

I.1. Taxonomie bactérienne

I.1.1. Classification bactérienne

Le but principal de la taxonomie bactérienne est d'établir une classification, un arrangement des bactéries en groupes selon leurs propriétés communes. Cette classification peut ensuite être utilisée pour identifier des espèces bactériennes individuelles (identification) et les nommer (nomenclature). La classification peut aussi être utilisée pour étudier les relations entre les différents groupes bactériens selon leurs propriétés phénotypiques pointues et pour établir une probable histoire évolutive commune. Un grand nombre de caractères morphologiques, biochimiques et moléculaires sont mesurés : l'information obtenue est utilisée pour créer un système de classification hiérarchique dans lequel les bactéries peuvent être placées individuellement.

Des espèces apparentées sont groupées en un genre, souvent basé sur un certain caractère phénotypique distinct ; le nom générique est utilisé comme une partie du nom binominal des espèces. Ainsi, par exemple, l'*Escherichia coli* appartient au genre *Escherichia*, nommé d'après Escherich qui isola la bactérie le premier en 1885. L'épithète spécifique << coli >> indique dans ce cas la source à partir de laquelle l'organisme fut isolé (c'est-à-dire à partir du côlon). Cependant, il est à noter que le nom binominal est une étiquette et non une description ; il ne doit en aucun cas décrire l'espèce. Il est à noter aussi que la première lettre du nom du genre est en capital mais pas celle de l'épithète spécifique et que tout le nom binominal est en latin et doit donc être en italique ou souligné. Normalement, si le nom de l'organisme a été désigné par sa lettre, le nom du genre peut être réduit à ses lettres initiales, du moment où il n'y a pas de confusion avec un autre genre. Par conséquent, l'*Escherichia coli* peut être écrit *E. coli*.

Les catégories taxinomiques supérieures dans lesquelles les organismes peuvent être rangés sont successivement : la famille, l'ordre, la classe, l'embranchement et le règne. De la même façon, les espèces peuvent être divisées en sous-espèces ; une culture d'un organisme unique est souvent appelée une souche. Le principal but de la classification bactérienne a été d'être capable d'identifier des organismes bactériens pathogènes et, pour cette raison, ces microbes sont particulièrement bien classés. Le *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology* contient les listes complètes de toutes les espèces procaryotes et leurs caractéristiques distinctes.

I.1.2. Caractères utilisés pour l'identification bactérienne

Une liste de types de caractères utilisée pour distinguer les bactéries est présentée dessous. Celle-ci n'est pas exhaustive et, de façon générale, les caractères ne sont pas tous utilisés dans la classification ou l'identification de chaque espèce bactérienne. Dans de nombreux cas de micro-organismes bien connus, un petit nombre de tests sont nécessaires pour identifier positivement un microbe, en particulier si le site à partir duquel il a été isolé et la maladie qu'il provoque sont connus. Par exemple, Un bacille Gram négatif, en forme de virgule, isolé à partir de grandes quantités de selles liquides et de couleur jaune paille est en faveur du *Vibrio cholera*, agent causal du cholera. Cependant, il peut être nécessaire de faire plusieurs tests pour déterminer le nom d'un microorganisme isolé, surtout si c'est un microbe non décrit.

- **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 mot latin de doré.

- **Structure cellulaire et réaction aux colorants** : Les bactéries sont soit Gram positives, soit Gram négatives ; ceci est l'un des tests diagnostique cliniques les plus importants. La coloration Gram et l'examen microscopique de bactéries apportent des informations concernant la forme, la taille et l'organisation des cellules et, dans certains cas, ceci est suffisant pour identifier certains genres comme les *streptocoques* qui sont des cocci Gram positifs en chaînettes. Les colorants peuvent aussi être utilisés pour montrer d'autr caractéristiques morphologiques utiles pour la classification comme la présence de :
 - Spores (vert de malachite) ;
 - Parois bactériennes inhabituelles (coloration alcool-acide de Zacht-Neelsen) ;
 - Capsules (coloration négative) ;
 - Lipides intracellulaires (noir du Soudan) ;
 - Flagelles (colorant flagellaire) ;
 - Granules métachromatiques (colorant d'Albert Leybourne).

