

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
Université de Ghardaïa



Faculté des Sciences de la Nature et de Vie et Sciences de la Terre

Département de Biologie

Mémoire présenté en vue de l'obtention du diplôme de

MASTER

Filière : Science biologiques

Spécialité : Microbiologie appliquée

**Par : - LAHRECHE Ikram
- METTAS Hakima
- ZAGHLAOUI Dalia Amina**

Thème

**Étude de comparaison moléculaire et chimiotaxonomique (basée sur
les coefficients de *Dice* et *Ochiai*) du genre *Saccharomonospora***

Soutenu publiquement, le 11/06/2023, devant le jury composé de :

M. BELGHIT S.	Maitre de conférences A	Univ. de Ghardaïa	Président
M. BOURAS N.	Professeur	Univ. de Ghardaïa	Directeur de mémoire
M. MAHAMEDI A. E.	Maitre de conférences B	Univ. de Ghardaïa	Examineur 1

Année universitaire : 2022/2023

Remerciements

En premier lieu, nous tenons à exprimer nos profondes reconnaissances envers Dieu pour nous avoir dotés des compétences, de la motivation et de l'opportunité d'accomplir ce travail de manière significative.

Nous voudrions tout d'abord adresser toutes nos reconnaissances au maître de ce mémoire, Monsieur le Professeur Noureddine BOURAS de l'université de Ghardaïa pour son accueil, le partage de ses connaissances. Grâce aussi à sa confiance on a pu accomplir totalement dans nos missions, et surtout ses judicieux conseils, qui ont contribué à alimenter notre réflexion. Il fut d'une aide très précieuse dans les moments les plus délicats.

Nos remerciements vont également à l'ensemble de l'équipe pédagogique et des enseignants de l'université de Ghardaïa qui nous ont transmis leurs connaissances et leur passion. Leur dévouement et leur enseignement de qualité ont joué un rôle crucial dans notre développement académique et professionnel.

Nous souhaitons exprimer toute notre gratitude et nos remerciements aux membres du jury pour avoir accepté de consacrer leur temps à l'évaluation de ce travail, ce qui constitue un grand honneur pour nous.

A Monsieur BELGHIT Said, Maître de conférences A, nous souhaitons exprimer notre profonde gratitude pour l'honneur qu'il nous a accordé en acceptant de présider le jury de notre soutenance.

A Monsieur MAHAMEDI Alla Eddine, Maître de conférences B, d'avoir accepté d'examiner notre travail.

On souhaite adresser nos remerciements à toutes les personnes qui ont participé à notre recherche, que ce soit en tant que participants, mentors ou experts. Leurs contributions précieuses ont enrichi notre travail et ont contribué à sa pertinence et sa qualité.

En dernier lieu, nous exprimons notre gratitude envers nos familles pour leur patience, leur assistance et leur soutien moral tout au long de l'accomplissement de cette tâche.

Dédicace

Tout d'abord, je tiens à remercier DIEU de m'avoir donné la force et le courage de mener à bien ce modeste travail.

Je dédie ce travail :

A mes chers parents, "ma merveilleuse maman" et "mon héros papa" les piliers de ma vie.

Votre amour, votre soutien inconditionnel et vos sacrifices ont été le moteur de ma réussite et ont fait de moi la personne que je suis aujourd'hui. Je vous suis profondément reconnaissant pour tout ce que vous avez fait et continuez de faire pour moi. Cette dédicace est un modeste témoignage de ma gratitude éternelle Je vous aime plus que les mots ne peuvent l'exprimer.

*A ma chère sœur, "Inssaf"
complice de mes joies et soutien dans les moments difficiles.*

*A mon binôme exceptionnel, "Dalia" et "Hakima"
mon partenaire de confiance dans les hauts et les bas.*

*A ma précieuse famille,
tant du côté maternel que paternel.
A mon neveu "Oubey" et à ma nièce "Alaa".*

*A mes chères amies,
celles qui occupent une place spéciale dans mon cœur : Soumia, Ikram, Amina,
Racha, Boutheina, Bassma, Ghania, Zineb, et à tous les membres d'Art home.*

*A mes Chers enseignants,
qui ont marqué mon parcours éducatif, depuis l'école primaire jusqu'à l'université.*

*A moi-même,
Je choisis de reconnaître et de célébrer mes propres réalisations, ma force intérieure et ma croissance personnelle. Je suis fière du chemin que j'ai parcouru, de la personne que je suis devenue, des obstacles que j'ai surmontés et des leçons que j'ai apprises.*

A vous les lecteurs.

Dédicace

Je voudrais exprimer ma gratitude à Dieu, le Tout-Puissant, pour tous les bienfaits qu'Il m'a conférés au cours de mon chemin académique et ma vie

Je dédie ce mémoire

A l'être la plus chère de ma vie ma mère et mon père qui est mon héros pour tous leur amour leur tendresse leurs sacrifices, leur soutien et leurs prières tout au long de mes études.

A mes sœurs Radia et Anissa, en gage de ma profonde estime pour l'aide que vous m'avez apportée, vous m'avez toujours soutenu, réconforté et encouragé. Puissent nos liens fraternels se consolider et se pérenniser encore plus.

A mes frères, Mourad, Younes et AbdelKader, mes neveux Mohamed et AbdelHadi,

ma belle-sœur, mon beau-frère et mes proches amies Dalia, Ikram, Racha et Souad

pour ses encouragements permanents, et ses soutien moral.

Et pour toute la famille METTAS et BOURHANE.

Sans oublier tous les professeurs dans mon parcours éducatif.

METTAS Hakima

Dédicace

Je souhaite exprimer ma reconnaissance envers dieu, le tout-puissant, pour toutes les bénédictions qu'il m'a accordés tout au long de ma vie.

A mes chers parents mon père et ma mère

C'est avec une grande émotion que je vous dédie ce mémoire, je tiens à vous exprimer ma gratitude pour avoir été à mes côtés tout au long de ce voyage académique. Votre soutien et amour inconditionnel, vos conseils avisés et votre encouragement constant ont été essentiels pour me permettre d'arriver jusqu'ici. Que ce modeste travail soit l'exaucement de vos vœux tant formulés, le fruit de vos innombrables sacrifices. Puisse dieu, le très haut, vous accorder santé, bonheur et longue vie.

A mon cher grand frère et sa famille

Je souhaite exprimer mon immense gratitude envers mon frère Fethi pour tous les moments inoubliables que nous avons partagés ensemble. Ainsi que son épouse Manel et ma petite nièce Louiza Lyne vous avez été des soutiens indéfectibles, des réconforts et des encouragements pour moi.

A toute ma famille

Je suis fière de partager ce travail avec vous, car il représente l'aboutissement de nombreuses années d'études, de recherche et de dévouement. Votre présence dans ma vie a été un cadeau inestimable et je suis bienheureuse de pouvoir partager ce moment avec vous. Je souhaite également exprimer ma reconnaissance particulière envers mes chers cousins et cousines Aridj, Balkis, Chiheb, Dina, Ghada, Ines, Lamis, Rania, Redouane, Souhila et Sifana. Vous êtes une part vitale de ma famille et de ma réussite, et je vous suis extrêmement reconnaissante.

A mes amies

Je suis incapable de trouver les termes adéquats pour exprimer de manière authentique mon attachement et mes pensées envers mes amies Asma, Amina, Chiraz, Hakima, Ikram, Racha, Soumia et Yasmine. Vous représentez pour moi des sœurs et des amies fiables, avec qui je peux compter. En signe de notre amitié et en souvenir de tous les moments inoubliables passés ensemble, je dédie ce travail à vous toutes et vous souhaite une existence emplie de santé et de bonheur.

Zaghlaoui Dalila Amina

ملخص

تم إجراء بحث لدراسة العلاقات التصنيفية بين أربعة عشر نوعاً من البكتيريا النموذجية التابعة لعائلة Actinobactéries والتي تنتمي إلى جنس *Saccharomonospora*. حيث استخدمت هذه الدراسة اثنتين من المناهج المختلفة: نهج كيمياء التصنيف المستند إلى معاملات *Dice* و *Ochiai* ونهج جزيئي يستند إلى تحليل الـ 16S ribosomal. وشملت الأنواع التي تمت دراستها *S. amisosensis*, *S. azurea*, *S. colocasiae*, *S. cyanea*, *S. glauca*, *S. halophila*, *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis*, *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica*, *S. marina*, *S. oceani*, *S. piscinae*, *S. saliphila*, *S. viridis*, *S. xiaoerkulensis*, *S. xinjiangensis*.

الهدف من هذه الدراسة هو مقارنة الأنواع باستخدام أساليب الكيمياء التصنيفية والبيولوجيا الجزيئية لتحديد الأنواع الأكثر قرباً و الأكثر بعداً من سلالة *Saccharomonospora piscinae* المرجعية بناءً على درجة تشابهها.

تم إجراء دراسة التصنيف الكيمائي باستخدام المؤشرين الإحصائيين *Dice* و *Ochiai*، حيث تم الحصول على البيانات المستخدمة لهذه الدراسة من الجدار الخلوي للنوع المدروس. فيما يخص الدراسة الجزيئية، فتعتمد على خوارزميات الحوسبة الحيوية التي تسمح بمحاذاة السلاسل النووية لتحديد التشابه بين الأنواع. أين حددت نتائج الدراسة أن النوع *S. ociani* هو الأقرب إلى *S. piscinae* تليه *S. xiaoerkulensis*، *S. halophila*، *S. marina*.... الخ. ومن ناحية أخرى، كشف استخدام تسلسلات 16S rDNA أن *S. azurea* و *S. xinjiangensis* هما الأنواع الأقرب إلى *S. piscinae*. وعلى النقيض، حددت الدراسة الأنواع الأكثر بعداً وهي *S. amisosensis* و *S. cyanea* لدراسة التصنيف الكيمائي و *S. halophila* و *S. viridis* للدراسة الجزيئية. و بالتالي، فإن النتائج التي تم الحصول عليها من هاتين الدراستين غير متطابقة.

الكلمات المفتاحية: *Saccharomonospora*، الكيمياء التصنيفية، الدراسة الجزيئية، معاملات *Dice* و *Ochiai*، التشابه، *Saccharomonospora piscinae*.

Résumé

Une recherche a été menée pour étudier les relations taxonomiques entre quatorze espèces d'actinobactéries appartenant au genre *Saccharomonospora*. Cette étude a utilisé deux approches différentes : une approche chimiotaxonomique qui reposait sur les coefficients de *Dice* et *Ochiai*, et une approche moléculaire qui se basait sur l'analyse de l'ARN ribosomal 16S. Les espèces étudiées comprenaient *S. amisosensis*, *S. azurea*, *S. colocasiae*, *S. cyanea*, *S. glauca*, *S. halophila*, *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis*, *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica*, *S. marina*, *S. oceani*, *S. piscinae*, *S. saliphila*, *S. viridis*, *S. xiaoerkulensis*, et *S. xinjiangensis*.

L'objectif de cette étude est de comparer les espèces du genre *Saccharomonospora* en utilisant des méthodes de chimiotaxonomie et de biologie moléculaire afin de déterminer celles qui sont les plus proches et les plus lointaines de l'espèce *Saccharomonospora piscinae* (choisis comme référence) en se basant sur leur degré de similarité.

L'analyse a été effectuée à l'aide des deux indices statistiques *Dice* et *Ochiai*, dont les données utilisées pour l'analyse chimiotaxonomique de la composition cellulaire de l'espèce ont été obtenues à partir d'une analyse chimique. Quant à l'étude moléculaire, elle s'appuie sur des algorithmes bioinformatiques qui permettent l'alignement des séquences nucléotidiques pour identifier les similitudes entre les espèces étudiées. Dont les résultats de l'étude, en utilisant les coefficients de *Dice* et *Ochiai*, ont permis de déterminer que *S. oceani* était l'espèce la plus proche de *S. piscinae*, suivie de *S. xiaoerkulensis*, *S. halophila*, *S. marina*, etc. D'autre part, l'utilisation des séquences d'ARNr 16S a révélé que *S. azurea* et *S. xinjiangensis* étaient les deux espèces les plus proches de *S. piscinae*. L'étude a également identifié les espèces les plus éloignées, à savoir *S. amisosensis*, *S. cyanea* (pour l'étude chimiotaxonomique) et *S. halophila* et *S. viridis* (pour l'étude moléculaire). Ainsi, il ressort de ces deux analyses que les résultats obtenus ne sont pas identiques.

Mots clés : *Saccharomonospora*, chimiotaxonomie, étude moléculaire, coefficients de *Dice* et *Ochiai*, similarité, *Saccharomonospora piscinae*.

Abstract

This study was conducted to investigate the taxonomic relationships between fourteen species of actinobacteria belonging to the genus *Saccharomonospora*. This study used two different approaches: a chemotaxonomic approach based on *Dice* and *Ochiai* coefficients, and a molecular approach based on the analysis of 16S ribosomal RNA. The species studied included *S. amisosensis*, *S. azurea*, *S. colocasiae*, *S. cyanea*, *S. glauca*, *S. halophila*, *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis*, *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica*, *S. marina*, *S. oceani*, *S. piscinae*, *S. saliphila*, *S. viridis*, *S. xiaoerkulensis*, and *S. xinjiangensis*.

The objective of this study is to compare species of the genus *Saccharomonospora* using chemotaxonomy and molecular biology methods in order to determine those closest and furthest to the *Saccharomonospora piscinae* (selected as reference species) based on their degree of similarity.

The analysis was performed using two statistical indices, *Dice* and *Ochiai*, with data for the chemical analysis of the species cellular composition obtained through a chemical analysis used for the chemotaxonomic study. As for the molecular study, it relies on bioinformatics algorithms that allow for the alignment of nucleotide sequences to identify similarities between species. Furthermore, the results of the study, using the *Dice* and *Ochiai* coefficients, revealed that *S. oceani* was the closest species to *S. piscinae*, followed by *S. xiaoerkulensis*, *S. halophila*, *S. marina*...etc. Additionally, the use of 16S rRNA sequences revealed that *S. azurea* and *S. xinjiangensis* were the two closest species to *S. piscinae*. The study has identified the furthest species, namely *S. amisosensis* and *S. cyanea* (for the chemotaxonomic study), and *S. halophila* and *S. viridis* (for the molecular study). Thus, these two analyses produced non-identical results.

Keywords: *Saccharomonospora*, chemotaxonomy, molecular study, Index of *Dice* and *Ochiai*, similarity, *Saccharomonospora piscinae*.

