérique sont souvent exprimés sous la forme d'un diagramme ramifié analogue à un arbre. C'est un **dendrogramme** ou les organismes ayant la plus grande similitude sont groupés en ensembles appelés **phénons**. La signification taxonomique de ces phénons est cependant controversée, surtout au niveau du pourcentage de similitude à partir duquel un phénon peut être considéré comme espèce, un genre... mais en général, on estime qu'au-delà de 80% de similitude des phénons peuvent être assimilés à une même espèce.

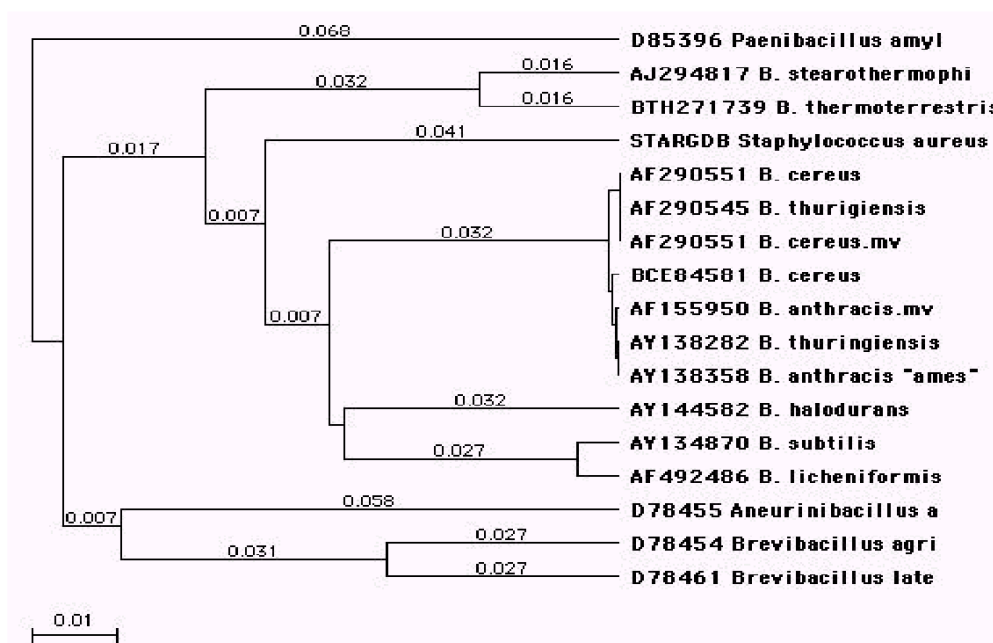


Figure 5 : Dendrogramme, de quelques espèces du genre *Bacillus* et de genres apparentés

2-Taxonomie moléculaire

Il est difficile de surestimer combien l'étude de l'ADN, de l'ARN et des protéines a fait progresser notre compréhension de l'évolution et de la taxinomie microbiennes.

2-1-La composition en bases des acides nucléiques

Les génomes microbiens peuvent être directement comparés et leur similarité taxinomique estimée de nombreuses façons. La première et probablement la plus simple des techniques consiste à déterminer la composition en bases de l'ADN. Dans l'ADN double brins, A s'apparie avec T et G avec C. Donc le rapport (G+C)/(A+T), ou teneur en G+C le pourcentage de G+C dans l'ADN, est un reflet de la séquence en bases et varie avec les modifications de séquences comme suit :

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

Le contenu en G+C est souvent déterminé à partir de la température de fusion (T_m « melting temperature ») de l'ADN.

Le contenu en G+C de nombreux microorganismes a été déterminé. L'ADN des microorganismes varie fortement dans son contenu en G+C. Celui des bactéries et des archées s'étale d'environ 25 à presque 80% et est plus variable que celui des protistes et des fungi. En dépit d'une telle échelle de variation, le contenu en G+C des souches à l'intérieur d'une espèce particulière est constant et varie très peu à l'intérieur d'un genre. Si deux organismes diffèrent de plus de 10% dans leur contenu en G+C, leurs génomes ont des séquences en bases très différentes. D'autre part, il est risqué de supposer que des organismes aux contenus en G+C très similaires ont aussi des séquences en bases d'ADN similaires, car deux séquences très différentes peuvent être construites avec les mêmes proportions de paires de base A+T et G+C. C'est seulement si deux microorganismes se ressemblent phénotypiquement qu'un contenu en G+C similaire suggère une parenté étroite.

2-2-L'hybridation des acides nucléiques

La similarité entre génomes peut se comparer plus directement par l'hybridation des acides nucléiques, appelée aussi hybridation ADN-ADN.

Deux souches dont les ADN accusent une parenté d'au moins 70 % dans les conditions optimales d'hybridation et moins de 5% de différence de T_m , sont souvent, mais pas toujours, considérées comme des membres de la même espèce.

Si des molécules d'ADN ont des séquences très différentes, elles ne formeront pas d'hybrides stables détectables. Par conséquent, l'hybridation ADN-ADN n'est utilisée que pour l'étude de microorganismes étroitement apparentés.

On peut comparer des organismes plus distants, en réalisant des hybridations ADN-ARN avec des ARN ribosomiques ou de transfert, radioactif.

2-3-Le séquençage des acides nucléiques

Les ARNr de la petite sous unité sont un outil presque idéal pour l'étude de l'évolution et de parentés microbiennes, car ils jouent le même rôle chez tous les microorganismes.

Les ARNr ont été choisis en taxonomie pour plusieurs raisons évidentes :

- molécule ubiquiste
- structure bien conservée car toute modification pourrait nuire à la synthèse protéique
- séquences d'ARNr identiques chez tous les êtres vivants
- 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. La séquence nucléotidique de l'ARNr 16S peut-être comparé via internet à celles de souches déposées dans des banques de données internationales.

La tendance actuelle est de travailler sur le gène correspondant. La séquence du gène codant l'ARNr 16S est connu pour environ 4000 souches et est accessible par interrogation de bases de données (EMBL, GenBank). Les programmes FASTA et BLAST permettent de comparer une séquence nucléotidique d'une souche inconnue avec les banques de séquence et retiennent les séquences les plus proches.

L'amplification par PCR présente un intérêt pour le diagnostic de bactéries non cultivées.

Il est admis qu'en dessous de 97% d'homologie deux bactéries ne peuvent appartenir à la même espèce. Ainsi, il n'est donc pas utile de faire des hybridations ADN/ADN en dessous de ce seuil. Si le pourcentage d'homologie est $> 97\%$, le placement de 2 souches dans une même espèce ou pas repose sur les résultats de l'hybridation ADN/ADN.

Limites : deux espèces peuvent avoir des séquences ARNr 16S très proches et être cependant très différentes par hybridation ADN/ADN.

Ex : *Aeromonas trota* et *A. caviae* (99.9% de similitude pour ARNr 16S et 30% de similitude pour l'hybridation ADN/ADN).

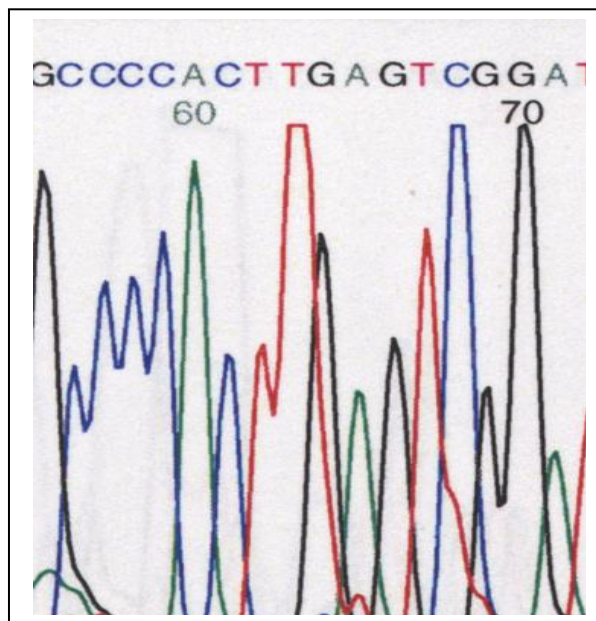


Figure 6 : Exemple de résultat du séquençage

(http://mpronovost.profweb.ca/BIONP1/bionp1_biotechnologie.html)

2-4-La prise d'empreinte génomiques

Pour classer les microorganismes au niveau de l'espèce et aider à déterminer les relations phylogénétiques, on peut aussi utiliser un ensemble de techniques, appelé prise d'empreintes génomiques. « fingerprinting »

Souvent, on séquence et on compare de cinq à sept gènes domestiques, via une technique appelée analyse de séquence multilocus (MLSA).

Une autre forme de prise d'empreinte génomiques appelée l'analyse du polymorphisme de longueur de fragments de restriction (RFLP) est basée sur le pouvoir qu'ont les endonucléases de restriction de reconnaître des séquences de nucléotides spécifiques. L'analyse RFLP détecte des changements dans la taille des fragments de restriction (polymorphisme) comme moyen de détecter des différences dans les séquences d'ADN des souches microbiennes.

Un autre test est basé sur les séquences d'ADN hautement conservées et répétitives présentes chez la plupart des bactéries Gram négatives et chez quelques Gram positives. Il y a trois familles de séquences répétitives : les éléments BOX de 145pb, la séquence ERIC (enterobacterial repetitive intergenic consensus) de 124-127pb et REP (repetitive extragenic palindromic) de 35-40pb.

Une autre technique alternative, le polymorphisme au niveau du nucléotide ou SNP, « single nucleotide polymorphism » permet d'échantillonner une fraction nettement plus grande du génome que ne le permettent l'analyse de l'ARNr 16S ou la MLSA. L'analyse SNP se concentre sur des changements mononucléotidiques, ou polymorphismes à ce niveau, dans des gènes spécifiques, des régions intergénomiques ou dans d'autres régions non codantes. Ces régions attirent l'attention parce qu'elles sont normalement conservées et que par conséquent, le changement d'une paire de bases peut avoir une signification évolutive.

3-Taxonomie phylogénétique

La **Phylogénie** (Phylo = race ou tribu, genesis = origine) ; C'est un système de classification basé sur les relations évolutives plutôt que sur une similarité générale des caractères.

La classification phylogénétique est basée sur les rapports héréditaires entre les bactéries encodés par les données des séquences de l'ARNr 16S ou 23S.

Le concept phylogénétique d'une espèce bactérienne est considéré comme un assemblage des isolats d'origine commune, et la génération de la diversité génétique est résultée dans un clone avec différents degré de recombinaison, et est caractérisée par un certain degré de consistance phénotypique et un degré significatif d'hybridation ADN-ADN et en plus de 97% d'homologie des séquences d'ADNr 16S.

Les taxons microbiens au sein des bacteria et des Archaea s, forment des groupes distincts agglomérés de façon généalogique qui peuvent être illustrés sous forme d'arbres phylogénétiques.

Les arbres phylogénétiques montrent les liens évolutifs déduits par l'analyse sous forme de lignées aux multiples branches reliées par des nœuds. L'organisme dont les séquences (acides nucléiques, protéines) ont été analysé est identifié à la pointe de chaque branche. Chaque nœud (ramification) représente un évènement où une divergence s'est produite, et la longueur des branches représente le nombre de changements moléculaires qui se sont produits entre les deux nœuds.