- **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 :

- Sources de carbone et d'azote que les bactéries peuvent utiliser ;
 - Produits finaux de leurs processus métaboliques comme l'acétoïne, mise en évidence par le test de Vogues-Proskacur ;
 - Enzymes que produisent les bactéries, comme les décarboxylases, les protéases et les DNases ;
 - Présence d'autres molécules comme les toxines, les acides gras à chaîne longue ou les antibiotiques.
- **Tests immunologiques** : Des anticorps dirigés contre des composants cellulaires comme la chaîne O des lipopolysaccharides (LPS) ou les capsules sont fréquemment utilisés pour distinguer les différentes souches d'une espèce.
- **Les tests d'ADN** : Les comparaisons du contenu et de 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 le cytochrome C, l'ATPase et le facteur d'élongation a été utilisée. 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.

I.1.3. Classification courante des bactéries

Sur la base des séquences d'ARN 16S, il est maintenant clair qu'il existe au moins trois catégories d'organismes, les deux groupes procaryotes, les archaébactéries et les eubactéries, et les eucaryotes (Figure 1). La diversité génétique au sein des procaryotes est beaucoup plus élevée que chez les organismes supérieurs (végétaux, animaux et champignons).

Parmi les eubactéries, il existe au moins 11 groupes, appelés parfois embranchements, qui peuvent être représentés par un arbre phylogénétique. Il est à remarquer la grande diversité du monde bactérien et le nombre important de bactéries familières comme l'*E. coli*, les espèces *Bacillus* et le *Neisseria gonorrhoeae*, localisés parmi un petit nombre de ces embranchements. Il est à noter que le nombre d'embranchements augmentera quand davantage de bactéries issues de divers habitats seront séquencées.

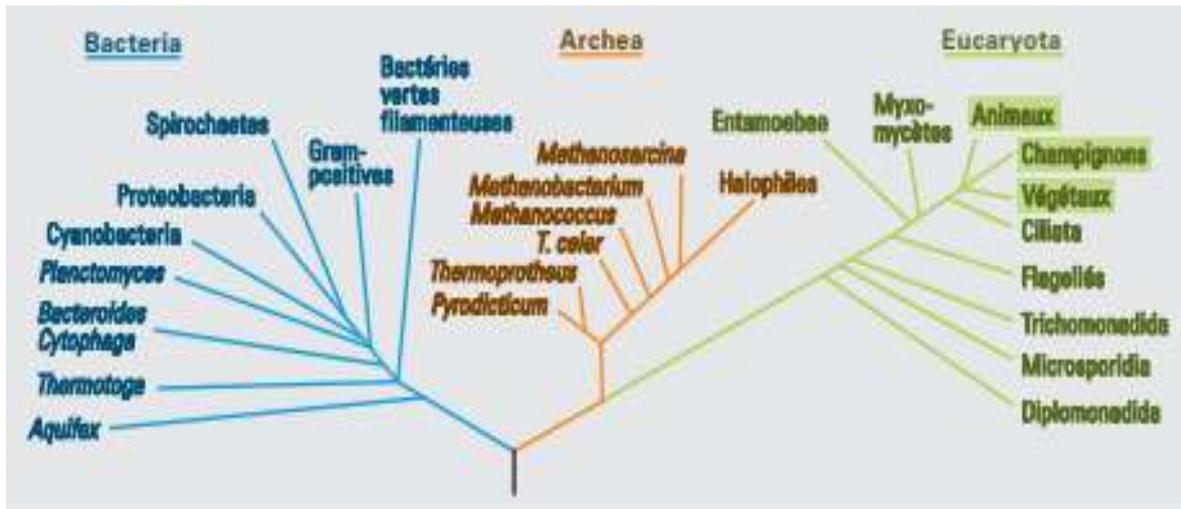


Figure 1 : Arbre phylogénique du vivant basée sur l'information génétique de l'ARN ribosomique (ARN_r).