SOMMAIRE

Remerciements

ملخص

Résumé

Abstract

Liste des abréviations

Liste des tableaux

Liste des figures

Introduction

Table de matières

CHAPITRE I : Synthèse bibliographique	2
1.1 Les actinobacteries	2
1.1.1 Historique	2
1.1.2 Actinobacteria et caractéristiques	2
1.1.2.1 taxonomie	4
1.1.2.2 Taxonomie des actinomycètes	4
1.1.2.2. Taxonomie numérique	4
1.1.2.2.1 Critères morphologiques	4
1.1.2.2.1.1 Caractéristiques macromorphologiques	5
1.1.2.2.1.2 Caractéristiques micromorphologiques	6
1.1.2.2.1.2 Critères physiologiques	7
1.1.2.2.1.3 Critères biochimiques	8
1.1.2.2.1.3.1 Production d'enzymes	8
1.1.2.2.1.3.2 Réaction à l'oxydase	8
1.1.2.2.1.3.3 Utilisation de substrats	8
1.1.2.2.1.3.4 Production de pigments	9
1.1.2.2.1.3.5 Réaction à la catalase	9
1.1.2.2.1.4 Critères chimiotaxonomique (chimique)	9
1.1.2.2.1.4.1 Composition en sucre	9
1.1.2.2.1.4.2 Composition en aminoacides	10
1.1.2.2.1.4.3 Composition en lipides	11
1.1.2.2.1.4.3.1 Les composés membranaires	11
1.1.2.2.1.4.3.2 Les composés pariétaux	14
1.1.2.2.1.4.4 L'indice de <i>Sørensen-Dice</i> et l'indice d' <i>Otsuka-Ochiai</i>	14
1.1.2.2.1.5 Critères moléculaires (génotypiques)	155
1.1.2.2.1.5.1 Séquençage de l'ADN ribosomique 16S	15
1.1.2.2.1.5.2 Hybridation ADN-ADN	166
1.1.2.2.1.5.3 Pourcentage de guanine-cytosine (G+C)	16

1.2	Ecologie et distribution géographique.....	177
1.3	Cycle de vie et de développement des actinomycètes.....	18
1.4	Le genre <i>Saccharomonospora</i>	19
CHAPITRE II : Matériel et méthodes		21
2.1	Espèces étudiées	21
2.2	Analyse chimiotauxonomique.....	25
2.3	Mesure de distance	25
2.3.1	Coefficient de <i>Sørensen-Dice</i>	25
2.3.2	Coefficient de <i>Otsuka-Ochiai</i>	26
2.3.3	<i>PAST3 (PAleontologicalSTatistics3)</i>	27
2.4	Analyse moléculaire	29
2.4.1	<i>MEGA4 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis4)</i>	29
2.4.2	Alignements multiples et arbre phylogénétique.....	30
2.4.3	Calcul de similarité moléculaire.....	33
CHAPITRE III : Résultats et discussion		34
3.1	Analyse chimiotauxonomique.....	34
3.1.1	Glucides membranaires	34
3.1.2	Acides aminés	36
3.1.3	Phospholipides	38
3.1.4	Ménaquinones	41
3.1.5	Les acides gras	45
3.1.6	Résultats de l'étude de distance (calculé à la base de coefficient de <i>Dice et Ochiai</i>).....	56
3.2	Analyse moléculaire	61
Conclusion et perspectives.....		66
Références bibliographiques.....		68
Annexes		

Liste des abréviations

°C :	Degré Celsius
ADN :	Acide désoxyribose nucléique
ARNr :	Acide Ribonucléique Ribosomique
ATCC :	American Type Culture Collection
CAH :	Classification Ascendante Hiérarchique
CCM :	Chromatographie sur couche mince
CIPS :	Comité international de bactériologie systématique
DAB :	Acide 2,4-diaminobutyrique
DAP :	Acide 2,6-diaminopimélique
DDH :	Hybridation ADN-AND
FASTA :	FAST-All
HPLC :	Chromatographie en phase liquide à haute performance
ISP :	International <i>Streptomyces</i> Project Medium
LPSN :	List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature
MA :	Mycélium aérien
MEB :	Microscope optique ou électronique à balayage
MEGA4 :	<i>Molecular Evolutionary Genetics Analysis4</i>
MET :	Microscope électronique en transmission
MK :	Ménaquinone
MS :	Mycélium du substrat
NaCl :	Chlorure de sodium
P :	Phospholipides
PAST3 :	<i>PAleontological STatistics3</i>
Pb :	Paires de bases
PCR :	Réaction de polymérisation en chaîne
pt/vol :	Poids / Volume

Liste des tableaux

Tableau 1. La composition des spectres glucidiques et ces exemples actinomycetales (Kitouni, 2007).....	9
Tableau 2. Types parietaux en fonction des constituants majeurs des parois cellulaires (Lechevalier et Lechevalier, 1970).....	10
Tableau 3. Profils en phospholipides des actinomycètes (Lechevalier <i>et al.</i> , 1977).....	11
Tableau 4. Principaux types de ménaquinones retrouvées chez les actinobactéries (Kroppenstedt, 1985).....	13
Tableau 5. Profils des acides gras chez les actinobactéries (Kroppenstedt, 1985).	13
Tableau 6. Différentes teneurs en GC % qui sont rencontrées dans le groupe des actinomycètes (Bakdi <i>et al.</i> , 2016) ; (Ramírez-Durán <i>et al.</i> , 2021).	16
Tableau 7. Distribution de quelques genres des actinomycètes selon leur type d’habitat (Goodfollow et Williams, 1983).	17
Tableau 8. Fréquence des divers genres d’actinomycètes dans le sol d’après l’étude de 5000 échantillons issus de 16 sols différents (Lechevalier et Lechevalier, 1967) ; (Khandan et Janardhana 2013).....	18
Tableau 9. Glucides caractéristiques de la paroi cellulaire des espèces de <i>Saccharomonospora</i>	34
Tableau 10. Acides aminés caractéristiques de la paroi des espèces et deux sous espèces de <i>Saccharomonospora</i>	36
Tableau 11. Lipides polaires caractéristiques de la membrane des 14 espèces et deux sous espèces étudiées.....	38
Tableau 12. Lipides polaires caractéristiques de la membrane des 14 espèces et deux sous espèces étudiées (la suite).....	40
Tableau 13. Les ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire des espèces et deux sous espèces de <i>Saccharomonospora</i> (présence/absence).....	41
Tableau 14. Les ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire des espèces et deux sous espèces de <i>Saccharomonospora</i> (présence/absence) (la suite).	43
Tableau 15. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées. ..	45
Tableau 16. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).	47
Tableau 17. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).	48
Tableau 18. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).	50
Tableau 19. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).	51
Tableau 20. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).	52
Tableau 21. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).	54
Tableau 22. Pourcentages de similarité obtenus par l’indice de <i>Dice</i>	56
Tableau 23. Pourcentages de similarité obtenus par l’indice d’ <i>Ochiai</i>	57
Tableau 24. Le degré de similarité entre <i>Saccharomonospora piscinae</i> et les autres espèces du genre <i>Saccharomonospora</i> (Yoon <i>et al.</i> , 2017).	63
Tableau 25. Comparaison de similarité entre l’étude chimiotaxonomique et l’étude phylogénétique.	64

Liste des figures

Figure 1. Le système de classification phylogénétique pour les actinobactéries (ordre des Actinomycetales) (Lawson, 2018).	3
Figure 2. Morphologies rencontrées au cours de cultures liquides (Amanullah <i>et al.</i> , 2000)..	5
Figure 3. Isolat d'une actinobactérie sur milieu agar de xylose (a), caséine (b) et amidon (c) (Stephane <i>et al.</i> , 2009).....	5
Figure 4. Représentation schématique et clichés de microscopie électronique à balayage montrant différents sporanges d'actinomycètes (Belyagoubi, 2013).....	6
Figure 5. Diversité des types de surface des spores chez le genre <i>Streptomyces</i> (Lyons et Pridham, 1971; Dietz et Mathews, 1971).....	7
Figure 6. A) Structure du peptidoglycane. B) Structure et composition chimique des unités disaccharidiques du peptidoglycane (Nadege, 2006).....	11
Figure 7. Structure générale des ménaquinones (Rodriguez-Concepción et Boronat, 2013).	12
Figure 8. la structure chimique d'acides mycoliques (Asselineau, 1950).....	14
Figure 9. Cycle de développement du genre <i>Streptomyces</i> sur milieu solide (Barka <i>et al.</i> , 2016).....	19
Figure 10. Logiciel <i>PAST3</i> (<i>PA</i> leontological <i>ST</i> atistics3).....	27
Figure 11. Etapes pour construire un dendrogramme selon coefficients <i>Dice</i> et <i>Ochiai</i> . Démarrer le logiciel <i>PAST3</i> , b) Sélectionner <i>Row attributes</i> et <i>Column attributes</i> , c) Copier d'excel puis coller les noms des espèces et la matrice dans le logiciel, d) Sélectionner toute la matrice, e) Cliquer sur <i>Multivariate</i> et sélectionner <i>Clustering</i> puis choisissez <i>Classical</i>	28
Figure 12. Logiciel <i>MEGA4</i>	29
Figure 13. Logos de base de données Ipsn (liste des noms procaryotes ayant un statut dans la nomenclature).....	30
Figure 14. les séquences nucléotidiques avant l'alignement.	30
Figure 15. L'étape de sélection d'algorithme de <i>ClustalW</i>	31
Figure 16. Après la sélection des paramètres de pénalité d'ouverture d'écart et la pénalité d'extension d'écart cliquer sur Ok.	31
Figure 17. Séquences en cours d'alignement.	31
Figure 18. Les séquences nucléotidiques après l'alignement.	31
Figure 19. Etape de sélection de type d'arbre phylogénétique.	32
Figure 20. Etape de sélection de modèle de construction.	32
Figure 21. Résultat schématisé de l'identification de <i>Saccharomonospora</i>	33
Figure 22. Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de <i>Saccharomonospora</i> (à la base d'indice d' <i>Dice</i>) en fonction des caractères chimiotaxonomiques (présent/absent).	59
Figure 23. Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de <i>Saccharomonospora</i> (à la base d'indice d' <i>Ochiai</i>) en fonction des caractères chimiotaxonomiques (présent/absent).....	60
Figure 24. Séquences nucléotidiques d'ARNr 16S de 14 espèces et deux sous-espèces de <i>Saccharomonospora</i> avec le groupe extérieur <i>Actinopolyspora algeriensis</i> avant l'alignement.....	61
Figure 25. Séquences nucléotidiques d'ARNr 16S de 14 espèces et deux sous-espèces de <i>Saccharomonospora</i> avec le groupe extérieur <i>Actinopolyspora algeriensis</i> après l'alignement.....	61
Figure 26. Dendrogramme de type <i>Maximum-Parsimony</i> représentant les distances évolutives entre les espèces par l'utilisation de <i>MEGA4</i>	62



Introduction

Introduction

Les actinomycètes sont des bactéries à Gram positif, saprophytes, ubiquitaires avec un coefficient de (G+C) élevé (Goodfellow et O'Donnell, 1989). Même s'ils sont des microorganismes procaryotiques, leur morphologie ressemble à celles des champignons dans les milieux de culture avec un mycélium non cloisonné et mince où les colonies ont une texture poudreuse et se fixent solidement à la surface de la gélose (Osada, 1998). Elles produisent des structures filamenteuses, telles que des hyphes, ainsi que des structures de reproduction comme des conidies ou des sporanges (Anandan *et al.*, 2016). La majorité des actinomycètes sont terrestres et certaines sont marines (Mincer *et al.*, 2002). Ces bactéries peuvent également être trouvées dans des habitats extrêmes, tels que les sols désertiques hyperarides (Okoro *et al.*, 2009) et les sédiments des grands fonds marins (Pathom-aree *et al.*, 2006).

Les actinomycètes ont un potentiel de production de différents métabolites secondaires tels que les antibiotiques; et 60% des antibiotiques d'origine microbienne sont fabriqués par les actinomycètes, il existe plus de 60 substances antibactériennes dérivées de différentes espèces de *Streptomyces*, qui sont utilisées dans divers secteurs tels que la médecine vétérinaire et humaine, l'agriculture et l'industrie (Boughachiche, 2012). *Saccharomonospora* est l'un des genres des actinomycètes, où il a été choisi pour l'objectif de comparer chimiotaxonomiquement (en utilisant l'indice de *Dice* et l'indice d'*Ochiai*) et moléculairement (en utilisant les séquences d'ARNr 16S) 14 espèces et deux sous-espèces de ce genre, ainsi qu'un groupe extérieur "*Actinopolyspora algeriensis*", et de montrer leur similitude en utilisant des dendrogrammes pour les positionner en fonction de leur distance par rapport à l'espèce *S. piscinae*, sélectionnée comme espèce de référence. Le but de cette comparaison était de déterminer si l'étude taxonomique relativement simple pouvait en partie remplacer l'étude moléculaire généralement plus complexe pour déterminer les espèces les plus proches et les plus lointaines d'une espèce de référence spécifique.



*Synthèse
bibliographique*

Chapitre I : Synthèse bibliographique

1.1 Les actinobactéries

1.1.1 Historique

L'histoire des Actinomycètes peut être inventoriée en cinq périodes. La première période (1874-1890), est celle de la découverte de leur rôle pathologique. Cohn (1875), était la première personne à découvrir ce genre et l'a nommé *Streptothrix foersteri*. Ce nom a été annoncé comme invalide, c'est parce que était-il désigné a un vrai champignon et adonc pour des origines de priorité dans la classification. En 1877, Bollinger a appliqué pour la première fois le terme actinomycète qui revient à l'agent causal de la mâchoire grumeleuse chez les bovins et provoque parfois des infections à actinomycose chez l'homme, l'espèce *Actinomyces bovis* (Baldacci, 1962).

La deuxième période (1900-1940), (Mariat et Sebald, 1990) distingué par la mise en évidence et à l'étude des actinomycètes du sol, par les travaux de Rossi-Doria (1890-1891), Gasparini, Krainsky, Waksman (1919), Lieske (1921), Orskov, Jensen (1931-1933) et Krassinikov. Elle inclue la découverte des conditions d'habitat saprophytes de ces microorganismes, aussi des essais primaires pour distinguer les deux groupes (les saprophytes et les pathogènes).