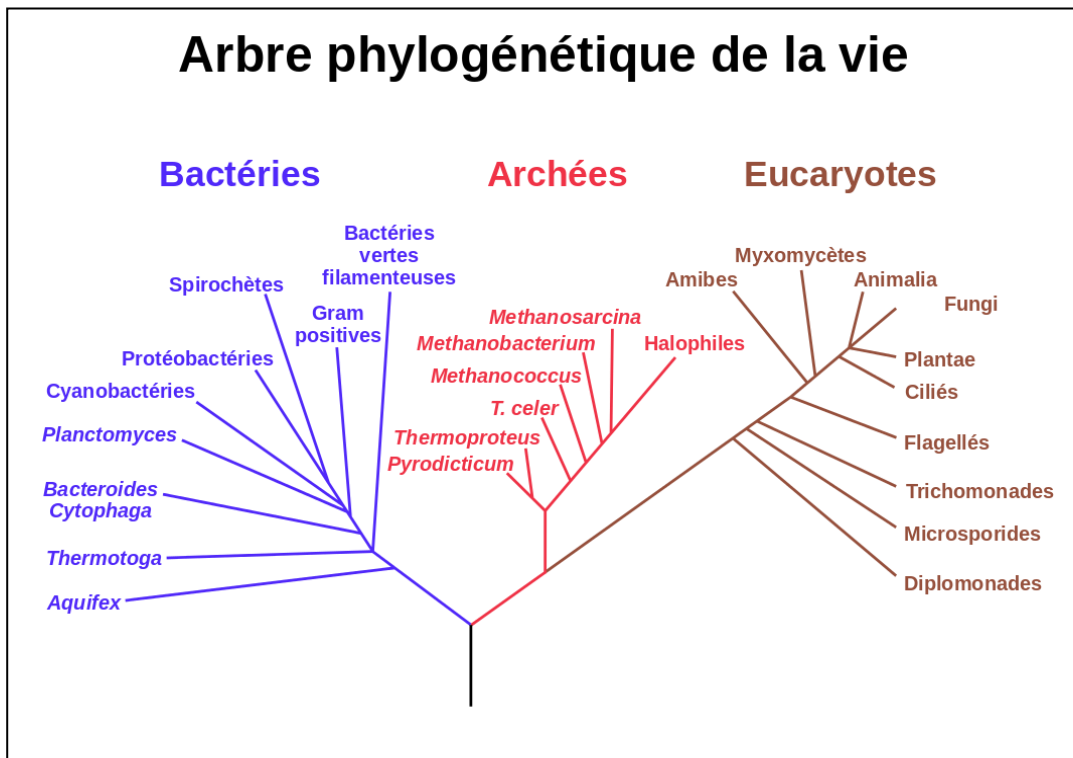


Figure 7 : Arbre phylogénétique du monde vivant d'après Woese et al. (1990)

Chapitre 4 : Les proteobactéries

Le groupe des proteobactéries est le groupe de bactéries le plus grand et le plus diversifié ; il compte actuellement plus de 500 genres. Bien que les études de l'ARNr 16S montrent qu'elles sont phylogénétiquement apparentées, les protéobactéries offrent à beaucoup d'égards des variations marquées.

La morphologie de ces bactéries Gram négatives va des bâtonnets et coques simples, aux genres formant des prosthèques, des bourgeons et même des fructifications.

Physiologiquement, ces bactéries sont tout aussi diverses. Photoautotrophes, chimiolithotrophes, et chimiohétérotrophes.

La comparaison des séquences de l'ARNr 16S a révélé cinq lignées dans le phylum des *Proteobacteria* : les *Alphaproteobacteria*, les *Bétaproteobacteria*, les *Gammaproteobacteria*, les *Deltaproteobacteria* et les *Epsilonproteobacteria*.

1-La classe des *Alphaproteobacteria*

La classe des *Alphaproteobacteria* comprend 7 ordres et 20 familles.

Cette classe incluse la plupart des proteobactéries oligotrophes (celles qui sont capables de croître à des teneurs nutritionnelles faibles). Beaucoup d'entre elles ont évolué pour vivre à l'intérieur des cellules végétales et animales. Certaines *Alphaproteobacteria* ont des métabolismes inhabituels comme la méthyliotrophie (la capacité d'utiliser le méthane comme source de carbone (*Methylobacterium*), la chimiolithotrophie (*Nitrobacter*) et la capacité de fixer l'azote (*Rhizobium*). Les membres de genres comme *Rickettsia* et *Brucella* sont des pathogènes importants.

1-1-*Rickettsia*

Le genre *Rickettsia* est placé dans l'ordre des *Rickettsiales* et la famille *Rickettsiaceae* des *Alphaproteobacteria*. Ces bactéries sont en forme de bâtonnet, coccoides ou pléomorphes, avec des parois Gram négatives typiques et pas de flagelles. Toutes les espèces sont parasites ou mutualistes.

Les rickettsies ont une physiologie et un métabolisme très différents des autres bactéries. Elles ne possèdent pas les voies glycolytiques et n'utilisent pas le glucose comme source d'énergie. Elles utilisent plutôt le glutamate et des intermédiaires du cycle des acides

tricarboxyliques, comme le succinate. La membrane cytoplasmique des rickettsies contient des systèmes transporteurs ; les nutriments et coenzymes de la cellule hôte sont ainsi absorbés et utilisés directement.

Ce genre comprend de nombreux pathogènes importants tels que *Rickettsia prowazekii* *R. typhi* associées au typhus murin et à celui transmis par les poux, et *R. rickettsii* associées à la fièvre pourprée des montagnes rocheuses.

1-2-Les *Caulobacteraceae* et les *Hyphomicrobiaceae*

Un certain nombre de *Proteobacteria* ne sont pas de simples bâtonnets ou coques, mais possèdent des sortes d'appendices. Ces bactéries ont des cycles biologiques qui comportent une prosthèque ou une reproduction par bourgeonnement.

Une prosthèque, aussi appelé pédoncule, est une extension de la cellule incluant la membrane cytoplasmique et la paroi cellulaire, plus étroite que la cellule mature. Le bourgeonnement est tout à fait différent que la scissiparité normalement utilisée chez les bactéries. Le bourgeon apparaît d'abord comme une petite protrusion en un point donné, puis il s'agrandit pour former une cellule mature.

Parmi les *Alphaproteobacteria*, les familles des *Caulobacteraceae* et des *Hyphomicrobiaceae* contiennent deux genres à prosthèques les mieux étudiés : *Caulobacter* et *Hyphomicrobium*.

Le genre *Hyphomicrobium* comprend des bactéries bourgeonnantes, aérobies, chimiohétérotrophes qui s'attachent fréquemment à des supports solides dans les milieux dulçaquicoles, marins et terrestres. La physiologie et la nutrition d' *Hyphomicrobium* sont aussi particulières. *Hyphomicrobium* se développe sur l'éthanol et l'acétate et prospère sur des composés monocarbonés comme le méthanol, le formiate et formaldéhyde.

Les bactéries du genre *Caulobacter* ont une morphologie qui alterne bâtonnets à flagelle polaire et cellules avec prosthèque et crampon, crampon grâce auquel elles s'attachent à des supports solides. On isole habituellement les *Caulobacter* à partir d'eaux douces et marines à niveau nutritionnel faible, mais ils sont aussi présents dans le sol.

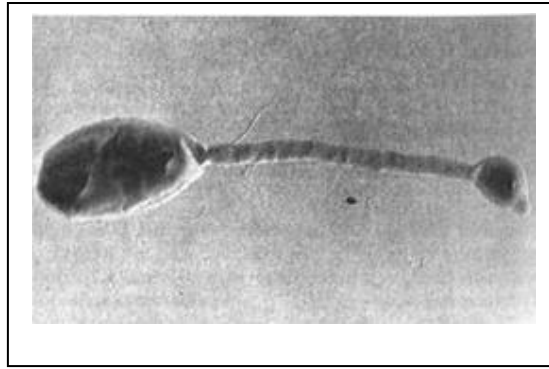


Figure 8 : Les bactéries bourgeonnantes à prosthèque *Hiphomicrobium facilis* avec hyphes et jeunes jeune bourgeons

1-3-L'ordre des *Rhizobiales*

L'ordre des *Rhizobiales* dans les alphaproteobacteries contient 11 familles avec une grande variété de phénotypes. Une importante famille de cet ordre est celle des *Rhizobiaceae*, où figurent deux genres aérobies, *Rhizobium* et *Agrobacterium*.

Les membres du genre *Rhizobium* sont des bâtonnets mobiles de 0,5 à 0,9 sur 1,2 à 3,0 μ m, qui deviennent pléomorphes lorsque les conditions sont défavorables. Les cellules contiennent souvent des inclusions de poly β hydroxybutyrate. Elles croissent en symbiose dans les cellules des nodules radiculaires des légumineuses, sous forme de bactéroïdes fixateurs d'azote. En fait les Leguminosae constituent la famille végétale qui a le mieux réussi sur terre, avec plus de 18000 espèces. Leur prolifération est due à leur capacité d'établir des relations symbiotiques avec des bactéries qui forment des nodules sur leurs racines. Dans ces nodules, les micro organismes réduisent ou fixent l'azote atmosphérique sous forme d'ammonium, ce qui le rend directement disponibles à l'hôte végétal.

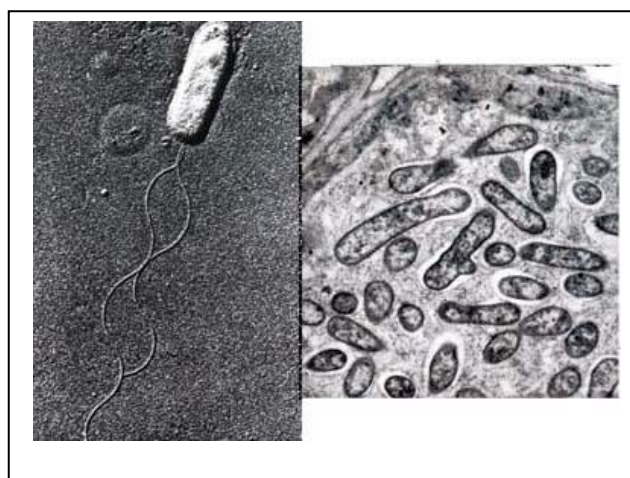


Figure 9 : *Rhizobium leguminosarum* (cellule mobile flagellée et bacteroïdes)

Le genre *Agrobacterium* est placé dans la famille des *Rhizobiaceae*, mais diffère de *Rhizobium* parce qu'il est phytopathogène (pathogène des plantes). Les *Agrobacterium* envahissent les collets, racines et tiges de nombreuses plantes et transforment les cellules végétales en cellules tumorales dont la prolifération est autonome. L'espèce la mieux étudiée est *A. tumefaciens* qui pénètre dans beaucoup de plantes à large feuilles par des blessures et est responsable de la maladie de la galle du collet.

L'ordre des *Rhizobiales* inclut aussi la famille des *Brucellaceae*. Le genre *Brucella* est un pathogène important de l'homme et des animaux (notamment le bétail). La brucellose, appelée aussi fièvre ondulante, fièvre de Malte, est une maladie zoonotique : une maladie transmise à l'homme par les animaux.

2-La classe des *Betaproteobacteria*

En ce qui concerne le métabolisme, les β - proteobactéries ont des modes communs avec les α -proteobactéries, mais elles tendent à utiliser des substances libérées par la décomposition organique, dans les régions anoxiques des habitats.

2-1-L'ordre des *Neisseriales*

L'ordre des *Neisseriales* compte une famille, les *Neisseriaceae*, avec 15 genres. Le genre le plus connu et le plus étudié est *Neisseria*. Les membres de ce genre sont des coques Gram négatifs, aérobies non mobiles, qu'on trouve le plus souvent par paires avec les cotés adjacents aplatis. Ils peuvent avoir des capsules et des fimbriae. Le genre est chimioorganotrophe, et produit de l'oxydase et de la catalase (on dit qu'il est oxydase positif et catalase positif). Ces bactéries vivent dans les membranes muqueuses des mammifères et certaines sont pathogènes pour l'homme. *Neisseria gonorrhoeae* est l'agent causal de la blennorragie ; *Neisseria meningitidis* est responsable de certains cas de méningite bactérienne.

2-2-L'ordre des *Burkholderiales*

L'ordre contient quatre familles, dont trois comprennent des genres bien connus. Le genre *Burkholderia* fait partie de la famille des *Burkholderiaceae*. Les membres du genre *Burkholderia* sont des bâtonnets droits, mésophiles, non sporulants, non fermenteurs, aérobies à Gram négatifs. A l'exception d'une espèce, tous sont mobiles grâce à un seul flagelle polaire ou à une touffe de flagelles polaires. Ils produisent de la catalase et sont souvent oxydase positifs. La plupart des espèces utilisent le poly β hydroxybutyrate comme réserve de carbone.

2-3-L'ordre des *Nitrosomonadales*

On trouve un bon nombre de chimiolithotrophes dans l'ordre des *Nitrosomonadales*. Les chimiolithotrophes pédonculé *Gallionella* fait partie de cet ordre. La famille des *Spirillaceae* compte un genre, *Spirillus*.

