

Chapitre 3 : Classification bactérienne : la taxinomie bactérienne

La liste des microorganismes est si importante qu'il est apparu nécessaire voir même impératif de leur attribuer un nom (nomenclature) et de les classer.

- **La nomenclature** est l'ensemble des règles qui permettent de définir et de choisir les noms.
- **La classification** est la méthode qui permet d séparer les objets et de les réunir en groupes apparentés sur la base de critères définis. Lorsqu'il s'agit d'organismes ou de microorganismes, on parle de taxonomie ou de taxinomie (du grec taxis= arrangement).

L'identification d'une souche bactérienne consiste à comparer les caractères de cette souche avec ceux des modèles figurant dans la classification.

La classification des microorganismes ou protistes s'inspire tout naturellement des lois qui régissent celles des animaux et des végétaux. Elle est donc conçue et copiée selon les principes établis par Linné. Le premier de ces groupes veut que tout individu appartienne à une espèce, toute espèce à un genre etc... C'est l'espèce qui est à la base de la construction.

1. Unité taxonomique

L'espèce, telle qu'elle est définie chez les organismes supérieurs, plantes ou animaux, repose sur l'interfécondité des individus d'une même espèce.

Il ne peut en être ainsi avec les bactéries, chez qui la reproduction est asexuée (sauf exception). La définition de l'unité taxonomique élémentaire a été esquissée dès les débuts de la bactériologie par une approche purement descriptive qui est encore d'usage actuellement. Il s'agit par exemple, du **biotype** que Lwoff définit comme un groupe d'individus possédant essentiellement le même patrimoine héréditaire et ayant nécessairement en commun la grande majorité de leurs caractères. Le biotype dérive du clone c'est-à-dire de la population bactérienne issue d'une seule et même cellule parentale par division asexuée. Plusieurs paramètres sont maintenant utilisés pour évaluer les parentés génétiques des bactéries. Ce sont :

- Le contenu en guanine+cytosine de l'ADN (GC% ou coefficient de Chargaff)
- La taille du génome
- L'hybridation ADN/ADN dans des conditions de température optimale
- La stabilité thermique des hybrides
- L'hybridation ADN/ADN aux conditions de températures restrictives

L'application de ces cinq paramètres conduit à une définition génétique de l'espèce.

L'approche moderne de la taxonomie bactérienne pourrait être polyphasique.

- La première étape serait phénotypique (taxonomie numérique) pour rassembler des souches en groupes de similitude, ou phénon, ayant en commun la majorité de leurs caractères phénotypiques (morphologiques, biochimiques...)
- Au cours de la deuxième étape, l'hybridation ADN/ADN permet de rechercher si la parenté T phénotypique est confirmée par une homologie génétique.

L'espèce ainsi conçue est à la base de la classification. Plusieurs espèces peuvent constituer un genre, plusieurs genres une famille, plusieurs familles une classe, plusieurs classes une division

A l'intérieur d'une espèce, on reconnaît, au niveau intraspécifique

Les biotypes (marqueurs biochimiques)

Les sérotypes (marqueurs antigéniques)

Les lysotypes (sensibilité aux phages)

Les génotypes

Les pathotypes (facteurs de pathogénicité)

Les taxotypes

Le Bergey's Manual of Systematic Bacteriology contient les listes complètes de toutes les espèces procaryotes et leurs caractéristiques distinctes.

2. Les caractères utilisés pour l'identification bactérienne

Une liste de types de caractères utilisée pour distinguer les bactéries est présentée ci-dessous. De façon générale, les caractères ne sont pas tous utilisés dans la classification ou l'identification de chaque espèce bactérienne.

- **Morphologie de la colonie**

La forme, la texture et la couleur des colonies bactériennes peuvent être caractéristiques. Par exemple, le *Staphylococcus aureus* est nommé ainsi car ses colonies sont de couleur jaune : « aureus » est le nom latin de doré.

- Forme, structure cellulaire et réaction aux colorants

Les bactéries sont soit Gram positives, soit Gram négatives ; ceci est l'un des tests diagnostiques cliniques les plus importants. La coloration de Gram et l'examen microscopique des bactéries apportent des informations concernant la forme, la taille et l'organisation des cellules bactériennes et dans certains cas, ceci est suffisant pour identifier certains genres comme les streptocoques qui sont des cocci Gram+ en chaînettes. Les

colorants peuvent aussi être utilisés pour montrer d'autres caractéristiques morphologiques utiles pour la classification, comme la présence de :

- Spores (vert de malachite)
- Capsules
- Parois bactériennes inhabituelles (coloration alcool-acide de Ziehl Neelsen)
- Lipides (colorant flagellaire)

Caractéristiques de la culture. La température, le pH et les besoins en O₂ sont utiles à l'identification des bactéries.

- **Les tests biochimiques :**

Il existe plusieurs tests disponibles mesurant les divers aspects du métabolisme bactérien :

- Les sources du carbone et d'azote que les bactéries peuvent utiliser.
- Les produits finaux de leurs processus métaboliques comme l'actéoïne, mise en évidence par le test de Voges Proskauer.
- Les enzymes que produisent les bactéries, comme les décarboxylases, les protéases et les DNases.
- La présence d'autres molécules comme les toxines, les acides gras à chaîne longue ou les antibiotiques.

- **Les tests immunologiques :**

Des anticorps dirigés contre des composants cellulaires comme la chaîne O des lipopolysaccharides (LPS) où les capsules sont fréquemment utilisés pour distinguer les différentes souches d'une espèce.

- **Les tests d'ADN :**

Les comparaisons du contenu et la séquence d'ADN entre les souches sont les méthodes définitives qui permettent de séparer les organismes en différents groupes et de mesurer la relation évolutive entre eux (analyse phylogénétique). Généralement, l'ADN est analysé par la mesure du contenu en G - C ou la quantité d'homologie en ADN entre différentes souches. Plus récemment, la comparaison des séquences d'ADN de molécules cellulaires conservées comme l'ARN ribosomal 16S ou de protéines comme les cytochrome C, l'ATPase et le facteur d'élongation a été utilisé. Cette information est analysée par une méthode, appelée cladistique, pour tracer les vraies lignées phylogénétiques qui n'ont pas été altérées par les modalités de l'évolution.