L'époque suivante c'est la trouvaille des antibiotiques par Waksman qui décrit deux différents antibiotiques : actinomycine à partir de *Streptomyces antibioticus* en 1940 et streptomycine chez *Streptomyces griseus* en 1944.

La période qu'il la suit est d'avancement de critères morphologiques et biochimiques pour la classification de ces bactéries (1940-1970). Enfin, depuis les années 1960, l'essor des méthodes de génétique, initiées par Hopwood (Chater, 1999 ; Hopwood, 1973); puis de génomique (Hopwood, 2003); a révolutionné la classification des espèces (Ventura, 2007); puis les méthodes de découverte de métabolites secondaires (Donadio, 2002), et approfondissement de la capacité biotechnologique des actinomycètes. (Belyagoubi, 2014).

1.1.2 Actinobacteria et caractéristiques

Les actinobactéries constituent un groupe diversifié de bactéries cliniques, industrielles et écologiquement importantes, connues pour leur capacité à provoquer des maladies ainsi que pour leur potentiel à produire des métabolites secondaire (Ninfa *et al.*, 2021).

Selon le Bergey's manual (2007) renferme une seule classe : *Actinobacteria*, cette dernière est subdivisée en 5 sous classe, 6 ordres, 13 sous ordre (dont 9 appartiennent à l'ordre des Actinomycétales), 41 familles, 193 genres et près de 1711 espèces. Sont des procaryotes à Gram positif, sont caractérisées par une très grande diversité morphologique, pouvant aller de la forme coccoïde à la forme mycélienne parfaite, septées et ramifiées (Goodfellow, 2012).

Les spores peuvent être isolées ou en chainettes mobiles ou non, leur coefficient de chargaff (GC%) compris entre 60-70% (Larpent, 1989). La plupart sont immobiles (Boudemagh, 2007), et sont ubiquitaires. La plupart des espèces sont des chimioorganotrophes, et peuvent être halophiles, thermophiles, fixatrices d'azote, alcalophiles, psychrophiles ou acidophiles (Goodfellow *et al.*, 2012 ; Grini *et al.*, 2022). Ils sont capables de synthétiser des métabolites secondaires tels que des antibiotiques, des antifongiques, des pigments, des inhibiteurs et des enzymes utiles en biotechnologie qui sont largement utilisés dans divers domaines, tels que la médecine, la pharmacie, la microbiologie industrielle et la biotechnologie, et autres (Ninfa *et al.*, 2021). Les maladies végétales comme la pourriture de la patate douce et les maladies humaines comme la tuberculose, la paratuberculose, les mycétomes, l'actinomycose, les pneumonies allergiques et divers types d'abcès sont causées par certaines espèces d'actinomycètes.

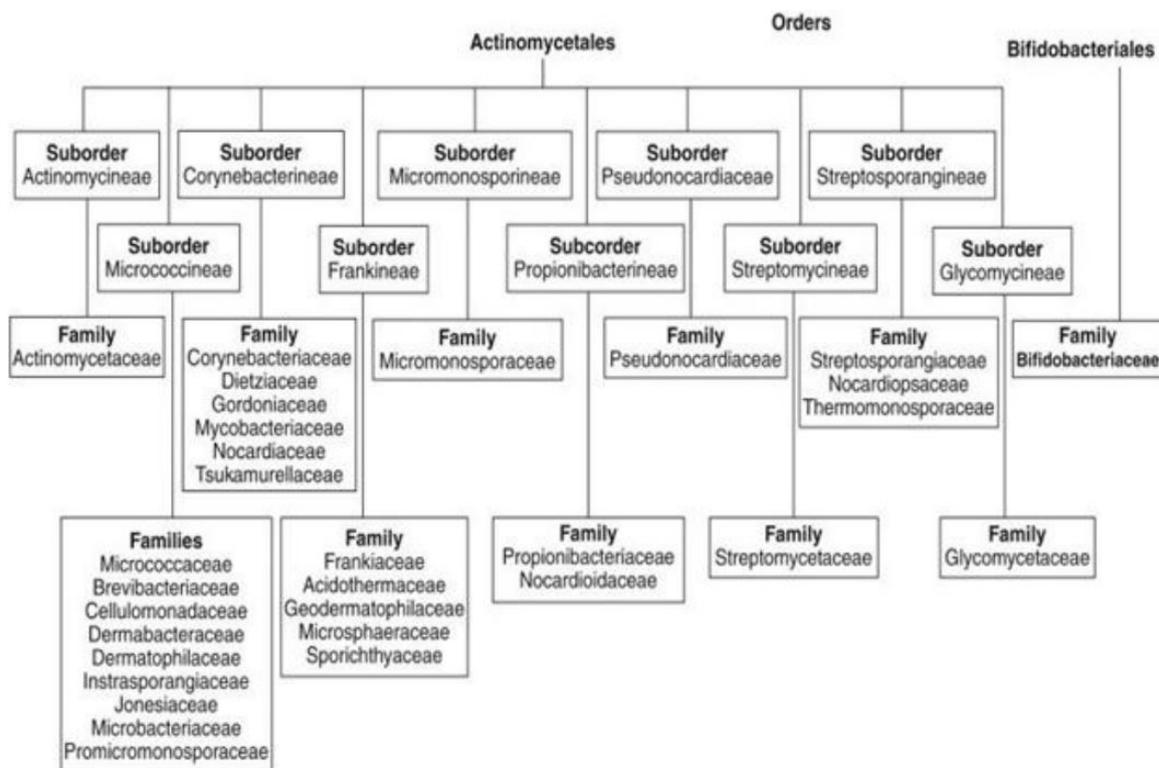


Figure 1. Le système de classification phylogénétique pour les *Actinobacteria* (ordre des Actinomycétales) (Lawson, 2018).

1.1.2.1 Systématique

L'un des genres des actinomycètes est « *Saccharomonospora* » qui comprend 19 espèces dont 14 parmi eux sont validées. On peut établir ce classement en prenant l'exemple suivant :

Domaine : *Bacteria* (Bactéries)
Phylum : *Actinomycetota* (Actinobactéries)
Classe : *Actinobacteria*
Sous-classe : *Actinobacteridae*
Ordre : *Pseudonocardiales*
Famille : *Pseudonocardiaceae*
Genre : *Saccharomonospora*
Espèce : *Saccharomonospora piscinea* (Tseng *et al.*, 2018).

1.1.2.2 Taxonomie des actinomycètes

La systématique bactérienne a subi de nombreuses transformations depuis les trente dernières années du fait de l'avancée de nouvelles techniques biochimiques, chimiques, génétiques, numériques et moléculaires (Abbas, 2006). La classification des actinomycètes est fondée sur un groupe de caractères : morphologiques, physiologiques, chimiotaxonomiques et moléculaires (Grini *et al.*, 2022).

1.1.2.2.1 Taxonomie numérique

La taxonomie numérique (parfois appelée taxonométrie) s'est développée à la fin des années 1950, en raison de la lourdeur des calculs de routine et dans le cadre des analyses multivariées et parallèlement au développement des ordinateurs, dont son intérêt était de concevoir un ensemble cohérent de méthodes pour la classification des organismes (Bergey *et al.*, 1984).

Son principe consiste à traiter avec un logiciel adapté les résultats de dizaines de tests physiologiques et biochimiques, chacun ayant un poids de classification égal. Le logiciel a permis d'obtenir des dendrogrammes montrant le pourcentage de similarité entre les espèces dont certaines avaient précisé leur statut taxonomique (Goodfellow, 1971 ; Athalye *et al.*, 1985 ; Goodfellow *et al.*, 1990 ; Grund et Kroppenstedt, 1990).

1.1.2.2.1.1 Critères morphologiques

Les critères morphologiques font appel aux caractéristiques culturelles et micromorphologiques (Abbes et Bouteraa, 2017). Les critères morphologiques sont énoncés dans les « Bergey's Manual » de 1989 et 1994 (Boudjella, 2007).

1.1.2.2.1.1 Caractéristiques macromorphologiques

D'après Sabaou (2006) et Boudjella (2007), les caractères culturels contribuent parfois dans la différenciation des genres d'actinomycètes entre eux. Parmi les caractères culturels importants :

- La production d'un mycélium aérien (MA) (cas de nombreux genres) ou non (Exemple : *Actinoplanes*, *Micromonospora* et *Rhodococcus*).
- La présence ou non de mycélium du substrat (MS) (Figure 2).
- La couleur du MA et du MS.
- La couleur exacte peut être définie à l'aide d'une charte de couleur.
- La production et la couleur des pigments diffusibles dans le milieu de culture.

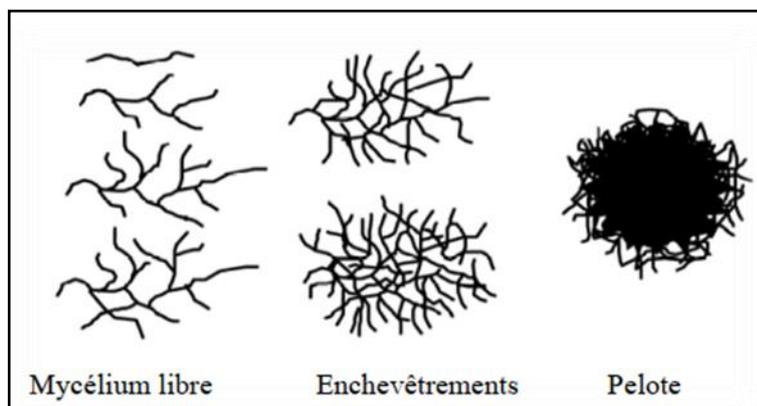


Figure 2. Morphologies rencontrées au cours de cultures liquides (Amanullah *et al.*, 2000).

La figure 3 représente des cultures des actinobactéries sur différents milieu solide pour mettre en évidence la production de biomolécules d'intérêt (Stéphane *et al.*, 2009).

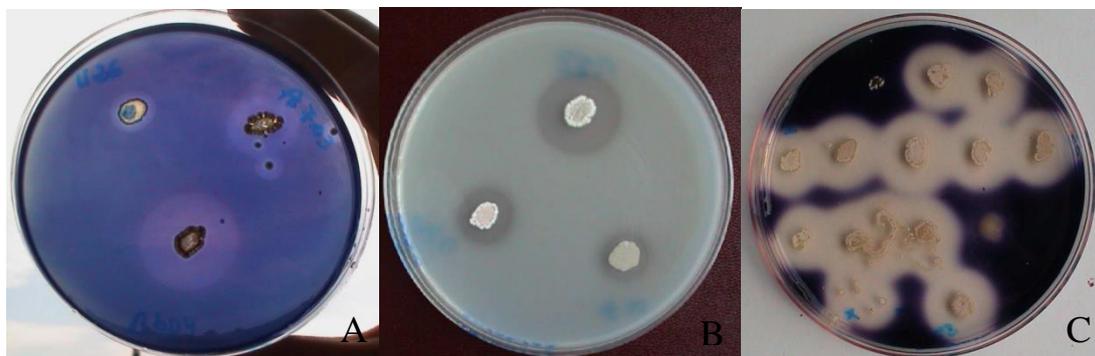


Figure 3. Isolat d'une actinobactérie sur milieu agar de xylose (A), caséine (B) et amidon (C) (Stéphane *et al.*, 2009).

1.1.2.2.1.2 Caractéristiques micromorphologiques

La micromorphologie des actinobactéries est réalisée par observation au microscope optique ou électronique à balayage (MEB) (Figure 4), en transmission (MET) des colonies poussant sur milieux gélosés (Saker, 2015).

- La fragmentation ou non du MS.
- Formation des spores exogènes sur MA ou MS : la forme, la taille et la disposition de ces spores (isolées, par deux ou en chaînes).
- Absence ou présence des sporophores.
- La surface des spores : lisse, rugueuse, chevelue ou épineuse (par MEB) (Figure 5).
- Présence de vésicules sporanges ou non sur le MA ou le MS.
- La présence des spores mobiles ou immobiles.
- Formation d'endospores ou bien de structure particulière : synnemata, sclérotés, sporanges sur le MA (Boudjelal, 2012 ; Harir, 2018).

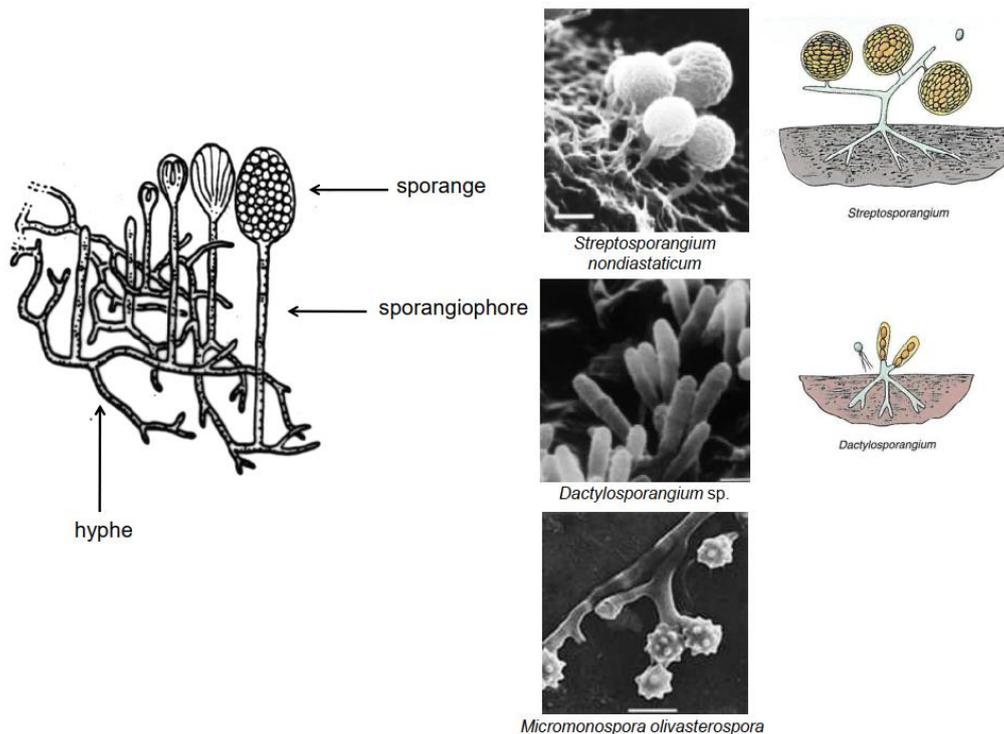


Figure 4. Représentation schématique et clichés de microscopie électronique à balayage montrant différents sporanges d'actinomycètes (Belyagoubi, 2013).