Deux genres de Bactéries nitrifiantes *Nitrosomonas* et *Nitrospira* sont membres de la famille *Nitrosomonadaceae* et oxydent l'ammonium en nitrite.

2-4-L'ordre des *Hydrogenophilales*

Ce petit ordre contient *Thiobacillus* et *Acidithiobacillus*, les chimiolithotrophes les mieux étudiés et les plus remarquables des bactéries sulfureuses incolores. La plupart sont unicellulaires en formes de bâtonnets ou spiralées, oxydatrices du soufre, non mobiles ou flagellées.

3-La classe des *Gammaproteobacteria*

Les γ -proteobactéries constituent le plus grand sous groupe des protéobactéries, d'une extraordinaire variété de types physiologiques. Beaucoup de genres importants sont chimioorganotrophes et anaérobies facultatifs. D'autres genres contiennent des chimioorganotrophes aérobies, des photolithotrophes, des chimiolithotrophes ou des méthylotrophes. Ces microbes peuvent être regroupés en superfamilles d'ARNr basées sur le degré de conservation des séquences d'ARNr.

La superfamille I d'ARN ribosomique est représentée par les familles des *Vibrionaceae*, des *Enterobacteriaceae* et des *Pasteurellaceae*. Elle contient principalement des aérobies qui utilisent souvent les voies d'Entner-Doudoroff et des pentoses phosphates pour cataboliser de multiples sortes de molécules organiques différentes. Les genres *Pseudomonas*, *Azotobacter*, *Moraxella*, *Xanthomonas* et *Acinetobacter* appartiennent à cette superfamille.

L'exceptionnelle diversité de ces bactéries est évidente dans le Bergey qui divise la classe des *Gammaproteobacteria* en 14 ordres et 28 familles.

3-1-L'ordre *Thiotrichales*

L'ordre des *Thiotrichales* comprend trois familles, dont la plus grande est celle des *Thiotrichaceae*. Dans cette famille, plusieurs genres oxydent les composés soufrés. Du point de vue morphologique, on trouve des bâtonnets et des formes filamenteuses.

Deux des genres les mieux étudiés de cette famille sont *Beggiatoa* et *Leucothrix*. *Beggiatoa* est micro aérophiles et se développe dans des habitats riches en sulfure, comme les sources sulfureuses, l'eau douce contenant des matières végétales en décomposition, les rizières, les marais salants et les sédiments marins.

Leucothrix est un chimioorganotrophe aérobie qui forme de longs filaments ou trichome. Il est habituellement marin et s'attache à des substrats solides au moyen d'un crampon.

3-2-L'ordre des *Methylococcales*

La seule famille de l'ordre est celle des *Methylococcaceae*. Elle contient des bâtonnets, des vibrions et des coques qui utilisent le méthane et le méthanol comme seules sources de carbone et d'énergie, dans des conditions aérobies ou microaérobies (teneur en oxygène faible). C'est-à-dire qu'il s'agit de méthylophiles, ce qui les distingue des bactéries qui utilisent exclusivement le méthane comme source de carbone et d'énergie et qu'on appelle méthanotrophe. La famille contient sept genres, dont nous citerons : *Methylococcus* (cellules sphérique non mobiles) et *Methylomonas* (batonnet droits, incurvés ou ramifiés avec un seul flagelle polaire).

3-3-L'ordre des *Legionnellales*

Deux familles constituent l'ordre des *Legionnellales*. La première est celle des *Legionnellaceae*, avec son seul genre *Legionella*. La seconde famille est celle des *Coxiellaceae* qui a deux genres : *Coxiella* et *Rickettsiella* (à ne pas confondre avec l' α -proteobactéries *Rickettsia*). Tous ces microbes sont des pathogènes intracellulaires qui ont un mode de vie dimorphique.

Legionella pneumophila est l'agent d'un type de pneumonie spécifique appelé maladie des Légionnaires. *L. pneumophila* est un parasite intracellulaire des protozoaires qui vivent dans les sols humides et divers environnements aquatiques dont les tours de refroidissement, les conditionnements d'air et les jacuzzis.

Coxiella dispose aussi de deux types cellulaires à l'intérieur de ses hôtes, mais son inventaire d'hôtes est beaucoup plus impressionnant : insectes, poissons, oiseaux, rongeurs, ovins, caprins et humains. Dans le cas de *C. burnetti*, la fièvre Q qui en résulte est une maladie qui ressemble à la grippe.

3-4-L'ordre *Pseudomonadales*

Pseudomonas est le genre le plus important dans l'ordre des *Pseudomonadales*, familles des *Pseudomonadaceae*. C'est des bâtonnets droits ou légèrement incurvés de 0,5 à 1,0 µm sur 1,5 à 5,0µm de long. Ils sont mobiles grâce à un ou plusieurs flagelles polaires. Ces Chimiohétérotrophes pratiquent habituellement la respiration aérobie. Ils utilisent parfois le nitrate comme accepteur d'électrons dans une respiration anérobies. Toutes les *Pseudomonades* ont un cycle des acides tricarboxyliques fonctionnel et peuvent complètement oxyder leurs substrats en CO₂. La plupart des Hexoses sont dégradés par la voie d'Entner-Doudoroff plutôt que celle d'Embden-Meyerhof.

Le genre *Pseudomonas* est un taxon exceptionnellement hétérogène actuellement composé d'environ 60 espèces. Beaucoup peuvent être placées dans l'un des sept groupes d'homologie d'ARNr. Les trois groupes les mieux caractérisés sont subdivisés selon des propriétés comme la présence de poly β hydroxybutirate (PHB), la production d'un pigment fluorescent, la pathogénécité, la présence d'arginine dihydrolase et l'utilisation du glucose. Par exemple, le sous groupe fluorescent n'accumule pas de PHB, mais produit un pigment vert jaune diffusible, soluble dans l'eau fluorescent sous irradiation UV. *Pseudomonas aeruginosa*, *P.fluorescens*, *P.putida* et *P.syringa* sont membres de ce groupe.

Le genre *Azotobacter* fait aussi partie de la famille des *Pseudomonadaceae*. Le genre est aérobie, catalase positif et fixe l'azote sans symbiose. *Azotobacter* est très répandu dans les sols et dans les eaux.

3-5-L'ordre des *Alteromonadales*

Le genre *Alteromonas* dans l'ordre des *Alteromonadales* concerne des bâtonnets aérobies généralement stricts, droits ou courbés, mobiles avec un flagelle polaire unique. Ils sont mésophiles et on a besoin de sodium pour leur croissance. De nombreuses espèces de ce genre ont été reclassées dans différents genres du même ordre dont *Marinomonas*, *Pseudoalteromonas* et *Shewanella*.

Trois ordres de γ -protéobactéries, étroitement apparentés, contiennent de nombreux genres bactériens d'importance pratique. Chaque ordre ne comprend qu'une seule famille de bâtonnets Gram-négatifs sont respectivement les ordres des *Vibrionales*, des *Enterobacteriales* et des *Pasteurellales*.

3-6-L'ordre des *Vibrionales*

L'ordre des *Vibrionales* ne comprend qu'une seule famille, les *Vibrionaceae*. Les membres de cette famille sont des bâtonnets flagellés Gram négatifs droits et incurvés. La plupart sont oxydase positifs et tous utilisent le D-glucose comme source principale de carbone et d'énergie. En majorité, ce sont des microorganismes aquatiques très répandus dans les eaux douces et dans les mers. Il y a huit genres dans la famille : *Vibrio*, *Photobacterium*, *Salinivibrio*, *Listonella*, *Allomonas*, *Enterovibrio*, *Catencoccus* et *Grimontia*

Plusieurs vibrions sont d'importants pathogènes. *Vibrio cholerae* est l'agent du choléra et *V.parahaemolyticus* peut causer des gastroentérites chez l'homme, après consommation des fruits de mer contaminés. *V.anguillarum* et d'autres sont responsables de maladies chez les poissons en particulier dans les fermes piscicoles.

Plusieurs membres de la famille se distinguent par leur bioluminescence. *Vibrio fischeri*, *V.harveyi* et au moins deux espèces de *Photobacterium* sont parmi les quelques bactéries marines douées de bioluminescence. Elles émettent une lumière bleue verte grâce à l'activité d'une luciférase.

3-7-L'ordre des *Enterobacteriales*

La famille des *Enterobacteriaceae* est plus grande des familles. Elle contient des bâtonnets droits, Gram négatifs, à flagelles péritriches ou non mobiles, anaérobies facultatifs, dont les besoins nutritionnels sont simples. L'ordre des *Enterobacteriales* ne compte qu'une famille, les *Enterobacteriaceae*, avec 44 genres.

Les propriétés métaboliques des *Enterobacteriaceae* sont très utiles à la caractérisation des genres. Tous les membres de cette famille, souvent appelés entérobactéries ou bactéries entériques (du grec entrikos, appartenant à l'intestin), dégradent les sucres par la voie d'Embden-Meyerhof. En conditions anoxiques ou microaérobies, la pyruvate formiate lyase clive l'acide pyruvique pour donner de l'acide formique et de l'acétyl-CoA. Ces bactéries entériques qui produisent de grandes quantités de gaz au cours de la fermentation des sucres,

comme *Escherichia* spp., possèdent l'enzyme formiate déshydrogénase (FDH) qui dégrade l'acide formique en H₂ et CO₂.

La famille peut se diviser en deux groupes, selon les produits de fermentation. La majorité de ces organismes (par exemple, les genres *Escherichia*, *Proteus*, *Salmonella* et *Shigella*) effectuent une fermentation acide mixte et produisent principalement du lactate, de l'acetate, succinate, du formiate (ou H₂ et CO₂) et de l'éthanol. Au contraire, *Enterobacter*, *Serratia*, *Erwinia* et *Klebsiella* ont une fermentation butanediolique. Les produits principaux de cette fermentation sont le butanediol, l'éthanol et le dioxyde de carbone. Ces deux types de fermentation se distinguent par les tests au rouge de méthyle et de Voges-Proskauer.

Comme les bactéries entériques sont de morphologie tellement semblable, on utilise normalement des tests biochimiques pour les identifier, après un examen préliminaire de leur morphologie, de leur mobilité et de leur croissance. Quelques un des tests les plus communément utilisés concernent le type de fermentation, l'utilisation du lactose et du citrate, la production d'indole à partir de tryptophane, l'hydrolyse de l'urée et la production de sulfure d'hydrogène. Par exemple *Escherichia* et *Enterobacter* fermentent le lactose, mais *Shigella*, *Salmonella* ou *Proteus* ne le font pas.