Dans la figure 5 une variété des caractéristiques de surface des spores observées chez les espèces du genre *Streptomyces*.

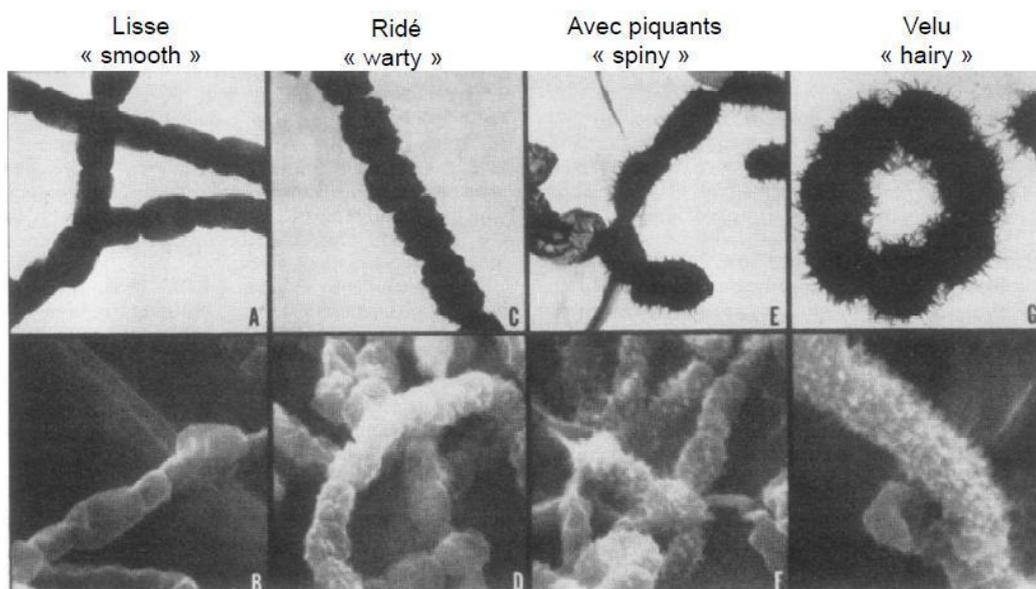


Figure 5. Diversité des types de surface des spores chez le genre *Streptomyces* A, B (lisse), C, D (Ridé), E, F (Avec piquants), G, H (Velu) (Lyons et Pridham, 1971 ; Dietz et Mathews, 1971).

1.1.2.2.1.2 Critères physiologiques

Les actinomycètes des habitats alpins extrêmes ont fait l'objet d'une grande attention en raison de leurs activités et fonctions physiologiques uniques (Aiai *et al.*, 2020); ces microorganismes sont généralement aérobies à métabolisme oxydatif, et plus rarement anaérobies à métabolisme fermentatif (Chelli, 2010).

Certaines ont des exigences nutritionnelles telles que les vitamines et certains acides aminés (Medouakh et Bensoltane, 2010). Ils colonisent fréquemment les substrats insolubles tels que le charbon par pénétration mécanique de la matrice (Silini, 2012). Ils participent à la dégradation de la matière organique et donc au recyclage des polymères complexes par la production des enzymes extracellulaires qui sont d'une importance capitale dans l'industrie.

On peut citer parmi ces enzymes, les ligninases, les cellulases, les pectinases, les chitinases, les xylanases, les dextrinases, les amylases, les protéases et les lipases. Ils produisent aussi des métabolites secondaires, tels que les vitamines, les antibiotiques et les antifongiques (Chelli, 2010).

Les actinomycètes ont une préférence pour pH neutre ou légèrement basique (entre 5 et 9 pour leur croissance optimale) (Williams et Wellington, 1982 ; Goodfellow et Williams, 1983). Cependant, il convient de noter que cette préférence peut varier selon les espèces, et certains peuvent tolérer des pH plus acides ou plus alcalins.

En ce qui concerne leur température de croissance, la plupart sont mésophiles, ce qui signifie qu'ils se développent mieux à des températures modérées, généralement entre 20°C et 45°C. Cependant, certains sont thermophiles et peuvent tolérer des températures plus élevées avoisinant 50°C et même jusqu'à 60°C.

D'autres tests interviennent parfois dans la détermination des espèces, comme la résistance à certains agents antimicrobiens et la tolérance à des conditions extrêmes (température, pH, salinité, etc.) (Ibrahimi, 2020). Il a été démontré que les actinomycètes dans les environnements extrêmes sont capables de produire des composés bioactifs antagonistes (Shivlata et Satyanarayana, 2015; Sivalingam *et al.*, 2019).

1.1.2.2.1.3 Critères biochimiques

Les actinomycètes sont un groupe souvent associées à la décomposition de la matière organique dans le sol. Voici quelques critères biochimiques utilisés pour caractériser les actinomycètes.

1.1.2.2.1.3.1 Production d'enzymes

Les actinomycètes produisent souvent des enzymes hydrolytiques telles que les amylases, les protéases et les cellulases qui dégradent les polysaccharides, les protéines et les glucides. La production de ces enzymes peut être testée par des méthodes colorimétriques ou par électrophorèse.

1.1.2.2.1.3.2 Réaction à l'oxydase

Les actinomycètes sont souvent oxydase positives, ce qui signifie qu'elles produisent une enzyme appelée cytochrome c oxydase qui catalyse la réaction de transfert d'électrons de l'oxygène à l'eau.

1.1.2.2.1.3.3 Utilisation de substrats

Les actinomycètes ont une capacité limitée à utiliser des substrats spécifiques tels que le mannitol, le raffinose, le xylose, etc. Les tests de fermentation sont utilisés pour évaluer leur capacité à utiliser ces substrats.

1.1.2.2.1.3.4 Production de pigments

Certains actinomycètes produisent des pigments qui peuvent être utilisés pour les distinguer les uns des autres. Par exemple, *Streptomyces coelicolor* produit un pigment bleu, tandis que *Streptomyces griseus* produit un pigment gris.

1.1.2.2.1.3.5 Réaction à la catalase

La plupart des actinomycètes sont catalase positives, ce qui signifie qu'ils produisent une enzyme appelée catalase qui décompose le peroxyde d'hydrogène en eau et en oxygène. Ces critères biochimiques sont souvent utilisés en combinaison avec d'autres caractéristiques morphologiques et physiologiques pour identifier et caractériser les actinomycètes.

1.1.2.2.1.4 Critères chimiotauxonomique (chimique)

La chimiotauxonomie est une discipline qui utilise la paroi cellulaire dont elle est composée de peptidoglycane, de polysaccharides (glucides), des acides aminés et des lipides complexes pour leur classification taxonomique. La composition de ces éléments délimite les genres d'actinomycètes et varie selon les espèces et les genres. Cette approche est particulièrement utile pour les genres qui présentent des similitudes morphologiques ou génétiques, mais qui ont des différences significatives dans leur composition chimique.

1.1.2.2.1.4.1 Composition en sucre

Les glucides de la paroi ou de l'hydrolysate cellulaire permettent une séparation en quatre groupes majeurs (Lechevalier, 1968). Ces groupes sont montrés dans le tableau 1.

Tableau 1. La composition des spectres glucidiques et ces exemples Actinomycétales (Kitouni, 2007).

Spectres glucidiques	Glucides	Exemple du genre
Spectre A	arabinose, galactose	<i>Nocardia</i> , <i>Saccharopolyspora</i> , <i>Saccharomonospora</i>
Spectre B	Madurose (3-O-méthyl-D-galactose)	<i>Actinomadura</i> , <i>Streptosporangium</i>
Spectre C	Aucun	<i>Thermomonospora</i> <i>Thermoactinomyces</i>
Spectre D	xylose, arabinose	<i>Actinoplana</i> , <i>Micromonospora</i>

1.1.2.2.1.4.2 Composition en Aminoacides

La muréine, ou peptidoglycane, est un composant majeur de la paroi des bactéries à Gram positif, dont les actinomycètes. L'analyse des acides aminés qui la constituent est utilisée pour déterminer des chimiotypes. Deux acides aminés sont taxonomiquement très importants, l'acide diaminopimélique (DAP), qui peut être sous deux formes, LL ou DL (*méso*) selon les genres et la glycine qui peut être présente ou absente. Cette dernière forme des liaisons "ponts" entre les sous-unités peptidique de la muréine (Becker *et al.*, 1964, 1965 ; Yamaguchi, 1965 ; Labeda *et al.*, 1984). Chez certains actinomycètes génétiquement proches des bactéries non mycéliennes, le DAP est remplacé par la lysine ou bien par l'ornithine ou encore l'acide diaminobutyrique (Belhout, 2013).

Une méthode d'analyse des diaminoacides du peptidoglycane provenant de cellules entières a été décrite par Staneck et Roberts (1974), Lechevalier, Hasegawa *et al.*, 1983, Bousfield *et al.*, 1985 et Busse *et al.*, 1996. Cette méthode est rapide, simple, peu coûteuse et ne nécessite qu'une petite quantité de biomasse. La procédure pour la détermination rapide des diaminoacides présents dans les cellules (Hasegawa *et al.*, 1983).

Avec le système de solvant de la chromatographie en couche mince (Staneck et Roberts, 1974); convient parfaitement à la séparation des diaminoacides (Tableau 2). Cependant, pour l'analyse des acides aminés dans les chaînes peptidiques ou les ponts interpeptidiques du peptidoglycane, l'extraction de la paroi cellulaire est nécessaire. L'extraction détaillée de la paroi cellulaire a été décrite par Schleifer (1985) et Hancock (1994).

La combinaison entre la composition en acides aminés et le spectre glucidique permet la distinction de 8 types de paroi (Zerizer, 2014), les informations suivantes sont démontrées dans le tableau 2.

Tableau 2. Types pariétaux en fonction des constituants majeurs des parois cellulaires (Lechevalier et Lechevalier, 1970).

Type pariétal	Constituants majeurs	Exemple de genre
I	LL-DAP	<i>Streptomyces</i>
II	Méso ou hydroxy-DAP, Glycine, Xylose + Arabinose	<i>Micromonospora</i>
III	Méso-DAP, Madurose ou aucun sucre	<i>Actinomadura</i>
IV	Méso-DAP, Arabinose + Galactose	<i>Nocardia</i> , <i>Saccharomonospora</i>
V	Lysine, Ornithine	<i>Actinomyces israelii</i>
VI	Lysine	<i>Oerskovia</i>

Tableau 3. (Suite). Types pariétaux en fonction des constituants majeurs des parois cellulaires (Lechevalier et Lechevalier, 1970).

Type pariétal	Constituants majeurs	Exemple de genre
VII	DAB, Glycine	<i>Agromyces</i>
VIII	Ornithine	<i>Cellulomonas</i>

DAP : Acide 2,6-diaminopimélique. DAB : Acide 2,4-diaminobutyrique.

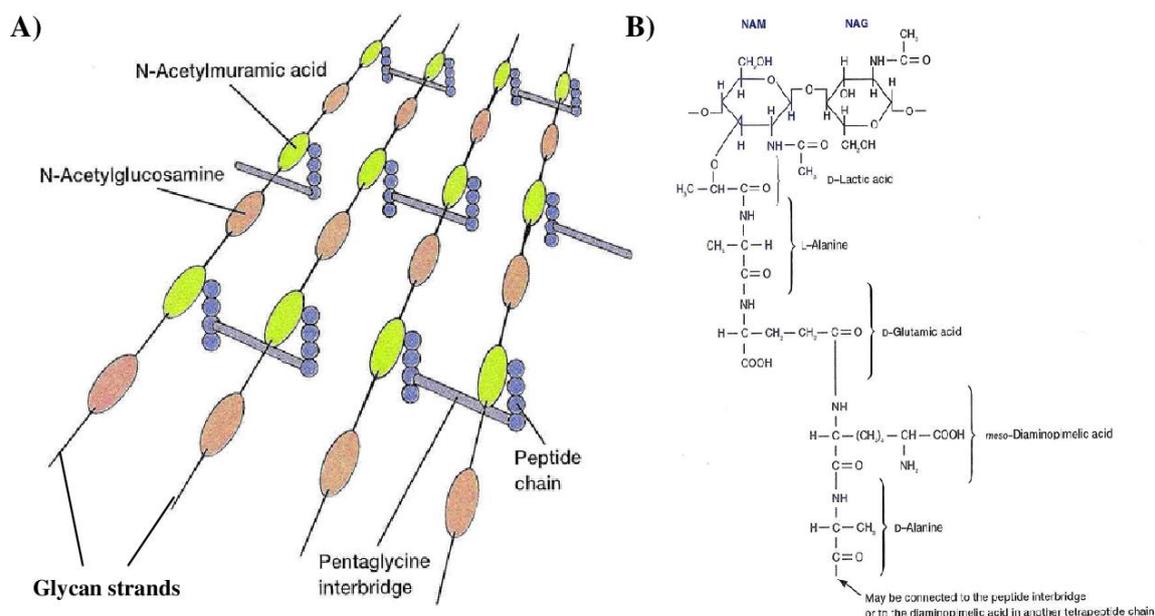


Figure 6. A) Structure du peptidoglycane. B) Structure et composition chimique des unités disaccharidiques du peptidoglycane (Nadège, 2006).

1.1.2.2.1.4.3 Composition en lipides

La composition lipidique chez les actinomycètes est divisée en membranaires (phospholipides, ménaquinones et acides gras) et pariétaux (acides mycoliques) dont ils élaborent un facteur important dans leur taxonomie (Boukahili et Chachoua, 2020).

1.1.2.2.1.4.3.1 Les composés membranaires

✚ les phospholipides (lipides polaires)

Sont les plus courants chez les actinomycètes, leur analyse aide à la détermination du genre (Zerizer, 2014). Lechevalier *et al.* (1977) ont distingué cinq chimiotypes notés de PI à PV dans le tableau 3.

Tableau 4. Profils en phospholipides des actinomycètes (Lechevalier *et al.*, 1977).

Type de phospholipides	PIM	PI	PC	PG	PE	PME	GluNU	APG	DPG
I	+	+	-	V	-	-	-	V	V

Tableau 5. (Suite). Profils en phospholipides des actinomycètes (Lechevalier *et al.*, 1977).

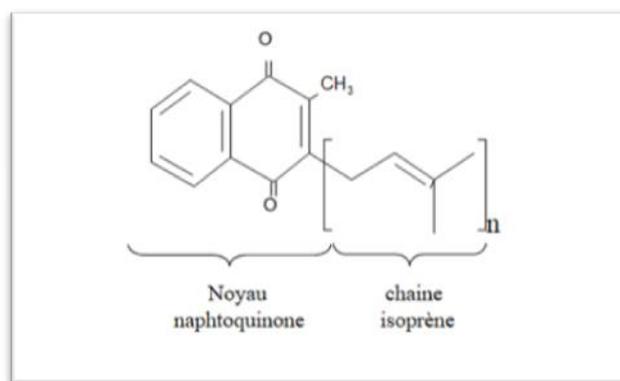
Type de phospholipides	PIM	PI	PC	PG	PE	PME	GluNU	APG	DPG
II	+	+	-	V	+	-	-	V	+
III	V	+	+	V	V	+	-	V	V
IV	?	+	-	-	V	V	+	-	+
V	?	+	-	-	?	-	+	V	+

PIM: phosphatidyl inositol mannosides, **PI:** phosphatidyl inositol, **PC:** phosphatidyl choline, **PG:** phosphatidylglycérine, **PE:** phosphatidyl éthanolamine, **PME:** phosphatidyl méthyléthanolamine, **GluNU:** phospholipides contenant glucosamine non connus, **APG:** acyl phosphatidyl glycérol, **DPG:** phosphatidyl glycérol, + : présence, - : absence, **V** : variable, ? : Inconnu.

✚ les ménaquinones

Les actinomycètes produisent plusieurs types de ménaquinones, qui sont généralement désignées par des nombres qui indiquent la longueur de leur chaîne isoprénoïde, allant de MK-6 à MK-11 (Figure 7).

Les ménaquinones jouent un rôle important dans la respiration bactérienne, en transportant des électrons entre les différentes enzymes de la chaîne respiratoire. Les actinomycètes peuvent également utiliser les ménaquinones comme source de précurseurs pour la biosynthèse de métabolites spécialisés, tels que les antibiotiques et les pigments. Les ménaquinones sont donc des molécules clés pour la croissance et le métabolisme des actinomycètes.

**Figure 7.** Structure générale des ménaquinones (Rodriguez-Concepción et Boronat, 2013).

Les ménaquinones spécifiques à la composition cellulaire des genres actinobactéries sont répertoriées dans le tableau 4.

Tableau 6. Principaux types de ménaquinones retrouvées chez les actinobactéries (Kroppenstedt, 1985).

Types	Description	Principaux ménaquinones	Genres Représentatifs
1a	Absence d'unités isoprènes hydrogénées	MK-7	<i>Brachybacterium</i>
1b		MK-8	<i>Gordona</i>
2a	Présence d'un seul type de ménaquinones, souvent dihydrogénées ou tétrahydrogénées avec 8 ou 9 unités d'isoprènes	MK-8(H ₂)	<i>Rhodococcus</i>
2b		MK-8(H ₄)	<i>Nocardia</i>
2c		MK-9(H ₂)	<i>Mycobacterium</i>
2d		MK-8(H ₄)	<i>Geodermatophilus</i>
3a		Présence de ménaquinones tétrahydrogénées	MK-8(H ₄) MK-9(H ₄)
3b	MK-9(H ₄) MK-10(H ₄)		<i>Actinoplanes</i>
4a	Présence de ménaquinones ayant la même longueur mais avec des degrés de saturation différents	MK-9(H ₂) MK-9(H ₄) MK-9(H ₆)	<i>Microtetraspora</i>
4b		MK-9(H ₄) MK-9(H ₆) MK-9(H ₈)	<i>Streptomyces</i>
4c		MK-10(H ₄) MK-10(H ₆)	<i>Nocardiopsis</i>

✚ Les acides gras

La composition en acides gras des membranes plasmiques a également contribué dans la séparation entre certains genres (Minnikin *et al.*, 1975).

Les acides gras produits par les actinomycètes peuvent varier considérablement en termes de longueur de chaîne, de degré de saturation et de fonctionnalités chimiques (Tableau 5).

Tableau 7. Profils des acides gras chez les actinobactéries (Kroppenstedt, 1985).

Type de profil	Acides gras à chaînes ramifiées							Cyclo propane
	Saturé	Insaturé	iso-14/16/18	iso-15/17	antéiso-15/17	10-Méthyl		
						17	18	
1a	+++	+++	-	-	-	-	-	-
1b	+++	+++	-	-	-	-	+	-
1c	+++	+++	-	-	-	-	-	++
2a	++	+	+++	+	(+)	-	-	-
2b	(+)	+	++	+++	+	-	-	-
2c	+	(v)	+++	+	+++	-	-	-

Tableau 8. (Suite). Profils des acides gras chez les actinobactéries (Kroppenstedt, 1985).

Type de profil	Acides gras à chaînes ramifiées							Cyclo propane
	Saturé	Insaturé	iso-14/16/18	iso-15/17	antéiso-15/17	10-Méthyl		
						17	18	
2d	+	+	+++	+++	+++	-	-	-
3a	+++	++	+++	(+)	(+)	(+)	+++	-
3b	+	+	+++	+++	++	++	(+)	-
3c	+	+	++	+	+	+++	(+)	-
3d	+	+	+++	++	+++	(+)	+++	-

Note: +++: très présent; ++: moyennement présent; +: faiblement présent; (+): présent avec un taux inférieur à 5%; - : absent; (v) : variable.

1.1.2.2.1.4.3.2 Les composés pariétaux

✚ Les acides mycoliques

Ce sont des composés de paroi constitués de 20 à 90 carbones et ne se trouvent que dans certains genres tels que *Mycobacteria* (80 carbones), *Nocardia* (50C) et *Corynebacteria* (30C) (chimotype IVA) (Figure 8). Par conséquent, ils peuvent être utilisés pour distinguer certains genres de cette classe, entre eux, par leur présence ou leur absence (Boucheffa, 2011).

La détection des différences structurales de ces acides mycoliques implique l'utilisation de techniques telles que la spectrométrie de masse (Etkmadi, 1967) et la chromatographie en phase gazeuse et pyrolyse (Lechevalier *et al.*, 1971), CCM et HPLC (Chromatographie en phase liquide à haute performance).

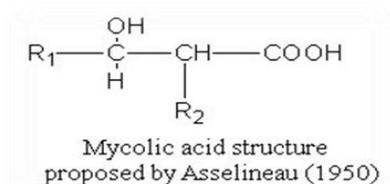


Figure 8. la structure chimique d'acides mycoliques (Asselineau, 1950).

1.1.2.2.1.4.4 L'indice de *Sørensen-Dice* et l'indice d'*Otsuka-Ochiai*

Les indices de *Dice* et d'*Ochiai*, également connu sous plusieurs noms tels que le coefficient de *Sørensen* et le coefficient d'*Otsuka* respectivement, sont des outils statistiques utilisés pour évaluer la similitude ou la dissimilitude entre deux ensembles de données. Ces paramètres sont couramment employés dans divers domaines scientifiques tels que la biologie, l'écologie et la bioinformatiques, où ils sont nécessaires de mesurer la similarité entre différents ensembles de données

1.1.2.2.1.5 Critères moléculaires (génotypiques)

L'utilisation de la taxonomie phylogénétique a été proposée par Kluyver et Van-Niel dès 1936, mais les outils nécessaires pour développer une telle taxonomie n'étaient pas disponibles, et la taxonomie phylogénétique n'a commencé à émerger que dans la seconde moitié du 20^{ème} siècle (Boucheffa, 2011).

A partir de 1980, la biologie moléculaire a été apparue, les méthodes traditionnelles de classification ont été remplacées par des méthodes phylogénétiques qui reposent sur : le séquençage de l'ADN codant pour l'ARN ribosomique 16S (ARNr 16S), l'hybridation d'ADN-ADN, et la détermination du pourcentage de guanine-cytosine (GC%) (Bouaziz, 2018); cette dernière n'est obligatoirement demandée que lors d'une proposition d'un nouveau genre. Actuellement, il n'est plus possible de proposer une nouvelle espèce sans effectuer des analyses génétiques (Saker, 2015).

1.2.2.1.5.1 Séquençage de l'ADN ribosomique 16S

C'est une technique très fiable pour l'identification des actinomycètes (Weisburg *et al.*, 1991 ; Cook et Meyers, 2003). Stackebrandt et ces collaborateurs (1981, 1983), ont été les premiers à utiliser cette technique pour la taxonomie des actinomycètes. Le gène codant pour l'ARN ribosomique 16S est un gène chromosomique d'une taille de 1500 paires de bases (pb), présent chez toutes les bactéries, dont la séquence est spécifique de chaque espèce et dont les extrémités 5' et 3' (15 premières et 15 dernières bases) sont conservées dans toutes les espèces bactériennes (Merizig et Naami, 2015); il est devenu la molécule de choix pour l'attribution des phylogénies microbienne et taxonomiques au niveau du genre. D'ailleurs, des investigations phylogénétiques détaillées des actinobactéries ont jusqu'à présent été réalisées principalement en utilisant des séquences d'ARNr 16S (Stackbrandt *et al.*, 1997 ; Ludwig et Klenk, 2005 ; Stackbrandt et Schumann, 2006 ; Ventura *et al.*, 2007 ; Zhi *et al.*, 2009; Adekambi *et al.*, 2011 ; Ludwig *et al.*, 2007 ; Zhi *et al.*, 2009 ; Adekambi *et al.*, 2011 ; Ludwig *et al.*, 2012 ; Medjemadj, 2021).

Il existe deux étapes pour l'étude de l'ADNr 16S sont la PCR (*Polymerase Chain Reaction*) et le séquençage. Les séquences ainsi obtenues des différents taxons sont comparées entre elles ou bien avec des espèces de références répertoriées dans des banques de données génomiques (Rainey *et al.*, 1996; Labeda et Kroppenstedt, 2000); accessibles sur internet telles que «EzTaxon» (Bouaziz, 2018).

1.2.2.1.5.2 Hybridation ADN-ADN

L'hybridation ADN-ADN est l'une des principales procédures d'identification de nouvelles espèces. En général, l'hybridation ADN-ADN est nécessaire lorsque les souches partagent plus de 97% de similitude de séquence du gène de l'ARNr 16S (Xiu Chen *et al.*, 2016). En 1987, le système international, Comité international de systématique des procaryotes (CIPS), a prévu que si la valeur de la DDH est supérieure à 70%, les deux souches doivent constituer une seule espèce (Xiu Chen *et al.*, 2016). Tandis que des valeurs d'au moins 25% sont nécessaires pour affirmer que deux microorganismes doivent être placés dans le même genre (Medjemadj, 2021).

1.2.2.1.5.3 Pourcentage de guanine-cytosine (G+C)

L'ADN génomique de chaque type d'organisme a un taux spécifique (G+C), il varie selon les microorganismes. Le contenu G+C est l'un des critères génotypiques d'identification des bactéries qui ont été couramment utilisés en taxonomie bactérienne, et le pourcentage en moles de G+C dans la plupart des actinobactéries se situe entre 60 et 80% (Bakdi *et al.*, 2016) (Tableau 6).

Les techniques de la détermination de la teneur en G+C sont basées principalement sur l'HPLC, alors que la stabilité thermique de l'ADN indigène et la centrifugation en gradient de densité au chlorure de césium sont des techniques équivalentes et présentent aujourd'hui un intérêt historique (Tindall *et al.*, 2010).

Tableau 9. Différentes teneurs en GC % qui sont rencontrées dans le groupe des actinomycètes (Bakdi *et al.*, 2016) ; (Ramírez-Durán *et al.*, 2021).

Genre	G+C%
<i>Actinomadura</i>	64 à 69%
<i>Nocardia</i>	64 à 72%
<i>Streptomyces</i>	69 à 78%
<i>Saccharomonospora</i>	67,3 à 71,3%
<i>Micromonospora</i>	71 à 73%
<i>Actinoplana</i>	72 à 73%
<i>Actinopolyspora</i>	64%
<i>Agromyces</i>	71 à 77%
<i>Frankia</i>	66 à 71%
<i>Glycomyces</i>	71 à 73%
<i>Nocardiospsis</i>	64 à 69%

1.2 Ecologie et distribution géographique

Les actinomycètes colonisent une large variété d'habitats naturels comme le montre le Tableau 7, ils sont retrouvés dans tous les écosystèmes (Boukahili et Chachoua, 2020). Ils ont été isolés de plusieurs types de sols, de matières organiques en décomposition, des glaciers polaires, des sols contaminés par les métaux lourds et les dérivés du pétrole, du pétrole brut et des lacs extrêmement alcalins ou salés et des écosystèmes aquatiques. Ils sont également présents dans l'air, le fumier, les composts, le foin, les débris végétaux, les litières, les grains de céréales, le pollen des plantes, etc. (Lacey, 1973).

Dans le sol, les actinomycètes peuvent être trouvés à la surface du sol et en profondeur en plus de deux mètres sous terre (Barka *et al.*, 2016). Ils produisent des substances spécifiques telles que la géosmine et le 2-méthylisobornéol qui sont responsables de l'odeur caractéristique des sols (Omura, 1992 ; Zaitlin *et al.*, 2003 ; Zaitlin et Watson, 2006).

D'après Waksman (1967), le rapport microorganismes totaux/actinomycètes diminue avec l'augmentation de la profondeur. Selon le même auteur, la couche superficielle contenait au moins 80% d'actinomycètes, la couche située à 80 cm de profondeur n'en contenait que 40% ou moins, et au plus seulement 16%, par rapport au nombre total de microorganismes.

Par rapport à d'autres bactéries, les actinomycètes jouent un rôle relativement mineur dans les maladies des plantes (Bignell *et al.*, 2010); tel que la maladie de gale commune de la pomme de terre dont l'agent causal est *Streptomyces scabiei*, *S. acidiscabies* et *S. turgidiscabies* (Loria *et al.*, 2006); les maladies d'homme comme la tuberculose causée par *Mycobacterium tuberculosis*, la lèpre causée par *Mycobacterium leprae* (Lewin *et al.*, 2016), et les maladies des animaux prenant l'exemple d'*Actinomyces pyogenes*.

Tableau 10. Distribution de quelques genres des actinomycètes selon leur type d'habitat (Goodfellow et Williams, 1983).