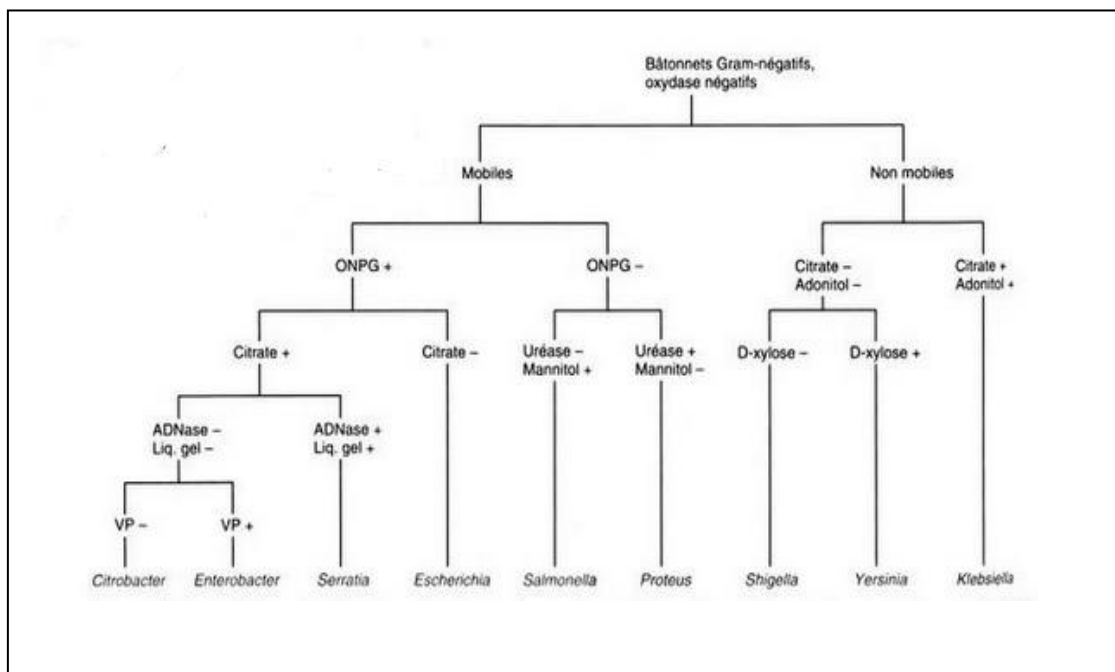


Figure 10 : l'identification des genres entérobactériens selon la mobilité et les caractéristiques biochimiques

Tableau 6: Caractéristiques des familles de bâtonnets, anaérobies facultatifs

Caractéristiques	<i>Enterobacteriaceae</i>	<i>Vibrionaceae</i>	<i>Pasteurellaceae</i>
Dimensions cellulaires	0,3-1,0 X 1,0-6,0 mm	0,3-1,3 X 1,0-3,5mm	0,2-0,4 X 0,4-2,0mm
Morphologie	Bâtonnets droits ; flagelles péritriches ou non mobiles	Bâtonnets droits ou in Bâtonnets droits ou incurvés, flagelles polaires ; peuvent produire des flagelles latéraux sur milieux solides	Cellules en forme de bâtonnet ou coccoïdes parfois pléomorphes ; non mobiles
Physiologie	Oxydase-négatives	Oxydases-positives ; peuvent toutes utiliser le D-glucose comme source de carbone unique ou principale	Oxydases-positives ; hème ou NAD souvent requis pour la croissance ; ont besoin d'une source d'azote organique
Contenu en GC	38-60%	38-51%	38-47%
Relations symbiotiques	Certains sont parasites de mammifères et d'oiseaux ; certaines espèces sont phytopathogènes	La plupart non pathogènes ; plusieurs habitent les organes lumineux d'organismes marins	Parasites des mammifères et des oiseaux
Genres représentatifs	<i>Escherichia, Shigella, Salmonella, Citrobacter, Klebsiella, Enterobacter, Erwinia, Serratia, Proteus, Yesinia</i>	<i>Vibrio, Photobacterium</i>	<i>Pasteurella, Haemophilus</i>

Tableau7 : Quelques caractéristiques de genres sélectionnés parmi les *Enterobacteriaceae*

Caractéristiques	<i>Escherichia</i>	<i>Shigella</i>	<i>Salmonella</i>	<i>Citrobacter</i>	<i>Proteus</i>
Rouge de méthyle	+	+	+	+	+
Voges Proskauer	-	-	-	-	d
Production d'indol	+	D	-	d	d
Utilisation de citrate	-	-	+	+	d
Production d'H ₂ S	-	-	+	d	+
Uréase	-	-	-	+	+
β-galactosidase	+	D	d	+	-
Gaz à partir de Glucose	+	-	+	+	+
Acide à partir de lactose	+	-	-	d	-
Phénylalanine désaminase	-	-	-	-	+
Lysine décarboxylase	+	-	+	-	-
Ornithine décarboxylase	+	D	+	+	d
Mobilité	d	-	+	+	+
Liquéfaction de la gélatine (22°C)	-	-	-	-	+
% GC	48-59	49-53	50-53	50-52	38-41
Taille du génome (Mb)	4,6-5,5	4,6	4,5-5,9	4,7-5,1	4,1
Autres caractéristiques	1,1-1,5X2,0-6,0mm péritriches si mobiles	Pas de Gaz à partir des sucres	0,7-1,5X2-5mm ;péritriches	1,0X2-6mm ; péritriches	0,4-0,8X1-3mm ; péritriches

Escherichia coli est la bactérie la mieux étudiée et l'organisme expérimental de choix pour beaucoup de microbiologistes. C'est un habitant du colon de l'homme et des autres animaux à sang chaud et il est très utile à l'analyse de la contamination fécale des eaux. Certaines souches induisent des gastroentérites ou des infections des voies urinaires.

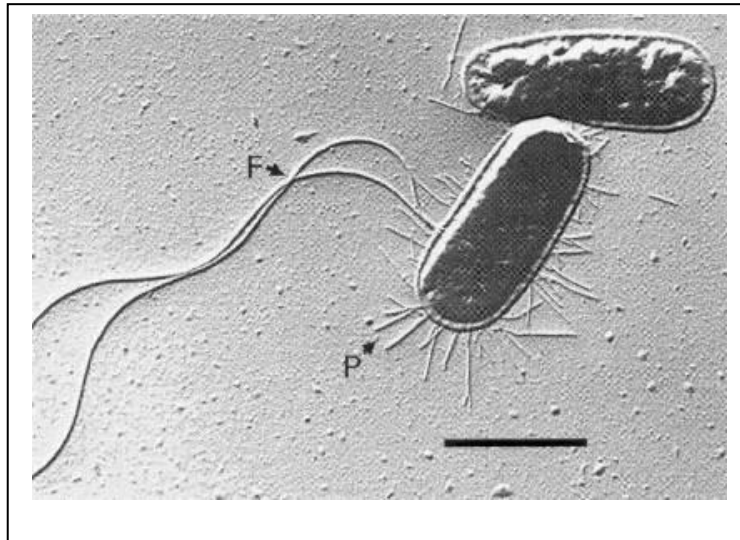


Figure 11 : *E.coli* sou microscope électronique.

Plusieurs genres contiennent des pathogènes humains très importants, responsables de diverses maladies : *Salmonella* pour la fièvre typhoïde et les gastroentérites, *Shigella* pour la dysenterie bacillaire, *Klebsiella* pour la pneumonie et *Yersinia* pour la peste. Les membres du genre *Erwinea* sont des phytopathogène important et sont la cause de rouilles, de flétrissements et de plusieurs autres maladies des plantes cultivées.

3-8-L'ordre des *Pasteurellales*

La famille des *Pasteurellaceae* dans l'ordre des *Pasteurellales* diffère des *Vibrionales* et des *Enterobacteriales* par plusieurs aspects. Citons les plus notables : ces microorganismes sont petits, non mobiles et normalement oxydases positifs ; ils ont des besoins nutritionnels complexes, et parasitent des vertébrés. La famille comprend sept genres : *Pasteurella*, *Haemophilus*, *Actinobacillus*, *Lonepinella*, *Mannheimia*, *Phocoenobacter* et *Gallibacterium*.

Comme on peut s'y attendre, les membres de cette famille les mieux connus sont ceux qui causent des maladies chez l'homme et de nombreux animaux. *Pasteurella multocida* est responsable du choléra aviaire qui tue chaque année de nombreux poulets, dindes, canards et oies. *P.haemolytica* est au moins partie responsable de pneumonies chez les bétails, les moutons et les chèvres. *Haemophilus influenzae* séro type b est un pathogène majeur de

l'homme ; il est la cause de diverses maladies dont la méningite, la sinusite, la pneumonie et la bronchite.

❖ Les bactéries nitrifiantes

Le Bergey place les genres nitrifiants dans plusieurs familles. Toutes les bactéries terrestres oxydant l'ammonium appartiennent aux β - proteobactéries et comprennent *Nitrosomonas* et *Nitrospira* dans les *Nitrosomonadaceae*, tandis que les bactéries marines oxydant l'ammonium incluent aussi bien des β - proteobactéries que des γ -proteobactéries comme *Nitrosococcus* dans la famille des Chromatiales.

Les Archées oxydant l'ammonium qui ont été récemment identifiées (non encore reprises dans le Bergey) se retrouvent dans les écosystèmes terrestres et marins.

L'oxydation du nitrite est effectuée par des α -proteobactéries du genre *Nitrobacter* dans les *Bradyrhizobiaceae* et des γ -proteobactéries du genre *Nitrococcus* dans les *Ectothiorhodospiraceae*.

4-La classe des Deltaproteobactéria

La classe des δ protéobactéries compte huit ordres et 20 familles.

4-1-Les ordres *Desulfovibrionales*, des *Desulfobactériales* et des *Desulfuromonadales*

Les *Desulfovibrionales*, les *Desulfobactériales* et les *Désulfuromonadales* forment un groupe diversifié des bactéries réductrices du sulfate ou du soufre (BRS). On les y a rassemblées à cause de leur nature anaérobie et de leur capacité d'utiliser le soufre élémentaire et d'autres formes oxydées du soufre dans la respiration anaérobie. L'emploi du sulfate comme accepteur terminal d'électrons est un processus en plusieurs étapes.

4-2-L'ordre des *Bdellovibrionales*

L'ordre ne compte que la famille de *Bdellovibrionaceae* et quatre genres. Le genre *Bdellovibrio* contient des bâtonnets Gram négatifs, incurvés, aérobies, porteurs de flagelles polaires.

4-3-L'ordre des *Myxococcales*

Les myxobactéries sont des bactéries du sol, aérobies et Gram négatives. Elles se caractérisent par une mobilité par glissement, un cycle biologique complexe avec production de structures cellulaires appelées fructifications et la formation de spores appelées myxospores.

Tableau 8 : Caractéristiques de bactéries nitrifiantes représentatives

	Espèce	Morphologie cellulaire et taille (mm)	Reproduction	Mobilité	Cytomembranes	Contenu en GC (mol%)	Habitat
Bactéries oxydant l'ammoniac	<i>Nitrosomonas europaea</i> (β-proteobacteries)	Bâtonnet : 0,8-1,1 X 1,0-1,7	Scissiparité	-	Périphériques, lamellaires	50,6-51,4	Sols, égouts, eaux douces, milieux marins
	<i>Nitrosococcus oceanus</i> (γ- proteobacteries)	Coccoïde : 1,8-2,2 de diamètre	Scissiparité	+ ; 1 ou plusieurs flagelles subpolaires	Faisceau parallèle central, lamellaires	50,5	Obligatoirement marin
	<i>Nitrospira briensis</i> (β-proteobacteries)	Spiralée 0,3-0,4	Scissiparité	+ou- ; 1 à 6 flagelles péritriches	Rares	53,8- 54,1	Sols
Bactéries oxydant le nitrite	<i>Nitrobacter winogradskyi</i> (α-proteobactéries)	Bâtonnet, souvent pyriforme ; 0,5-0,9X1,0-2,0	Bourgeonnement	+ou- ; flagelles polaire	Calotte polaire de vésicules aplaties à la périphérie de la cellule	61,7	Sols, eaux douces, milieux marins
	<i>Nitrococcus mobilis</i> (γ- proteobacteries)	Coccoïdes ; 15-18 de diamètre	Scissiparité	+ ; 1 ou 2 flagelles subpolaires	Cytomembranes tubulaires disposées au hasard dans le cytoplasme	61,3 (1 souche)	Milieux marins

Les cellules myxobactériennes sont des bâtonnets d'environ 0,4 à 0,7µm de diamètre sur 2 à 8 µm de long. Elles peuvent être soit minces avec des extrémités effilées, ou épaisses avec des bouts arrondis aplatis. L'ordre des *Myxococcales* est divisé en six familles, suivant la forme des cellules végétatives, des myxospores et des sporanges.

On trouve les myxobactéries dans les sols du monde entier. On les isole le plus communément de sols neutres ou de matériel végétal en décomposition, comme des feuilles et des écorces d'arbres, et d'excréments d'animaux. Bien qu'elles croissent dans des habitats aussi divers que les forêts tropicales et la toundra arctique, les myxobactéries sont surtout abondantes dans les zones chaudes.

5-La classe des *Epsilonproteobacteria*

Les ε-protéobactéries sont les plus petites bactéries dans les cinq classes de protéobactéries. Ce sont des bâtonnets minces, Gram négatifs qui peuvent être droits, incurvés ou hélicoidaux. Les ε-protéobactéries ne comptent qu'un ordre, les *Campylobactérales*, et trois familles, les *Campylobacteraceae*, les *Helicobacteraceae* et les toutes récentes *Nautiliaceae*. Cependant, de récentes analyses phylogénétiques basées sur les séquences d'ARNr PSU de nouveaux organismes cultivés ou non cultivés identifient deux ordres : les *Campylobactérales* (familles *Campylobacteriaceae*, *Helicobacteriaceae* et *Hydrogenimonaceae*) et les *Nautiliales* (genres *Nautilia*, *Caminobacter* et *Lebetimonas*). Deux genres pathogènes, *Campylobacter* et *Helicobacter*, sont des bâtonnets Gram négatifs, microaérophiles, mobiles, hélicoidaux ou vibroïdes.