Genre	Habitat
<i>Microbispora</i>	Sol
<i>Actinomadura</i>	
<i>Streptosporangium</i>	
<i>Streptomyces</i>	Sol, eau, litière
<i>Actinoplanes</i>	
<i>Nocardia</i>	Sol, eau
<i>Micromonospora</i>	

Tableau 11. (Suite). Distribution de quelques genres des actinomycètes selon leur type d'habitat (Goodfellow et Williams, 1983).

Genre	Habitat
<i>Rhodococcus</i>	Sol, eau, fumier, litière
<i>Saccharomonospora</i>	Matière en décomposition
<i>Thermomonospora</i>	Matière en décomposition et fermentation
<i>Frankia</i>	Nodule de racines

Voici les pourcentages correspondants des genres d'actinomycètes mentionnés dans le tableau 8.

Tableau 12. Fréquence des divers genres d'actinomycètes dans le sol d'après l'étude de 5000 échantillons issus de 16 sols différents (Lechevalier et Lechevalier, 1967) ; (Khandan et Janardhana 2013).

Genre	Pourcentage (%)
<i>Streptomyces</i>	95,34
<i>Saccharomonospora</i>	0 – 3
<i>Nocardia</i>	1,98
<i>Micromonospora</i>	1,4
<i>Thermomonospora</i>	0,22
<i>Actinoplanes</i>	0,20
<i>Microbispora</i>	0,18
<i>Mycobacterium</i>	0,14
<i>Streptosporangium</i>	0,10
<i>Actinomadura</i>	0,10
<i>Micropolyspora</i>	0,10
<i>Pseudonocardia</i>	0,06
<i>Microellobosporia</i>	0,04

1.3 Cycle de vie et de développement des actinomycètes

Tout comme les eucaryotes multicellulaires, les actinomycètes possèdent un cycle de vie complexe (Figure 9), qui est le résultat de trois processus physiologiques majeurs : la croissance végétative, la différenciation et la sénescence cellulaire puis la mort (Danilenko *et al.*, 2005).

Le cycle de vie des actinomycètes commence avec la germination d'une spore, processus qui nécessite la présence des ions de calcium. Cette germination donne naissance à mycélium primaire (de substrat) formé d'hyphes non septés et plurinucléés, ramifiés et ancrés dans le milieu solide, qui forment ensemble le mycélium végétatif (Belferkh et Megoura, 2016 ; O'Gara *et al.*, 2008). En réponse à des stress tels que l'appauvrissement en nutriments, une partie du mycélium est sacrifiée, suite à une dégradation autolytique *via* la mort cellulaire programmée (PCD); cela conduit à la libération de nutriments dans l'environnement qui seront utilisés pour la formation

d'hyphes aériens et de spores. Le début de la différenciation cellulaire coïncide avec la production d'antibiotiques, qui assurent une protection contre les microorganismes concurrents attirés par les nutriments libérés pendant la PCD (Anne van der Meij *et al.*, 2017).

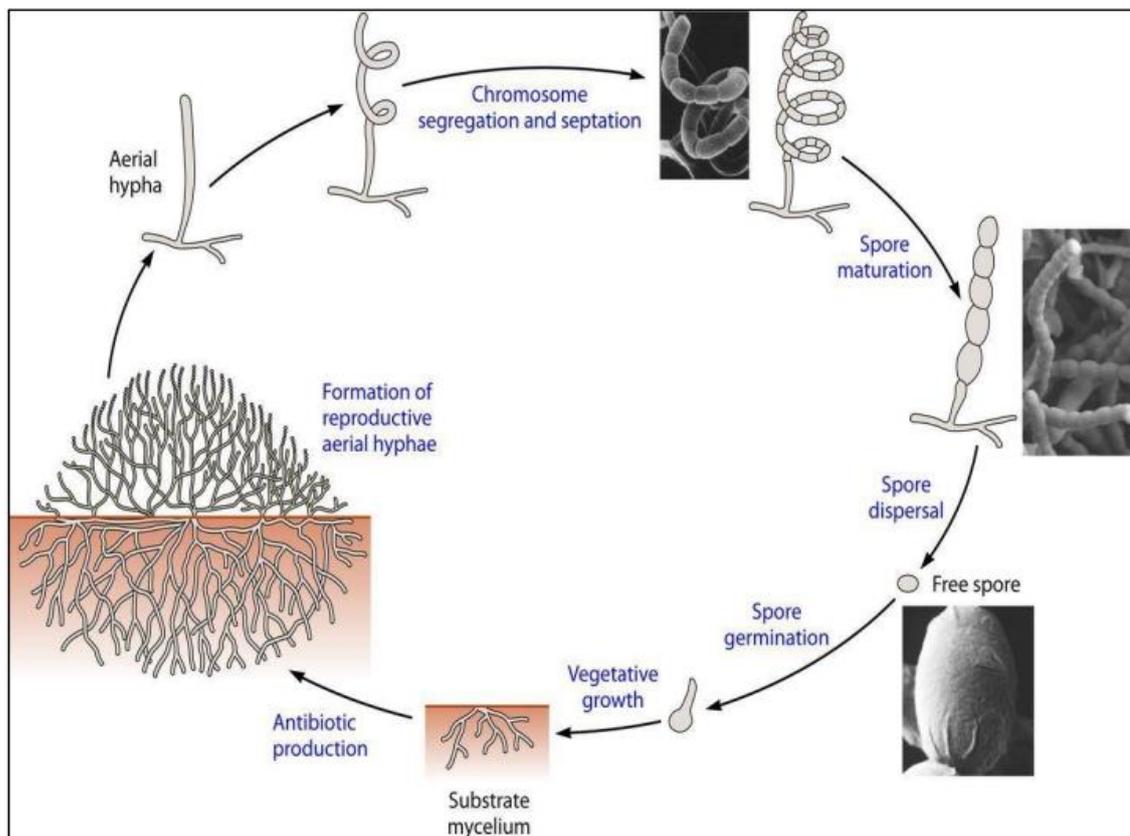


Figure 9. Cycle de développement du genre *Streptomyces* sur milieu solide (Barka *et al.*, 2016).

1.4 Le genre *Saccharomonospora*

Le genre actinobactérien *Saccharomonospora* qui est une bactérie à Gram positif, appartenant à la famille des *Pseudonocardiaceae*, a été proposé en 1971 (Nonomura et Ohara, 1971) et comprend actuellement 19 espèces dont 14 noms sont valablement publiés (Nonomura et Ohara, 1971 ; Challis, 2008 ; Syed *et al.*, 2008 ; Fischbach et Walsh, 2009 ; Veyisoglu *et al.*, 2013 ; Chen *et al.*, 2014 ; Passari *et al.*, 2016, 2017 ; Tseng *et al.*, 2018 ; Zothanpuia *et al.*, 2018; Rangseekaew et Pathomaree, 2019 ; Zhang *et al.*, 2019 ; Corral *et al.*, 2020 ; Ishaque *et al.*, 2020); dont cinq sont halophiles ou halotolérantes: *S. halophila*, première espèce halophile de ce genre (Al Zarban *et al.*, 2002); *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica* (Li *et al.*, 2003); *S. saliphila* (Syed *et al.*, 2008); *S. marina* (Liu *et al.*, 2010) et *S. oceani* (Zang *et al.*, 2013). Le genre est très facilement reconnaissable par sa micromorphologie, avec des spores sessiles isolées sur le MA et disposées de manière opposée ou alternée de part et d'autre du filament mycélien. Le MS n'est

pas fragmentée (Saker, 2015). Macromorphologiquement, le mycélium aérien peut être blanc, blanc-jaune, vert ou bleu clair à foncé, une pigmentation verte peut également apparaître sur le mycélium végétatif et se diffuser dans le milieu environnant (Seung, 2015).

Ce genre a une paroi de type IVA (présence de DL-DAP (*méso*-DAP) et arabinose et galactose) et des phospholipides de type PII (Saker, 2015). Le pourcentage de G+C varie de 67,3% à 71,3% (Ramírez-Durán *et al.*, 2021). Par la suite, des marqueurs chimiques supplémentaires ont été trouvés pour caractériser le taxon, notamment la présence d'une quantité importante d'acides gras iso- et antéiso, d'acides gras 2-hydroxy, de phosphatidyléthanolamine et de ménaquinones tétrahydrogénées avec neuf unités isoprènes (Lechevalier et Lechevalier, 1968; Kroppenstedt, 1985). Les acides mycoliques sont inexistantes (Seung, 2015). Il est à mentionner que l'espèce type est *Saccharomonospora viridis* (la souche type ATCC 15386^T) (Goodfellow *et al.*, 1984).



Matériel et méthodes

Chapitre II : Matériel et méthodes

2.1 Espèces étudiées

Afin de comparer l'étude chimiotaxonomique (basée sur les coefficients de *Dice* et *Ochiai*) avec l'étude moléculaire, quatorze espèces et deux sous-espèces du genre *Saccharomonospora* ont été étudiées. Ces dernières sont citées par ordre chronologique de découverte :

- ***Saccharomonospora viridis*** : Nonomurea et Ohara 1971 est l'espèce type du genre *Saccharomonospora* qui appartient à la famille des *Pseudonocardiaceae*, cette espèce actinomycétale est intéressante parce qu'il s'agit d'un organisme à Gram négatif par coloration classé parmi les actinomycètes habituellement Gram positif. Elle est immobile et aérobie, catalase et oxydase positives. Les membres de cette espèce sont souvent découverts dans le compost et le foin chauffés, et leurs spores peuvent provoquer la fièvre des humidificateurs, la maladie du poumon de fermier et la bagassose (pneumopathie d'hypersensibilité liée à l'inhalation de poussières et de résidus fibreux moisissés de canne à sucre). Produit sur la gélose ISP2 (ISP : International *Streptomyces* Project Medium) un mycélium aérien vert et un mycélium de substrat jaune. Le taux de G+C est de 67,32% (Schuurmans *et al.*, 1956; Pati *et al.*, 2009; Shin *et al.*, 2017).

- ***Saccharomonospora azurea*** : C'est un actinomycète aérobie. Le mycélium du substrat n'est pas fragmenté et les sporanges sont absents, principalement sur le mycélium aérien, spores uniques ovales ou rondes. L'espèce a été initialement découverte dans un échantillon de sol prélevé dans la ville de Guangyuan, dans le Sichuan (Chine), au cours du processus de sélection de nouveaux antibiotiques. Le mot latin *azurea*, qui signifie "azur", a été utilisé pour décrire la couleur bleue du mycélium aréolaire afin de créer l'épithète de l'espèce. Le génome est constitué d'un chromosome d'une longueur de 47 638 52 pb et d'une teneur en G+C de 70,1% (Runmao, 1987; Klenk *et al.*, 2010).

- ***Saccharomonospora cyanea*** : Cette bactérie aérobie est identifiable par la présence d'un mycélium aérien bleu foncé ainsi que des spores individuelles, surtout présentes sur les parties aériennes du mycélium. Le génome est constitué d'un chromosome circulaire de 54 083 01 pb, contenant 69,7% de G+C (Runmao *et al.*, 1988; Meier-Kolthoff *et al.*, 2013).

- ***Saccharomonospora glauca*** : Le nom est dérivé de l'adjectif féminin latin "glauca" qui fait référence à la couleur bleu-vert-grisâtre de son mycélium aérien, la morphologie de l'organisme comprend des mycéliums aériens et de substrat ramifiés et non fragmentés.

En outre, il produit des spores simples serrées sur ses hyphes aériens. Teneur en G+C de 69% molaire (Greiner-mat *et al.*, 1988; Yoon *et al.*, 2000).

- ***Saccharomonospora iraqiensis* subsp. *iraqiensis*** : Une espèce d'actinomycète halophile a été identifiée à partir d'échantillons de sol extrêmement salins en Irak, la souche a été proposée la première fois comme nouvelle espèce et nommée *Actinopolyspora iraqiensis* sp. nov. par Ruan *et al.* (1994). En outre, bien qu'*Actinopolyspora iraqiensis* IQ-H1^T diffère de *S. halophila* DSM 44411^T par certaines propriétés phénotypiques, et elle a été similaire dans certaines propriétés morphologiques, chimiotaxonomiques et physiologiques, en particulier dans les résultats des hybridations ADN-ADN dont en 2011 elle a été proposée pour qu'elle soit transférée dans le genre *Saccharomonospora* en tant que synonyme hétérotypique de *Saccharomonospora halophila* (Tang *et al.*, 2011). Enfin, officiellement classifié en tant que *Saccharomonospora iraqiensis* en 2018 (Nouioui *et al.*, 2018).

- ***Saccharomonospora xinjiangensis*** : Cette espèce d'actinomycète a été isolée dans un champ de sel de la province de Xinjiang, au nord-ouest de la Chine d'où son nom. Elle se caractérise par présence de paires longitudinales de spores sur les hyphes aériens de couleur blanc jaunâtre et végétatifs jaune clair. Cette espèce est également capable de dégrader un certain nombre de composés organiques, y compris les polysaccharides et les protéines (Jin *et al.*, 1998).

- ***Saccharomonospora halophila*** : La bactérie du genre *Saccharomonospora* a été découverte dans le sol d'un marais situé au Koweït. Cette souche se caractérise par son caractère aérobic, sa tolérance à des conditions halophiles et sa capacité à produire un mycélium aérien d'une teinte allant du bleu clair au grisâtre, Aucun endo- ou exo-pigment spécifique n'est produit. La souche a un voisin phylogénétique le plus proche, *Saccharomonospora cyanea* DSM 44106^T, dont la séquence d'ADN_r 16S partage 96,8% (Al-Zarban *et al.*, 2002).

- ***Saccharomonospora iraqiensis* subsp. *paurometabolica*** : La bactérie tire son nom de sa caractéristique paurométabolique, qui décrit sa faible capacité à utiliser les sources de carbone de manière adéquate. Elle a été isolée à partir d'un échantillon de sol unique provenant de la province du Xinjiang, dans l'ouest de la Chine, lors d'une étude sur les actinomycètes

halophiles. Cette souche présente un mycélium aérien blanc sur tous les milieux, à l'exception de la gélose nutritive, où il présente un mycélium vert-jaune. La teneur en G+C de l'ADN de la souche YIM 900007^T est de 71 mol% (Li *et al.*, 2003).

- ***Saccharomonospora saliphila*** : Une espèce d'actinomycète, modérément halophile, désignée YIM 90502^T, a été isolée à partir d'un échantillon de sol boueux prélevé à Gulbarga, dans la province de Karnataka, en Inde. Son nom *saliphila* fait référence à son affinité pour le sel. Elle a un mycélium aérien grisâtre à gris rougeâtre sur tous les milieux de cultures testés dans une température optimum de 28°C jusqu'à 40°C, comme elle est productrice de H₂S. La teneur en G+C de l'ADN de la souche type est de 71,8 mol% (Syed *et al.*, 2008).

- ***Saccharomonospora marina*** : est une bactérie dont le nom est dérivé de son lieu d'origine, la mer. Elle a été isolée à partir d'un échantillon de sédiment océanique prélevé dans la baie de Zhao'an, située dans la mer de Chine orientale, à Xiamen, dans la province de Fujian. Cette bactérie produit des spores non mobiles, lisses ou ridées, qui se forment individuellement, en paires ou parfois en courtes chaînes sur le mycélium aérien ramifié. Elle possède également des capacités telles que la liquéfaction de la gélatine, la coagulation du lait et la réduction des nitrates, ainsi qu'une résistance à plusieurs antibiotiques tels que l'ampicilline et le chloramphénicol. Le génome est constitué d'un chromosome circulaire de 59 655 93 pb dont le contenu en G+C est de 68,9% (Liu *et al.*, 2010; Klenk *et al.*, 2012).

- ***Saccharomonospora amisosensis*** : Elle été découverte dans des échantillons de sédiments profonds prélevés sur la côte méridionale de la mer Noire, dans la région d'Amisos, Samsun en Turquie. Ces actinomycètes sont non mobiles et forment des hyphes de substrat ramifiés produisant des spores uniques, des paires et de courtes chaînes de spores. Ils ont la capacité d'utiliser de nombreuses sources de carbone telles que le lactose, la cellobiose et le D-galactose, et présentent plusieurs activités biochimiques. La teneur en G+C de la souche type est de 68,9 mol% (Veyisoglu *et al.*, 2013).

- ***Saccharomonospora oceani*** : une bactérie aérobie produisait un mycélium à substrat ramifié et un mycélium aérien, sans fragmentation, et aucun pigment diffusible n'a été produit sur les milieux de cultures testés. Produit sur le milieu tryptone yeast extract agar (ISP-1), yeast extract malt extract dextrose agar (ISP-2) et glycerol asparagine agar (ISP-5), qu'il formait un mycélium aérien blanc et un mycélium à substrat jaunâtre; les spores se sont

formées individuellement ou par paires sur les hyphes aériens et le MS; et parfois les spores uniques sont sur de longs sporophores. Catalase, hydrolyse de l'amidon et liquéfaction de la gélatine sont positifs. Plage de température de croissance et entre 28-30°C, 28°C est l'optimale, un pH entre 5-10, 7 est l'optimale, tolérance au NaCl est supérieure à 9%. La teneur en G+C de l'ADN génomique est de 71,4% (Zhang *et al.*, 2013; Munaganti, 2016).

- ***Saccharomonospora xiaoerkulensis*** : Cette espèce a été découverte dans les sédiments d'un lac salé situé dans la ville d'Atushi, dans la province de Xinjiang, au nord-ouest de la Chine. Ce lac contient principalement du NaCl, ce qui le rend proche de la saturation en sel. Elle est définie comme aérobie, qui se développant le mieux sur le milieu ISP 7, avec formation d'un mycélium aérien blanc abondant et production de pigments solubles bruns, les mycéliums exubérants ont une surface lisse avec des branches irrégulières, les spores sont de forme ovale avec une surface lisse. La teneur en G+C de l'ADN était de 72,9% (Li *et al.*, 2016).

- ***Saccharomonospora colocasiae*** : Un actinomycète aérobie, mésophile, qui a été isolé de la rhizosphère collectée sous un plant d'oreille d'éléphant (*Colocasia esculenta*) à Bangkok, Thaïlande, avec un substrat ramifié dont la couleur varie du jaune au gris, une masse aérienne verte ou blanche a été produite en abondance sur ISP 2, ISP 3 et sur gélose nutritive. Le pigment soluble n'a pas été observé, il a formé des spores globuleuses uniques sur des géloses longues, la teneur en G+C de l'ADN était de 69%. Il a la capacité d'hydrolyser l'amidon, de produire du sulfure d'hydrogène, de produire de la mélanine, de réduire les nitrates et de dégrader la gélatine (Watsapon *et al.*, 2017).

- ***Saccharomonospora piscinae*** : Elle a été isolée à partir des sédiments d'un étang de pisciculture dans le sud de Taïwan, et se caractérise par sa vie en conditions aérobies, sa capacité à se développer entre 0 et 8% (pt/vol) de NaCl et entre 20°C et 40°C. La teneur en G+C de l'ADN génomique de la souche type est de 71,4%. Elle produit des mycéliums de substrat ramifiés et non fragmentés, de couleur vert bleuâtre foncé à vert grisâtre et vert olive foncé, et les mycéliums aériens sont gris moyen et vert bleuâtre foncé à gris verdâtre. Aucun pigment soluble n'a été produit sur aucun des milieux testés. Les résultats des tests biochimiques sont les suivants : La tyrosine et l'amidon sont positifs (Min *et al.*, 2018; Ninfa *et al.*, 2023).

2.2 Analyse chimiotaxonomique

Dans le cadre de cette étude, l'analyse chimiotaxonomique a été vérifiée, sur quatorze espèces et deux sous-espèces appartenant au genre *Saccharomonospora*, en se concentrant sur la composition de leur paroi cellulaire. Cette analyse a impliqué l'évaluation des sucres, acides aminés, ménaquinones, phospholipides et acides gras qui la composent.

Des études antérieures ont examiné ces composants en utilisant un caractère binaire pour évaluer la composition de la paroi cellulaire. Si le composant visé est présent dans l'espèce étudiée, il est représenté par la valeur 1, sinon il est représenté par la valeur 0. Les résultats ont été présentés sous forme de matrice, où les lignes correspondent aux quatorze espèces et deux sous-espèces étudiées et les colonnes aux différents composants de la paroi cellulaire.

2.3 Mesure de distance

Lors de l'évaluation des distances entre les espèces étudiées pour mettre en évidence leurs similitudes et différences, deux coefficients ont été mis en valeur : le coefficient de *Sørensen-Dice* (*Dice*) et le coefficient d'*Otsuka-Ochiai* (*Ochiai*). Ces coefficients ont été sélectionnés pour leur capacité à comparer les espèces par rapport à *Saccharomonospora piscinae*, qui a été choisie comme espèce de référence.

2.3.1 Coefficient de *Sørensen-Dice*

Le coefficient de similarité de *Sørensen-Dice*, développé séparément par *Dice* et *Sørensen*, est une mesure statistique qui sert à évaluer la similitude entre deux échantillons. À l'origine, cet indice était conçu pour les données discrètes. Il s'applique à trois ensembles, a, b et c, et permet de calculer un coefficient de similitude qui peut varier de 0 (aucune similitude) à 1 (similitude parfaite) (Dice, 1945; Sørensen, 1948).

Cet indice est calculé par la relation suivante :

$$D = \frac{2a}{2a + b + c}$$

2.3.2 Coefficient de *Otsuka–Ochiai*

Le coefficient d'*Otsuka-Ochiai* (pour certains auteurs, Otsuka est le promoteur original) également désigné sous le nom d'*Ochiai-Barkman* et connu par la mesure du cosinus (Barkman, 1958). C'est une mesure de similarité ou de corrélation entre trois ensembles de données, souvent utilisé en bio-informatique pour comparer des séquences d'ADN ou de protéines (Bolton, 1991; Ochiai, 1957; Zhou et Leydesdorff, 2016).

La formule mathématique du coefficient est la suivante :

$$O = \frac{a}{\sqrt{(a+b)(a+c)}}$$

L'interprétation géométrique est la plus simple : OCH (Coefficient *Otsuka–Ochiai*) est le cosinus des deux vecteurs pointant vers les deux objets dans l'espace multidimensionnel. Ça valeur varie de 0 à 1, où 0 indique une absence totale de similitude entre les deux ensembles et 1 indique une similitude parfaite. Plus la valeur est élevée plus elle indique une forte similarité, tandis qu'une faible indique une faible similarité.

Matrice de distance

Pour réaliser ce calcul il faut tout d'abord déterminer les ensembles a, b et c apporté de la matrice Excel où a (1, 1) c'est à dire le composant de la paroi est présent chez l'espèce référence et l'espèce comparative, b (0, 1) : présent seulement chez l'espèce comparative et c (1, 0) : présent chez l'espèce de référence.

La matrice de distance :

Espèce1 \ Espèce2	1	0
1	A	B
0	C	D

Exemple :

Caractères \ Espèces	C1	C2	C3	C4	C5	C6
Espèce 01	1	0	0	1	1	1
Espèce 02	0	1	1	1	0	1
Espèce 03	0	1	1	0	1	0

- La similitude entre E1 et E2 :

$$a(1, 1) = 2; b(0, 1) = 2; c(1, 0) = 2; d(0, 0) = 0.$$

$$D = \frac{2a}{2a + b + c} = \frac{4}{4 + 2 + 2} = 0.5 = 50\%$$

$$O = \frac{a}{\sqrt{(a + b)(a + c)}} = \frac{2}{\sqrt{(2 + 2)(2 + 2)}} = 0.5 = 50\%$$

- Selon le coefficient de *Dice*, E1 et E2 présentent un taux de similitude de 50%.
 - Selon le coefficient d'*Ochiai*, E1 et E2 présentent un taux de similitude de 50%.
- Un logiciel qui repose sur l'exploitation des bases de données sur le web, a été utilisé dans cette partie de chimiotaxonomie : *PAleontologicalStatistics 3* (*PAST3*) (Hammer *et al.*, 2001).

2.3.3 *PAST3* (*PAleontologicalStatistics 3*)

Le logiciel *PAST*, nommé pour *PAleontological Statistics* (Figure 10), est disponible gratuitement et compatible avec les ordinateurs, Il intègre les fonctionnalités d'un tableur (ou autrement dit chiffrier électronique 1 ou 0) avec des statistiques univariées et multivariées, l'ajustement de courbes, l'analyse de séries chronologiques, le traçage de données ainsi qu'une analyse phylogénétique simple.

Bien que conçues pour répondre aux besoins de la paléontologie et à l'écologie, même pour la microbiologie dont il nous permet l'étude de la composition de la paroi cellulaire au sein d'un genre donnée, et contribuer à construire des dendrogrammes détaillés à partir des résultats obtenus du fichier Excel (Hammer *et al.*, 2001; Hammer *et al.*, 2009).

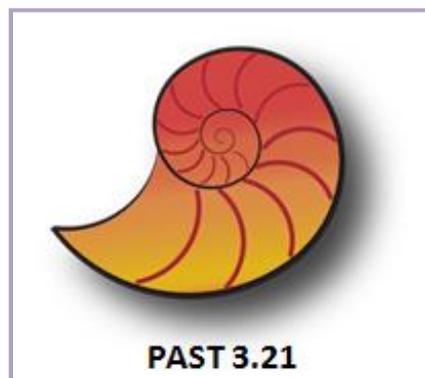


Figure 10. Logiciel *PAST3* (*PAleontological Statistics3*).

➤ Voici les étapes à suivre pour effectuer le traitement déterminé dans la Figure 11:

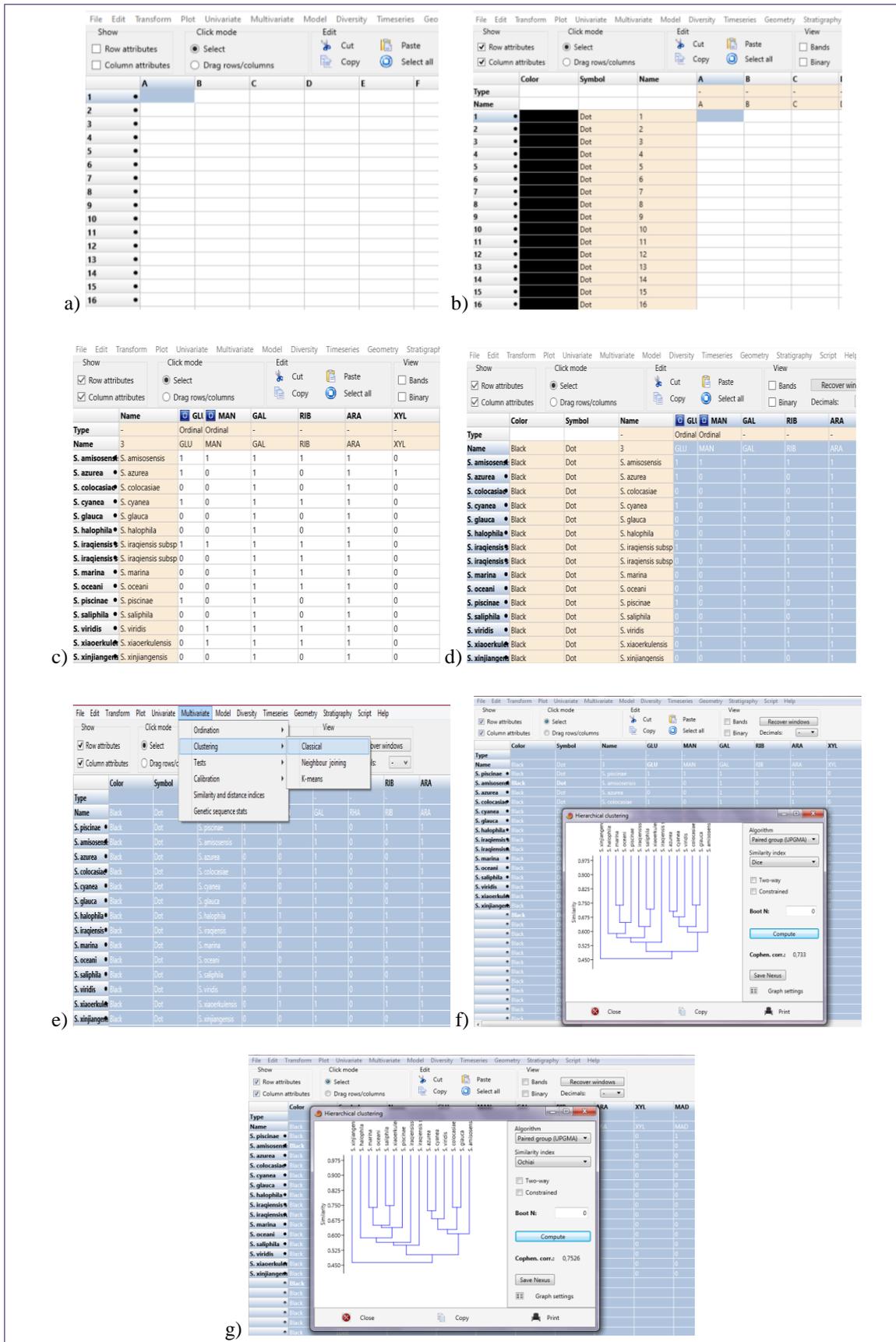


Figure 11. Etapes pour construire un dendrogramme selon les coefficients de *Dice* et *Ochiai*.

a) Démarrer le logiciel *PAST3*, b) Sélectionner *Row attributes* et *Column attributes*, c) Copier d'Excel puis coller les noms des espèces et la matrice dans le logiciel, d) Sélectionner toute la matrice, e) Cliquer sur *Multivariate* et sélectionner *Clustering* puis choisissez *Classical*, f) Sur la fenêtre ouverte sélectionner *Dice* et Compute, g) Sur la fenêtre ouverte sélectionner *Ochiai* et Compute.