Le genre *Campylobacter* contient des espèces aussi bien non pathogènes que pathogènes pour l'homme et les autres animaux. *C.fetus* est responsable d'une maladie de la reproduction et des avortements chez le bétail et les moutons. *C.jejuni* est un fin bâtonnet Gram négatif, mobile, courbé trouvé dans le tractus intestinal des animaux. Rien que pour les États-Unis, on estime à deux millions de cas humains par an de gastroentérite (inflammation de l'intestin ou campylobactériose accompagnée de diarrhée).

L'autre genre pathogène d'ε-protéobactérie est *Helicobacter*. Il y a au moins 23 espèces d'*Helicobacter*, toutes isolées de l'estomac ou de l'intestin grêle de l'homme, du chien, du chat ou d'autres mammifères. Le principal pathogène de l'homme est *Helicobacter pylori*, qui est la cause de gastrite et d'ulcères gastriques.

Chapitre 5 : Etude des grands groupes bactériens

1-Les bactéries photosynthétiques

La photosynthèse basée sur la chlorophylle est bien établie dans cinq phylum bactériens : Chlorobi, Chloroflexy, Cyanobacteria et Proteobacteria chez les Gram négatifs et chez les Gram positifs, les Firmicutes.

Les cyanobactéries diffèrent de la façon la plus fondamentale des autres bactéries photosynthétiques, en ce qu'elles sont capables d'effectuer la photosynthèse oxygénique. Elles possèdent les photosystèmes I et II, utilisent l'eau comme donneur d'électrons et produisent de l'oxygène au cours de la photosynthèse. Au contraire, les bactéries pourpres, vertes et les phototrophes aérobies anoxygénique n'ont qu'un seul photosystème et pratiquent une photosynthèse anoxygénique comme elles sont incapables d'utiliser l'eau comme source d'électrons, elles emploient d'autres molécules réduites comme donneurs d'électrons.

Le Bergey place les bactéries photosynthétiques dans sept groupes principaux, répartis dans cinq phylums bactériens. Le phylum des Chloroflexy contient les bactéries vertes non sulfureuses et le phylum des Chlorobi les bactéries vertes sulfureuses. Les cyanobactéries ont leur propre phylum, les Cyanobacteria. Les bactéries pourpres sont divisées en trois groupes. Les bactéries pourpres sulfureuses sont des gammaproteobactéries, les familles des *Chromatiaceae* et des *Ectothiorhodospiraceae*. Les bactéries pourpres non sulfureuses se distribuent entre les alphaproteobactéries (cinq familles différentes) et une familles des beta proteobacteries. Enfin, les héliobactéries Gram positives du phylum des Firmicutes, sont aussi photosynthétiques.

1-1-Le phylum des Chlorobi (bactéries vertes sulfureuses)

Le phylum des Chlorobi n'a qu'une seule classe (les *Chlorobia*), un seul ordre (les *Chlorobiales*) et une seul famille (les *Chlorobiaceae*). Les bactéries vertes sulfureuses forment un petit groupe de photolithotrophess anaérobies obligatoires qui utilisent le sulfure d'hydrogène, le soufre élémentaire et l'hydrogène comme sources d'électrons.

Ces bactéries abondent dans les zones lacustres anoxiques et riches en sulfures. Bien qu'elles soient dépourvues de flagelles et non mobiles, certaines espèces possèdent des vésicules gazeuses de façon à choisir la profondeur optimale pour la lumière et le sulfure

Tableau 9 : Principaux groupes de bactéries photosynthétiques

	Bactéries photosynthétiques anoxygéniques					Bactéries photosynthétiques oxygéniques
Caractéristiques	Vertes sulfureuses	Vertes non sulfureuses	Pourpres sulfureuses	Pourpres non sulfureuses	Phototrophes aérobies anoxygéniques	Cyanobactéries
Principaux pigments photosynthétiques	Bactériochlorophylle <i>a</i> plus <i>c</i> , <i>d</i> ou <i>e</i> (le pigment principal)	Bactériochlorophylle <i>a</i> et <i>c</i>	Bactériochlorophylle <i>a</i> ou <i>b</i>	Bactériochlorophylle <i>a</i> ou <i>b</i>	Bactériochlorophylle <i>a</i>	Chlorophylle <i>a</i> plus phycobiliprotéines. <i>Prochlorococcus</i> a des dérivés divinyles des chlorophylles <i>a</i> et <i>b</i>
Morphologie des membranes photosynthétiques	Système photosynthétique en partie dans des chlorosomes indépendants de la membrane cytoplasmique	Présence de chlorosomes en croissance anérobie	Système photosynthétique contenu dans des complexes membranaires sphériques ou lamellaires, en continuité avec la membrane cytoplasmique	Système photosynthétique contenu dans des complexes membranaires sphériques ou lamellaires, en continuité avec la membrane cytoplasmique	Peu ou pas de membranes intracytoplasmiques	Membranes thylacoïdes bordées de phycobilisomes
Donneurs d'électrons photosynthétiques	H ₂ , H ₂ S, S	Donneurs photohétérotrophes-divers sucres, acides aminés et acides organiques, donneurs photoautotrophes- H ₂ , H ₂ S	H ₂ , H ₂ S, S	Généralement molécules organiques ; parfois composés soufrés réduits ou H ₂	Donneurs photohétérotrophes-divers sucres, acides aminés et acides organiques	H ₂ O
Dépôt de soufre	A l'extérieur de la cellule		A l'intérieur de la cellule	A l'extérieur de la cellule dans quelques cas		
Nature de la photosynthèse	anoxygénique	anoxygénique	anoxygénique	anoxygénique	anoxygénique	Oxygénique (parfois facultativement anoxygéniques)
Type métabolique général	Photolithoautotrophes anérobies obligatoires	Généralement photohétérotrophes ; parfois photoautotrophes ou chimiohétérotrophes (lorsqu'aérobies et à l'obscurité)	Photolithoautotrophes anérobies obligatoires	Généralement photoorganohétérotrophes anaérobies, certains Photolithoautotrophes facultatifs (à l'obscurité chimioorganotrophes)	Photoorganohétérotrophes anaérobies	Photolithoautotrophes aérobies
Mobilité	Non mobiles ; certaines avec vésicules gazeuses	Par glissement	Mobiles avec flagelles polaires ; certaines ont des flagelles péritriches	Mobiles avec flagelles polaires ou non mobiles ; certaines avec vésicules gazeuses	Certaines sont mobiles avec un seul flagelle (ou plus en petit nombre polaire ou subpolaire)	Non mobiles, nage sans flagelle ou mobiles par glissement ; certaines avec vésicules gazeuses
Pourcentage en GC	48-58	53-55	45-70	61-72	57-72	35-71
Phylum ou classe	Chlorobi	Chloflexi	γ-proteobactéries	α-proteobactéries, β- proteobactéries	α-,β- et γ- proteobactéries	cyanobacteria

d'hydrogène. On trouve les formes dépourvues de vésicules gazeuses dans les boues riches en sulfure du fond des lacs et des étangs.

Les bactéries vertes sulfureuses sont très diverses du point de vue morphologique. Elles peuvent être en forme de bâtonnet, coque ou de vibrion ; certaines se développent isolément, d'autres forment des chaînes et des amas. Elles sont de couleur vert pré ou brun chocolat. Comme genre représentatifs, citons *Chlorobium*, *Prosthechochloris* et *Pelodictyon*.

1-2-Le phylum des Chloroflexi (bactéries vertes non sulfureuses)

Le phylum des Chloroflexi compte à la fois des membres photosynthétiques et non photosynthétiques. *Chloroflexus* est le principal représentant des bactéries vertes non sulfureuses. *Chloroflexus* est une bactérie thermophile, filamenteuse et mobile par glissement ; on l'isole souvent de sources chaudes neutres à alcalines, où elle se développe sous forme de tapis orange rougeâtre, habituellement en association avec des cyanobactéries.

1-3-Le phylum des Cyanobacteria

Les cyanobactéries forment le groupe le plus vaste et le plus diversifié de bactéries photosynthétiques. Bien que les cyanobactéries soient des bactéries Gram négatives, leur système photosynthétique ressemble étroitement à celui des eucaryotes et les cyanobactéries endosymbiotiques sont considérées comme ayant évolué en chloroplastes. Il s'ensuit que les cyanobactéries et la plupart des eucaryotes photosynthétiques possèdent la chlorophylle *a* et les photosystèmes I et II et sont donc capables de photosynthèse oxygénique.

Les cyanobactéries varient aussi grandement en forme et en aspect. Elles ont un diamètre qui varie d'environ 1 à 10µm et peuvent être unicellulaires, en colonies de différentes formes ou constituer des filaments trichomes. Un trichome est une rangée de cellules bactériennes en contact étroit l'une avec l'autre, sur une grande surface. Bien que la plupart des cyanobactéries apparaissent bleu vert à cause de la phycocyanine, des isolats prélevés en plein océan sont rouges ou bruns, à cause de la phycoérythrine.

Le Bergey divise les cyanobactéries en cinq sous sections. Celles-ci se distinguent par la morphologie de la cellule ou du filament et les modes de reproduction. Quelques autres propriétés importantes pour la caractérisation des cyanobactéries sont l'ultrastructure, les caractéristiques génétiques, la physiologie et la biochimie et l'habitat/écologie.

1-4-Proteobacteria photosynthétiques

1-4-1- Bactéries pourpres non sulfureuses

Toutes les bactéries pourpres non sulfureuses sont des alphaproteobacteries, à l'exception de *Rhodocylus*, une bêtaproteobactérie. Ces bactéries pratiquent la photosynthèse anoxygénique et possèdent les bactériochlorophylles a ou b.

Les bactéries pourpres non sulfureuses sont exceptionnellement souples quant au choix de leur source d'énergie. Elles se développent normalement en anaérobiose, comme photoorganohétérotrophes ; elles captent l'énergie lumineuse et utilisent des molécules organiques comme source à la fois d'électrons et de carbone.

Les bactéries pourpres non sulfureuses ont une morphologie très variable. La plupart sont mobiles avec des flagelles polaires. Elles peuvent être en spirale (*Rhodospirillum*), en bâtonnet (*Rhodopseudomonas*), en demi-cercle ou en cercle (*Rhodocyclus*) et même former des prosthèques ou des bourgeons (*Rhodomicrobium*).

Rhodospirillum rubrum est peut être la bactérie pourpre non sulfureuse la mieux étudiée. Elle illustre la flexibilité métabolique de ce groupe.

1-4-2- Bactéries pourpres sulfureuses

Les bactéries pourpres sulfureuses sont des Gammaproteobacteries, ce sont des anaérobies stricts, généralement photolithoautotrophes. Le Bergey divise ces bactéries en deux familles : les *Chromatiaceae* et les *Ectothiorhodospiraceae* dans l'ordre des *Chromatiales*. La famille des *Ectothiorhodospiraceae* compte huit genres. Mais la majorité des bactéries pourpres sulfureuses se trouvent dans la famille des *Chromatiaceae* avec 26 genres.

Les cellules d'*Ecthorhodospira* sont rouges en forme de spirales, avec des flagelles aux poles. Elles font des dépôts extracellulaires de globules de soufre.

Les *Chromatiaceae* oxydent le sulfure d'hydrogène en soufre et le déposent à l'intérieur de la cellule sous forme de granules de soufre.

1-5-Héliobactéries

Les Héliobactéries offrent un excellent exemple de la diversité de la classe des *Clostridia* du phylum des Firmicutes. Les genres *Heliobacterium* et *Heliophylum* forment un

groupe de bactéries photosynthétiques, anaérobies inhabituelles, caractérisées par la présence de bactériochlorophyle g. elles possèdent un centre réactionnel de type photosystème I, comme les bactéries vertes sulfureuses, mais n'ont pas de membranes photosynthétiques intracytoplasmiques ; les pigments sont situés dans la membrane cytoplasmique. Elles diffèrent aussi des autres bactéries anoxygéniques par leur incapacité de croître en autotrophie ; elles utilisent le pyruvate pour la croissance photohétérotrophe sous lumière et le fermentent en absence de lumière sous anoxie. Comme les clostridies les héliobactéries fixent l'azote atmosphérique.

2- Les Chlamydiae

Les Chlamydiae sont Gram négatives et sont obligatoirement des parasites intracellulaires : elles doivent croître et se reproduire à l'intérieur de leur cellules hôtes. Leur caractère pathogène est bien connu, mais beaucoup d'espèces développent dans des protistes et des cellules animales sans effet défavorable. Ces hôtes sont considérés comme un réservoir naturel de Chlamydiae. Chez l'homme *C.trachomatis* est responsable de la maladie sexuellement transmissible la plus courante connue comme l'urétrite non gonococcique. Ce microbe est l'agent le plus courant la cécité évitable (trachome) dans le monde.

Le phylum des Chlamydiae compte une classe, un ordre, quatre familles et seulement six genres. Le genre *Chlamidia* est de loin le plus important et le mieux étudié. Les Chlamydiae sont des bactéries non mobiles, coccoïdes, Gram négatives, dont la taille varie de 0,2 à 1,5 μm . elles ne peuvent se reproduire que dans des vésicules cytoplasmiques des cellules hôtes, selon un cycle de développement particulier qui comprend la formation de deux types de cellules : les corps élémentaires les corps réticules. Bien que leur enveloppe ressemble à celle des autres bactéries Gram négatives, leur paroi cellulaire est différente parce qu'elle est dépourvue d'acide muramique et de couche peptidoglycane.

Le métabolisme chlamydien est très différent de celui des autres bactéries Gram négatives. On a cru que les Chlamydiae étaient incapables de cataboliser les hydrates de carbone ou d'autres substances, ou de synthétiser de l'ATP. Ainsi, les chlamydiae peuvent apparaître comme des parasites énergétiques, complètement dépendants de leur hôte pour l'ATP.

3-Les bactéries Gram négatives autres que les Proteobacteria

3-1-Les Spirochaetes

Le phylum des Spirochaetes (du grec *spira*, un enroulement, et *chaitè*, cheveu) contient des bactéries Gram négatives chimiohétérotrophes, distinctes par leur structure et leur mécanisme de mobilité. Le Bergey divise le phylum des Spirochaetes en une classe, un ordre (les *Spirochaetales*) et trois familles (les *Spirochaetaceae*, les *Serpulinaceae*, et les *Leptospiraceae*). Actuellement, il y a treize genres dans le phylum. Les spirochètes peuvent être anaérobies, anaérobies facultatifs ou aérobies. Comme source de carbone et d'énergie, ils utilisent des hydrates de carbone, des acides aminés, des acides gras à longue chaîne et des alcools gras à longue chaîne.

De morphologie unique, les spirochètes sont de longues bactéries fines (0,1 à 3µm sur 5 à 250µm) en forme d'hélice souple. Le cylindre protoplasmique central contient du cytoplasme et le nucleoïde et est entouré d'une membrane cytoplasmique et d'une paroi cellulaire Gram négatives. De deux à plus d'une centaine de flagelles, appelés fibrilles axiales ou flagelles périplasmiques, s'étendent à partir des deux extrémités du cylindre.

La mobilité des Spirochètes est spécifiquement adaptée au mouvement dans des solutions très visqueuses et est unique à cet égard.

D'un point de vue écologique, le groupe est exceptionnellement varié et il se développe dans des habitats aussi divers que la boue et la bouche de l'homme. Les membres du genre *Spirochaeta* vivent libres et croissent souvent dans des milieux dulçaquicoles ou marins, anoxiques et riches en sulfure. Certaines espèces du genre *Leptospira* se développent dans l'eau chargée en oxygène et dans le sol humide. Des Spirochètes forment des associations symbiotiques avec d'autres organismes et se retrouvent dans des endroits très divers : dans l'intestin postérieur des termites et des blattes, dans l'appareil digestif des mollusques (*Cristispira*) et des mammifères, dans les cavités buccales des animaux. Les Spirochètes des intestins de termites et des sédiments d'eau douce peuvent fixer l'azote.

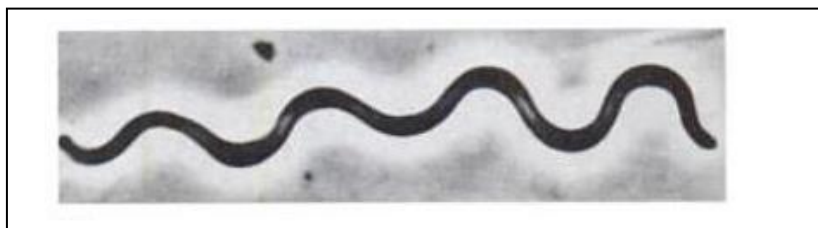


Figure 12: Les spirochètes : *Cristispira* sp.

3-2-Les *Bacteroidetes*

Le phylum des *Bacteroidetes* est très diversifié. Il compte trois classes (*Bacteroides*, *Flavobacteria* et *Sphingobacteria*), 12 familles et 63 genres.

La classe des *Bacteroides* contient des bâtonnets Gram négatifs de formes variées, anaérobies, non sporulants, mobiles ou non mobiles. Ces bactéries sont des chimiohétérotrophes et produisent habituellement un mélange d'acides organiques comme produits finaux de la fermentation. Ces bactéries se développent dans des habitats comme la cavité buccale et le tractus intestinal des vertébrés et le rumen des ruminants.

Des membres du genre *Bacteroides* sont associés à des maladies des organes majeurs, depuis le système nerveux central jusqu'aux squelettes. *B.fragillis* est un organisme pathogène anaérobie particulièrement commun que l'on trouve dans les infections abdominales, pelviennes, pulmonaires et sanguines.

Un autre taxon important chez les *Bacteroidetes* est la classe des *Sphingobacteria*. Ces bactéries ont souvent des sphingolipides dans leur paroi cellulaire.

3-3-Les *Verrucomicrobia*

Le Bergey recense un seul ordre et une seule classe dans ce phylum des *Verrucomicrobia*. En effet, ce phylum ne contient qu'un tout petit nombre de souches cultivées, la plupart desquelles étant des hétérotrophes aérobies ou anaérobies qui poussent sur milieu complexe. En 2007, un nouveau membre de ce phylum a été décrit : *Acidiméthylsilex fumarolicum*. La découverte et la mise en culture de cette bactérie sont absolument dignes d'attention car elle est thermophile, acidophile et méthanotrophe (capable d'utiliser le méthane comme source d'énergie et de carbone). Tandis que *A.fumarolicum* était ainsi isolée en Italie, un autre isolat de *Verrucomicrobia* a été découvert dans un site similaire, acide et géologiquement actif, en Nouvelle Zélande. Les deux souches poussent bien sur le méthane et le méthanol, mais l'adition de substrats organiques simples comme l'acétate et

succinate inhibe complètement la croissance. La découverte de ces bactéries démontre que la méthanotrophie est beaucoup plus répandue et ce phylum de *Verrucomicrobia* plus diversifié qu'on le pensait jusqu'alors.

4-Les bactéries Gram positives

Les bactéries Gram positives étaient historiquement groupées selon leur forme générale (bâtonnets, coques ou formes irrégulières) et leur capacité de former des endospores. Cependant, l'analyse de leurs relations phylogénétiques, par comparaison des séquences des ARNr 16S, montre qu'elles sont divisées en un groupe pauvre en G+C et un autre groupe riche en G+C ou groupe actinobactérien.

4-1-Les bactéries Gram positives pauvres en GC

Les bactéries Gram positives pauvre en G+C sont placées dans le phylum des *Firmicutes* et divisées en trois classes : les *Mollicutes*, les *Clostridia* et les *Bacilli*. Le phylum des *Firmicutes* est vaste et complexe, il compte 10 ordres et 34 familles.

Les mycoplasmes, classe des *Mollicutes*, sont aussi considérés comme Gram positifs pauvre en G+C, bien qu'ils n'aient pas de paroi cellulaire. Les données d'ARN ribosomiques montre que les mycoplasmes sont étroitement apparentés aux lactobacilles.

4-1-1- La classe des *Mollicutes* « Mycoplasmes »

Les membres de la classe des *Mollicutes*, communément appelés mycoplasmes, sont particuliers parce qu'ils n'ont pas de paroi, ont de petits génomes et des voies métaboliques simplifiées. Lors de leur découverte, ils étaient considérés comme des organismes assez primitifs, mais l'analyse moléculaire a révélé qu'ils descendaient d'un ancêtre Gram positif. Leur petit génome apparait comme le résultat d'une réduction génomique telle qu'ils ont perdue de nombreuses propriétés métaboliques et notamment celle de pouvoir synthétiser les précurseurs du peptidoglycane.

La classe des *Mollicutes* comprend cinq ordres et six familles. Les genres les mieux étudiés se trouvent dans les ordres des *Mycoplasmatales* (*Mycoplasma*, *Ureaplasma*), des *Entomoplasmatales* (*Entomoplasma*, *Mesoplasma*, *Spiroplasma*), des *Acholeplasmatales* (*Acholeplasma*) et des *Anaeroplasmatales* (*Anaeroplasma*, *Asteroleplasma*).

Comme ils ne sont entourés que par une membrane cytoplasmique, ces bactéries sont pléomorphes ; leur forme varie depuis l'organisme sphérique ou pyriforme, avec un diamètre d'environ 0,3 à 0,8µm, jusqu'à des filaments ramifiés ou hélicoidaux.

Le génome des *Mollicutes* est l'un des plus petits trouvés chez les bactéries, allant de 0,7 à 1,7 Mb. Les génomes séquencés de *Mycoplasma genitalium*, de *M.pneumoniae* et d'*Ureaplasma urealyticum* ont moins de 1000 gènes, ce qui laisse penser qu'il existe un génome minimal pour assurer une existence autonome, mais aussi qu'en raison de ce nombre limité de gènes, les mycoplasmes sont incapables de synthétiser nombre de macromolécules et qu'ils ont besoin de milieux de croissance complexes.

Les mycoplasmes sont remarquablement réponsus et peuvent être isolés d'animaux, de plantes, du sol et même de tas de compost. Chez les animaux, les mycoplasmes colonisent muqueuses et articulations, et sont souvent associés à des maladies des systèmes respiratoire et urogénital. Ils sont responsables de plusieurs maladies importantes dans les élevages, par exemple, la pleuropneumonie bovine contagieuse dans le bétail (*M.mycooides*), la maladie respiratoire chronique des volailles (*M.galliseoticum*), et la pneumonie des porcs (*M.hyopneumonie*). Les spiroplasmes ont été isolés chez des insectes, des tiges et de nombreuses plantes. Ils provoquent des maladies chez les agrumes, les choux, les brocolis, le maïs, les abeilles et d'autres hôtes.

4-1-2- La classe des *Clostridia*

Il y a deux classes de bactéries Gram positives à faibles teneur en GC qui forment des endospores : les *Clostridia* et *Bacilli*.

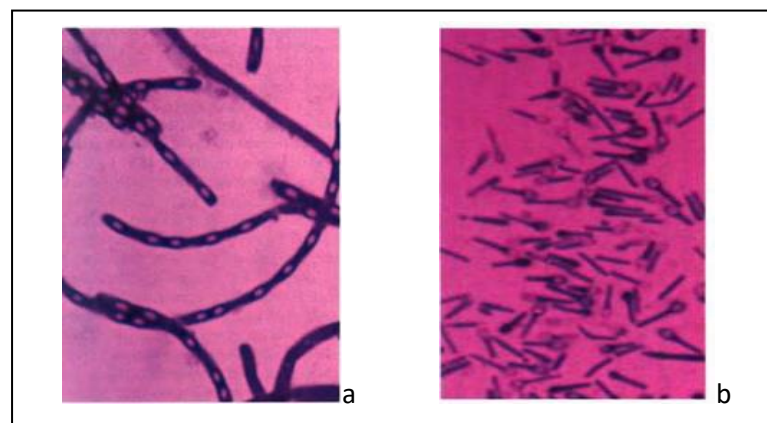


Figure 13 : Les spores : a : *Bacillus anthracis* (spores ellipsoïdales centrales ; b : *Clostridium botulinum* (spores ellipsoïdales subterminales)

La classe des *Clostridia* regroupe une très large variété de bactéries Gram positives distribuées, entre trois ordres et 11 familles.

Le genre *Clostridium* est de loin le plus grand des *Clostridia*. Il comprend des bactéries Gram positives, fermentatives, anaérobies strictes (bien que certaines espèces puissent résister l'oxygène), qui forment des endospores. Le genre contient bien plus de 100 espèces, qui appartiennent à plusieurs groupes phylogénétiques distincts. Des membres du genre *Clostridium* exercent aussi un impact du point de vue pratique. Comme ils sont anaérobies et forment des endospores résistantes à la chaleur, ils sont responsables de nombreux cas de nourriture avariée, même en boîte de conserve.

Bien que les clostridies aient une valeur industrielle (par exemple *C. acetobutylicum* est utilisé pour la production de butanol), les espèces pathogènes qui produisent des toxines sont les mieux connues. Par exemple, *C. perfringens* est l'agent causal de la gangrène gazeuse et l'empoisonnement alimentaire. *C. butulinum* est l'agent responsable du botulisme et *C. tetani* celui du tétanos.

Desulfotomaculum est un genre qui forme des endospores et qui réduit le sulfate et le sulfite en sulfure d'hydrogène pendant la respiration anaérobique. Bien qu'il donne une coloration de Gram négative, *Desulfotomaculum* montre, au microscope électronique, une paroi cellulaire de Gram positif. Ceci, ajouté aux études phylogénétiques, concourt à le placer dans les Gram positives à faible teneur en GC.

Les héliobactéries sont des Gram positives à faible teneur en GC et photosynthétiques.

Bien que les bactéries du genre *Veillonella* se colorent en Gram négatif, le Bergey les place dans la famille des *Acidaminococcaceae*, ordres des *Clostridiales*. Comme beaucoup de groupes de bactéries anaérobies, les membres de ce genre n'ont pas été fort étudiés. Certaines espèces font partie de la flore normale de la bouche, du tube digestif, de l'appareil urogénital des hommes et d'autres animaux.

4-1-3-La classe des *Bacilli*

La seconde édition du Bergey rassemble une grande variété de bactéries Gram positives en une seule classe, les *Bacilli*, et deux ordres, les *Bacillales* et les *Lactobacillales*. Ces ordres contiennent 17 familles et plus de 70 genres Gram positifs, comprenant des coques, des batonnets et des coques sporulants, et des batonnets non sporulants.

4-1-3-1- L'ordre des *Bacillales*

❖ Familles des *Bacillaceae*

Le genre *Bacillus*, famille des *Bacillaceae*, est le plus vaste de l'ordre. Il comprend des batonnets Gram positifs, sporulants, chimiohétérotrophes, qui sont généralement mobiles, avec des flagelles péritriches. Le genre est aérobic, ou parfois facultatif, et catalase positif.

Bacillus subtilis, l'espèce type de genre, est la bactérie Gram positive la mieux étudiée : cette bactérie anaérobic facultative peut utiliser le nitrate comme accepteur terminal d'électrons ou effectuer une fermentation acide mixte qui fournit du lactate, de l'acétate et de l'acétoïne comme produits terminaux majeurs. Non pathogène, c'est un organisme modèle extraordinaire pour l'étude de la régulation génétique, de la division cellulaire, de la perception du quorum et de la différenciation cellulaire. Son génome de 4,2Mb a été l'un des premiers à être complètement séquencé.

Bacillus subtilis, est une bactérie qu'on retrouve facilement sous forme de spores dans une grande diversité de sols. Chose intéressante, on la retrouve aussi sous sa forme végétative (C-à-d pas sous forme de spores) lorsqu'elle est associée étroitement avec les racines des plantes ou avec du matériel en décomposition sur lequel elle se développe. Outre la sporulation (une forme de différenciation), *Bacillus subtilis*, peut aussi former des biofilms.

Beaucoup d'espèces de *Bacillus* ont une importance considérable. Certaines produisent des antibiotiques comme la bacitracine, la gramicidine et la polymyxine. *B.cereus* est responsable de certaines formes d'empoisonnement alimentaire. Plusieurs espèces sont utilisées comme insecticides. Ainsi, lors de la formation d'endospores, *B.thuringiensis* et *B.sphaericus* forment un cristal protéique solide, le corps parasporal, à côté de leurs. Le corps parasporal de *B.thuringiensis* contient des toxines protéiques qui peuvent tuer plus de cent espèces de papillons ; elles se dissolvent dans l'intestin alcalin des chenilles et en détruisent l'épithélium. Le corps parasporal de *B.sphaericus* contient des protéines toxiques pour les larves de moustiques et peuvent être utiles pour le contrôle des moustiques qui véhiculent le parasite *Plasmodium*, responsable de la malaria. *B.antracis* est l'agent causal du charbon qui peut affecter les animaux de ferme et l'homme.

Famille des *Panococcaceae*

Sporosarcina est une bactérie qui appartient à l'un des cinq genres de la famille des *Panococcaceae* et est la seule bactérie à endospores connue, qui a une forme coccoides plutôt que celle d'un batonnet.

❖ **Famille des *Staphylococcaceae***

La famille des *Staphylococcaceae* comprend cinq genres, dont le plus important est le genre *Staphylococcus*. Les membres de ce genre sont des coques Gram positifs, anaérobies facultatifs, non mobiles de 0,5 à 1,5µm de diamètre, observables seuls, en paires et en tétrades, et se divisant de façon caractéristique sous plus d'un plan pour former des amas irréguliers. Catalase positifs et oxydase négatifs, ils respirent avec l'oxygène pour accepter terminal d'électrons, bien que certains soient capables de réduire le nitrate en nitrite. Capables de fermentation, ils fermentent le glucose principalement pour donner du lactate.

Les staphylocoques sont normalement associés à la peau, aux glandes cutanées et aux muqueuses des animaux à sang chaud. Les staphylocoques sont responsables de nombreuses maladies humaines. *Staphylococcus epidermidis* est un résident commun de la peau qui est parfois d'endocardites et d'infections chez des patients moins résistants (p.ex., infections des blessures, infections chirurgicales, infections de l'appareil urinaire, piercing corporels).

Staphylococcus aureus est le staphylocoque pathogène le plus important chez l'homme, il est la cause de furoncles, d'abcès, d'infections de blessures, de pneumonies, du syndrome de choc toxique et d'autres maladies.

Outre son rôle dans les infections de la peau et des blessures, le staphylocoque constitue aussi une des causes principales d'intoxication alimentaire.

La coagulase, qui provoque la coagulation du plasma sanguin, est l'un des facteurs de virulence par *S.aureus*. Les types de croissance et d'hémolyse sur gélose au sang sont également utiles pour identifier ces Staphylocoques.

❖ **Famille des *Listeriaceae***

La famille des *Listeriaceae* comprend deux genres : *Brocothrix* et *Listeria*. *Brocothrix* est surtout observé dans la viande mais pas pathogène.

Listeria, de la famille *Listeriaceae* est le genre médicalement important de cette famille. Ce genre contient des bâtonnets courts, aérobies ou facultatifs, catalase positifs et mobiles avec flagelles péritriches. Il est largement distribué dans la nature, particulièrement dans la matière en décomposition. Doués de respiration aérobie, ces microbes fermentent le glucose principalement en lactate. *Listeria monocytogenes*, pathogène pour l'homme et les autres animaux, est responsable de la listériose, une infection alimentaire importante.

4-1-3-2- L'ordre des *Lactobacillales*

De nombreux membres de l'ordre des *Lactobacillales* produisent de l'acide lactique comme principal ou unique produit de fermentation. *Streptococcus*, *Enterococcus*, *Lactococcus* et *Leuconostoc* sont tous membres de ce groupe. Les bactéries lactiques ne sporulent pas et ne sont habituellement pas mobiles. Pour leur énergie elles dépendent normalement de la fermentation des sucres.

On range habituellement les bactéries lactiques dans les anaérobies facultatifs, mais certains les considèrent comme des aérotolestants.

Le genre le plus grand dans cet ordre est *Lactobacillus*, avec près de 100 espèces. *Lactobacillus* contient des bâtonnets non sporulants et parfois coccobacilles. Tous sont dépourvus de catalase et de cytochrome, et donnent de l'acide lactique comme produit de fermentation unique ou majeur. Les lactobacilles pratiquent soit une fermentation homolactique par voie d'Embden Meyerhof, soit une fermentation hétérolactique par la voie de phosphocétolase. On trouve ce genre à la surface des plantes, des produits laitiers, la viande, l'eau, les égouts, la bière, les fruits et beaucoup d'autres produits. Les lactobacilles font aussi partie de la flore normale du corps humain : dans la bouche, le tractus intestinal et le vagin. Habituellement, ils ne sont pas pathogènes.

Leuconostoc, famille des *Leuconostocaceae* contient des coques Gram positifs facultatifs qui peuvent être allongés ou ellipsoïdaux et disposés par paires ou en chaînes.

Les *Enterococcaceae* et les *Streptococcaceae* sont d'importantes familles de coques Gram positives, non sporulantes, mésophiles, chimiohétérotrophes.

La famille des *Streptococcaceae* comprend seulement deux genres : *Lactococcus* et *Streptococcus*. Le genre *Streptococcus* est anaérobie facultatif et catalase négatif. Le principal

pathogène chez l'homme est *S.pyogenes*, responsable de l'angine, de la glomérulonéphrite aiguë et de la fièvre rhumatoïde.

Les entérocoques, comme *E.faecalis* sont des résidents normaux du tractus intestinal de l'homme et de la plupart des animaux.

4-2-Les bactéries Gram positives riches en GC

Les bactéries Gram positives riches en G+C ou actinobactérienne sont des Gram positives, aérobies, qui se distinguent par la formation d'hyphes filamenteux qui se différencient pour produire des spores asexuées. Beaucoup d'entre elles ressemblent aux champignons par leur morphologie générale.

Les actinomycètes constituent un groupe de microorganismes fascinant. Ils sont la source de la plupart des antibiotiques utilisés en médecine aujourd'hui. Ils produisent aussi des métabolites employés comme médicament anticancéreux, comme antihelminthiques et les médicaments qui inhibent le système immunitaire chez les patients qui ont subi une transplantation d'organe. Le cycle biologique de nombreux actinomycètes comprend le développement de cellules filamenteuse, appelées, hyphes, et de spores. Lorsqu'ils croissent sur un substrat solide comme le sol ou la gélose, les actinomycètes développent un réseau ramifié d'hyphes. Ceux-ci poussent à la fois à la surface et à l'intérieur du substrat pour former un tapis dense d'hyphes, qu'on appelle mycélium végétatif. Les hyphes aériens forment par septation des spores à paroi mince. Ces spores sont considérées comme des exospores, parce qu'elles ne se développent pas dans une cellule mère, comme les endospores de *Bacillus* et *Clostridium*. la plupart des actinomycètes ne sont pas mobiles, leurs spores se dispersent grâce au vent ou en adhérant à des animaux. Chez les genres peu nombreux, dotés de mobilités, celles-ci est limitée aux spores flagellés.

Les actinomycètes ont aussi une grande importance écologique. Ce sont essentiellement, des habitants du sol et ils sont très répandus. Ils peuvent dégrader une variété énorme de composés organiques et sont extrêmement important pour la minéralisation de la matière organique.

Le phylum des actinomycètes est vaste et très complexe. Le Bergey classe les bactéries riches en G+C phylogénétiquement en utilisant les données de l'ARNr 16S. le

phylum des Actinobacteria contient les actinomycètes et leurs parents riches en GC, il comprend une classe, cinq sous classe, six ordres, 14 sous ordres et 44 familles.

4-2-1- Sous ordre *Actinomycineae*

Dans le sous ordre des *Actinomycéneae*, il y a une seule famille de cinq genres : *Actinomyces*, *Actinobaculum*, *Arcanobacterium*, *Mobiluncus* et *Varibaculum*.

Les membres du genre *Actinomyces* sont des bâtonnets non sporulants de forme irrégulière, qui peuvent provoquer des maladies chez les bétails et chez l'homme.

4-2-2- Sous ordre *Micrococcineae*

Cet sous ordre comprend 14 familles et une grande variété de genres. Deux des genres les mieux connus sont *Micrococcus* et *Arthrobacter*. Les *Arthrobacter* possèdent un mécanisme particulier de fission binaire appelé division par cassure. Un troisième genre dans ce sous ordre : *Dermatophylus* peut former des amas de spores mobiles grâce à des touffes de flagelles.

4-2-3- Sous ordre *Corynebacterineae*

Cet sous ordre contient sept familles et plusieurs genres bien connus. *Corynebacterium*, *Mycobacterium*, et *Nocardia* sont trois des genres les plus importants.

4-2-4- Sous ordre *Micromonosporineae*

Les *micromonosporineae* ne contiennent qu'une seule famille, les *micromonosporaceae*. Parmi les genres, on compte *Micromonospora*, *Dactylosporangium*, *Pilimelia*, *Actinoplanes*.

4-2-5- Sous ordre *Propionibacterineae*

Ce sous ordre comprend deux familles et 14 genres. Le genre *Propionibacterium* contient des bâtonnets pléomorphes, non mobiles, non sporulants, souvent en forme de massue avec une extrémité effilée et l'autre arrondie. Les membres de ce genre se trouvent communément sur la peau et dans l'intestin. Ils sont importants dans la fabrication du fromage et dans le développement de l'acné.

4-2-6- Sous ordre *Streptomycineae*

Le sous ordres des *Streptomycineae* ne comprend qu'une famille les *Streptomycetaceae*, et trois genres dont le plus important est *Streptomyces*.

4-2-7- Sous ordre *Streptosorangineae*

Cet sous ordres contient trois familles et 16 genres. Certains genres forment des sporanges. Comme *Streptosporangium somaliensis* et *Actinomadura*.

4-2-8- Sous ordre *Frankineae*

Les genres *Frankia* et *Geodermatophilus* sont placés dans le sous ordre des *Frankineae*. *Frankia* croit en symbiose avec des plantes non légumineuses et fixe l'azote.

4-2-9- L'ordre *Bifidobacteriales*

L'ordre *Bifidobacteriales* ne compte qu'une famille, les *Bifidobacteriaceae*, et 10 genres. *Bifidobacterium* est probablement le genre le mieux étudié de cet ordre. Ce bâtonnet irrégulier, anaérobie est un des premiers colonisateur du tractus intestinal des nourrissons.

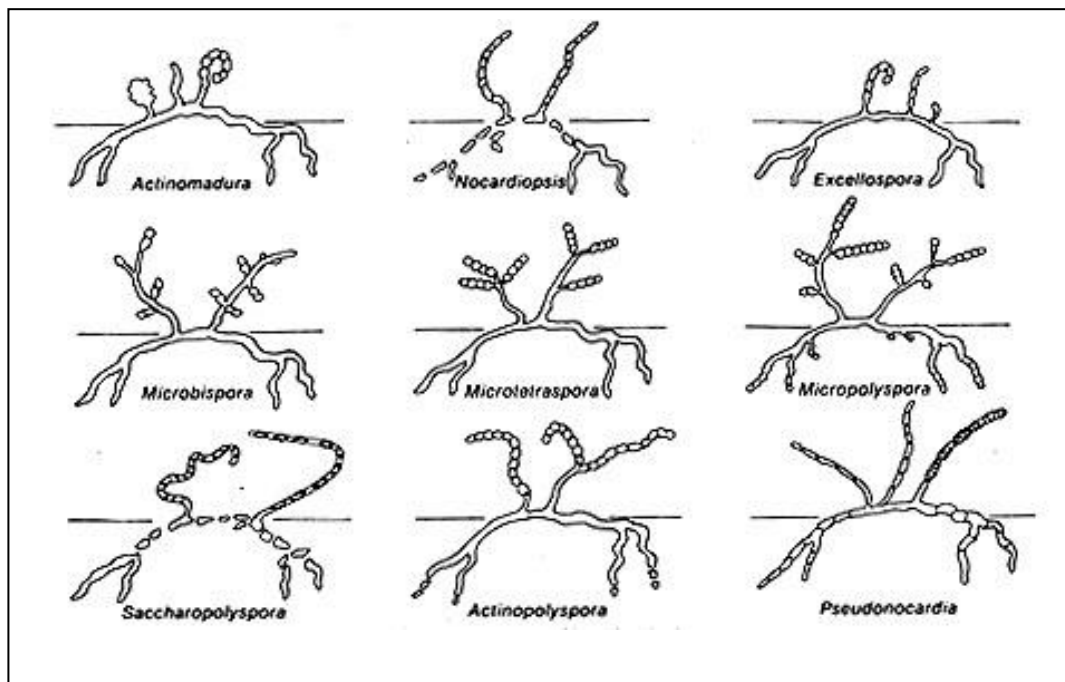


Figure 14 : La diversité morphologique des actinomycètes polysporés

Chapitre 6 : Les Archaea

1-Généralités sur les Archaea

Carl Woese décrivit sa découverte des Archaea comme chanceuse mais non inattendue. Le Domaine Archaea a été identifié à la fin des années 1970 lorsque l'on a commencé à appliquer l'analyse de l'ARN de la partie 16S des ribosomes. Cette analyse a permis de regrouper des organismes phylogénétiquement voisins, représentant une branche distincte de l'évolution des bactéries, avec des altérations systématiques dans la forme des ribosomes et dans la proportion de protéines acides.

Les Archaea ont plusieurs caractéristiques en commun avec les Eucarya, et d'autre avec les bacteria, sans oublier des éléments qui sont uniquement archéens. En général, les gènes liés à l'information, ceux qui encodent les protéines impliquées dans la réplication, la transcription et la traduction, ressemblent à ceux des Eucarya tandis que les gènes du métabolisme sont similaires aux gènes bactériens.

A la coloration de Gram, elles sont soit positives, soit négatives, mais elles ont des parois cellulaires uniques tout à fait de celles des bacteria. Les parois des Archeae ne contiennent pas de peptidoglycane. Elles peuvent être composées de pseudomuréines, des polysaccharides ou de glycoprotéines et d'autres protéines

Ceci les rend insensibles aux antibiotiques inhibiteurs de la synthèse de la paroi tels que pénicilline, vancomycine et phosphomycine et au lysozyme. D'autres différences existent au niveau de la constitution des lipides cellulaires qui sont des diéthers de phytanol (glycérol et acide palmitique avec branchements méthyl). Les transporteurs d'électrons classiques (cytochromes, quinones, flavines) sont absents et remplacés par des cofacteurs uniques (CoM, F420, F430, méthanoptérine).

Les Archeae sont très diverses, aussi bien en morphologie qu'en physiologie. Elles peuvent être sphériques, en bâtonnet, spiralées, lobées, cuboïdes, triangulaires, aplaties, de forme irrégulière ou pléomorphes. Certaines vivent en cellule isolée tandis que d'autre forment des filaments ou des agrégats Les endospores sont absentes. La multiplication peut se faire par scissiparité, par bourgeonnement, par fragmentation ou par d'autres mécanismes. La plupart sont anaérobies stricts mais certains sont aérobies.

Beaucoup sont mobiles. De point de vue de la nutrition, elles vont des chimiolithoautotrophes aux organotrophes. On y trouve des psychrophiles, des mésophiles et des hyperthermophiles capables de croître à plus de 100°C.

Les Archaea colonisent une immense variété d'habitats. En effet, de nombreuses Archeae habitent des niches comprenant des zones de température ou de pH extrêmes, ou concentrées en sels, ou complètement anoxiques. En revanche, les archées contribuent pour au moins de 20% à la biomasse procaryotique du plancton marin et sont des membres importants de certaines communautés du sol, environnements qu'on ne peut qualifier d'extrêmes. En outre, certaines archées sont symbiotiques dans l'appareil digestif d'animaux, mais à ce jour, on n'a pas encore décrit d'archées pathogènes.

2-Phylum des *Crearchaeota*

Le phylum ne comprend qu'une seule classe, les *Thermoprotei*, qui est divisée en quatre ordres et six familles.

2-1-Ordre des *Thermoprotéales*

Cet ordre contient deux familles. La famille des *Thermoproteaceae* comprend des genres bâtonnets hyperthermophiles anérobies ou facultatifs. La famille des *Thermophilaceae* n'a qu'un représentant : *Thermophilum pendens*.

2-2-Ordre des *Sulfolobales*

Ce sont des thermoacidophiles en formes de coques.

2-3-Ordre des *Desulfurococcales*

Les deux familles de cet ordre contiennent des hyperthermophiles coccoides ou en forme de disque. La famille des *Desulfurococcaceae* comprend le genre *Ignicoccus*. La famille des *Pyrodictiaceae* comprend le genre *Pyrodictidium*. A cette famille, appartient aussi le genre *Pyrolobus*. *P.fumari* est l'un des microbes les plus thermophiles isolés à ce jour. Son optimum de température se situe à 106°C et son maximum à 113°C.

2-4-Ordre des *Caldisphaerales*

Cet ordre ne comporte qu'un genre, *Caldisphaera*, dont les membres sont des coques thermoacidophiles, aérobies et hétérotrophes.

Dans le phylum des *Crenarchaeota*, les thermophiles extrêmes qui métabolisent le soufre dépendent du soufre pour leur croissance et sont fréquemment acidophiles. Le soufre peut être utilisé comme accepteur d'électrons dans la respiration anaérobie ou comme donneur d'électrons par les chimiolithotrophes. Nombre d'entre eux sont des anaérobies stricts et se développent dans les sols et les eaux chauffés par géothermie et riches en soufre.

3-Phylum des *Euryarchaeota*

Les *Euryarchaeota* constituent un phylum très diversifié, comprenant de nombreux genres répartis dans cinq groupes physiologiques principaux : les méthanogènes, les halobactéries, les thermoplasmes, thermophiles extrêmes qui réduisent le soufre et les archées qui réduisent le sulfate.

3-1-Les archées méthanogènes

Sont des anaérobies stricts qui peuvent obtenir de l'énergie par la synthèse de méthane. Elles possèdent plusieurs cofacteurs inhabituels impliqués dans la méthanogénèse.

3-2-Les halophiles extrêmes (halobactéries)

Sont des chimiohétérotrophes aérobies qui demandent au moins 1,5 M de NaCl pour croître. On les trouve dans des habitats tels que les salines, les lacs salés et le poisson salé.

3-3-Les thermoplasmes

L'archée thermophile *Thermoplasma* se développe dans des crassiers de charbon acides et chauds, où il survit malgré son manque de paroi cellulaire.

3-4-Les thermophiles extrêmes: La classe des *Thermococci* renferme des organismes thermophiles extrêmes qui peuvent réduire le soufre en sulfure.

3-5-Les archées réductrices de sulfates

Ces archées sont placées dans la classe des *Archaeoglobi*. Le thermophile extrême *Archaeoglobus* diffère des autres archées par l'utilisation de toute une variété de donneurs d'électrons pour réduire le sulfate. Il possède aussi les cofacteurs des méthanogènes F₄₂₀ et méthanoptérine.

4- Autres phylums

Les phylums *Korarchaeota*, *Nanoarchaeota* et *Thaumarchaeota* sont des phylums monospécifiques non encore reconnus.

Références bibliographiques

- Bousseboua H. (2002), « Eléments de Microbiologie Générale ».Edition de l'UMC, Algérie.
- Larpent J.P., Larpent G.M, (1990), « Mémento technique de microbiologie ». Tec & Doc-Lavoisier, Paris
- Prescott L.M., Harley J.P., Klein D.A, (2003) , « Microbiologie » . De Boeck
- Prescott L.M., Harley J.P Harley, Klein D.A, Christopher J. , (2013) – « Microbiologie ».De Boeck
- Tortora G. J., Funke B.R., Case C L. (2003), « Introduction à la microbiologie ».ERPI
- Garcia J.L., Cayol J.-L ., Roger P, (2007), « Taxonomie des Procaryotes »
.http://garciajeanlouis9051.perso.neuf.fr