2.4 Analyse moléculaire

L'objectif de la phylogénie moléculaire consiste à établir les liens de parenté entre des séquences de nucléotides ou d'acides aminés afin de comprendre non seulement les relations évolutives entre les espèces qui les possèdent, mais aussi l'évolution du génome dans son ensemble (Lopez *et al.*, 2002).

En effectuant une étude comparative basée sur l'analyse de l'ARNr 16S de quatorze espèces et deux sous-espèces du genre *Saccharomonospora*, nous avons pu évaluer les distances évolutives et calculer les similarités entre ces organismes. L'espèce *Saccharomonospora piscinea* a été choisie comme référence et *Actinopolyspora algeriensis* comme groupe extérieur.

Pour cette étude moléculaire, plusieurs outils bio-informatiques et plateformes Web rapide et de précision ont été employé pour le traitement et l'analyse des données génomiques. Ces outils ont contribué de déterminer les positions taxonomiques des souches, qui ont ensuite été traduites en arbre phylogénétique.

Les deux logiciels utilisés sont *MEGA4* et EZbiocloud.

2.4.1 *MEGA4* (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis4*)

C'est une version antérieure de *MEGA* (Figure 12), qui a été publiée en 2007. Le logiciel comprend de nombreuses fonctionnalités, telle qu'il permet d'améliorer les installations existantes pour la modification des données de séquence d'ADN ou de protéines. Il permet également d'extraire des bases de données Web, d'effectuer des alignements automatiques et manuels des séquences, d'analyser ces alignements pour estimer les distances évolutives, de créer des arbres phylogénétiques et de tester des hypothèses évolutives (Tamura *et al.*, 2007).



Figure 12. Logiciel *MEGA4*.

2.4.2 Alignements multiples et arbre phylogénétique

Afin d'élaborer l'arbre phylogénétique pour l'analyse moléculaire des quatorze espèces et deux sous-espèces du genre *Saccharomonospora*, des séquences nucléotidiques d'ARNr 16S ont été extraites de la base de données LPSN (List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature) (Figure 13).

Pour créer l'arbre phylogénétique, un alignement multiple de ces séquences a été réalisé au format FASTA (voir annexe I) et sont accessibles via l'adresse internet suivante : (<https://lpsn.dsmz.de/>).



Figure 13. Logo de base de données LPSN (Liste des noms procaryotes ayant un statut dans la nomenclature).

L'alignement par paire et multiple des séquences se fait par le logiciel *MEGA4* en utilisant l'algorithme « *ClustalW* » avec pénalité d'ouverture d'écart et la pénalité d'extension d'écart étaient de 15 et 6,66 respectivement pour l'alignement par paires et l'alignement multiple (Thompson *et al.*, 1994 ; Tamura *et al.*, 2007). Les étapes sont les suivantes :

- Démarrer le logiciel et cliquer sur *Data, Open, Get sequences* pour exporter les séquences d'ARNr 16S de chaque espèce préalablement stockés sous format FASTA (Figure 14).
- Appuyer sur *Edit, Select all* pour que l'alignement s'effectue.
- Cliquez *Alignment, Align by ClustalW* (Figure 15) pour que l'alignement par paire et multiple se produit (Figure 17).
- Enfin, les séquences seront alignées (Figure 18).



Figure 14. Les séquences nucléotidiques avant l'alignement.

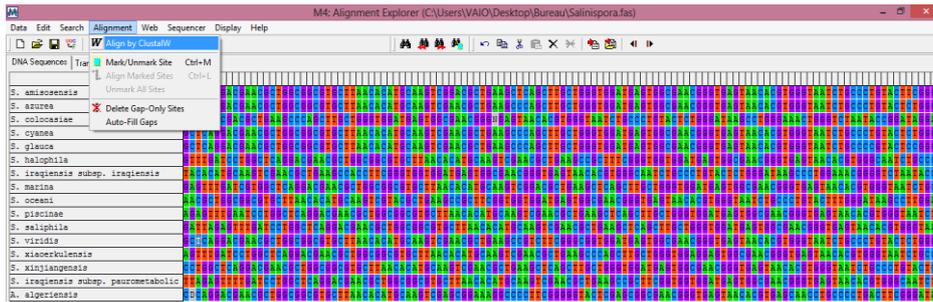


Figure 15. L'étape de sélection d'algorithme de *ClustalW*.

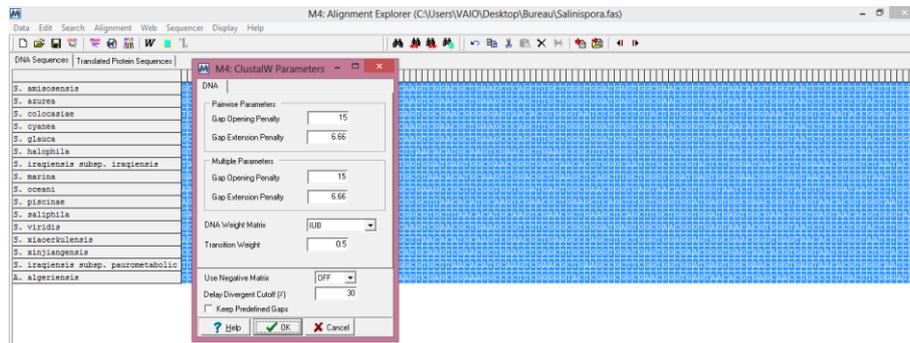


Figure 16. Après la sélection des paramètres de pénalité d'ouverture d'écart et la pénalité d'extension d'écart cliquer sur OK.

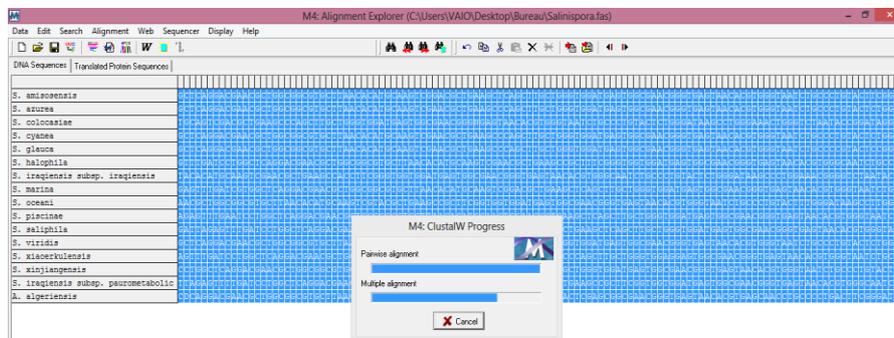


Figure 17. Séquences encours d'alignement.



Figure 18. Les séquences nucléotidiques après l'alignement.

Le logiciel *MEGA4* a également été utilisé pour créer l'arbre phylogénétique en utilisant le type « *Maximum Parsimony* » (Kannan et Wheeler, 2012) ; comme méthode statistique (Figure 19) et le modèle « Kimura- deux paramètres » (Kimura, 1980) ; comme modèle de construction (Figure 20).

- Enregistrer l'alignement sous format MEGA en cliquant sur *Data, Save*.
- Enregistrer l'alignement sous format FASTA en cliquant sur *Data, Save*.

Après l'export du fichier pour créer l'arbre phylogénétique on clique sur *Phylogeny, Bootstrap Test of Phylogeny* et sélectionner *Maximum Parsimony* (Figure 19).

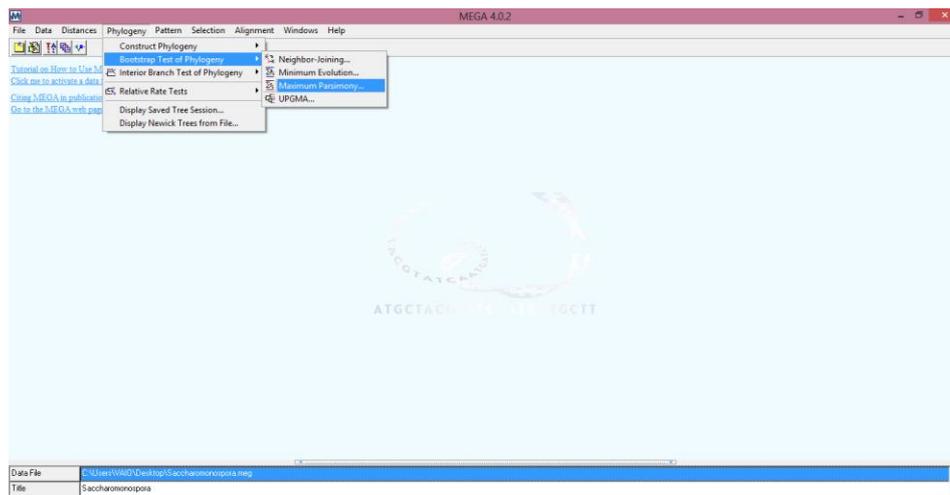


Figure 19. Etape de sélection de type d'arbre phylogénétique.

- Dans la fenêtre apparaît sélectionner Kimura 2-parameter ensuite Nucléotide et enfin *Compute* (Figure 20).

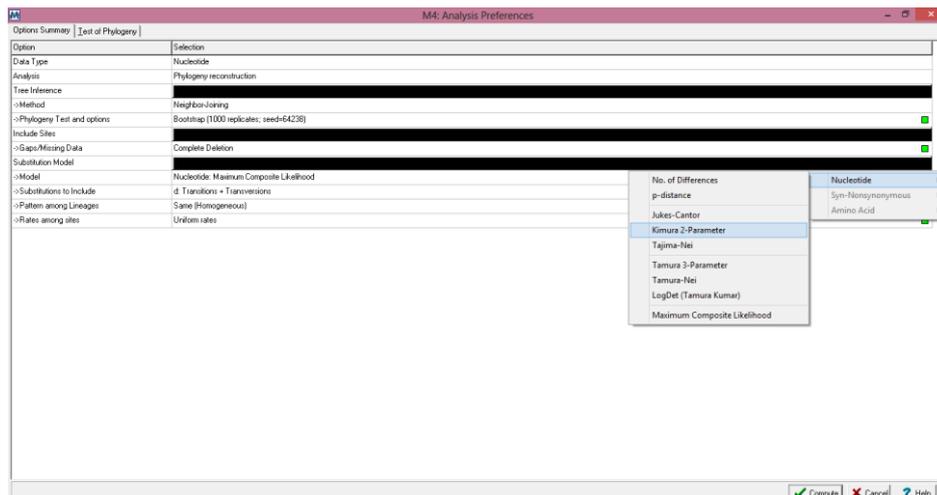


Figure 20. Etape de sélection de modèle de construction.

- A la fin de cette étape le dendrogramme vas apparaitre et serai prêt à copier.

2.4.3 Calcul de similarité moléculaire

Afin de calculer les similitudes en pourcentage entre les espèces du genre *Saccharomonospora*, la plateforme EZbiocloud (anciennement EzTaxon) a été utilisée. Cette plateforme est un portail de données et d'analyse qui inclut la hiérarchie taxonomique des bactéries et des archées, représentée par des séquences de gènes et de génomes de l'ARNr 16S, ainsi que des informations sur l'écologie, la génomique, la métagénomique et le microbiome de ces microorganismes. La base de données EZbiocloud contient 61 700 espèces/phylotypes, comprenant 13 132 noms valablement publiés et 62 362 assemblages de génomes entiers identifiés taxonomiquement au niveau du genre, de l'espèce et de la sous-espèce. Cette base de données contient également 207 embranchements, 433 classes, 1 019 ordres, 2 805 familles, 11 446 genres, 61 700 espèces et 387 sous-espèces (Yoon *et al.*, 2017). Ils sont accessibles gratuitement sur internet à l'adresse suivante : (<https://www.ezbiocloud.net/>).

Pour identifier *S. piscinae*, l'espèce de référence, à partir de sa séquence d'ARNr 16S (importer sous format FASTA du LPSN), la séquence nucléotidique a été introduite dans l'outil en ligne "16S-based ID" de la plateforme EZbiocloud (Yoon *et al.*, 2017) (Figure 21). Ensuite, les résultats ont été organisés en fonction de leur degré de similarité décroissante avec la séquence de référence, et présentés sous forme de tableau de similarité qui indique les distances évolutives entre les 14 espèces et les deux sous-espèces de *Saccharomonospora*.

The screenshot shows the EZBioCloud interface. At the top, there is a navigation bar with links for DASHBOARD, APPS, TOOLS, RESOURCES, HOW TO CITE, ABOUT, HELP CENTER, SUPPORT, and LICENSES. The main content area is titled "Identification Result" with a "Back to my identifications" link. Below this, the "Sequence details" section is displayed in a table format:

Full name	Saccharomonospora piscinae BCR16893T
Length	1,477 bp Sequence
Orientation	Forward
Completeness	100.0%
Database ver.	2021.07.07

Below the sequence details, there is a section titled "List of hits from EzBioCloud 16S database". At the bottom of this section, there is a filter bar with the text "Select hits by database" and several buttons: "All", "Valid names only", "Excel", "FASTA", "EzEditor2", and a dropdown menu icon.

Figure 21. Résultat schématisé de l'identification de *Saccharomonospora*.

Résultats et discussion

Chapitre III : Résultats et discussion

3.1 Analyse chimiotauxonomique

Après avoir recherché différentes sources pour les 14 espèces et les deux sous-espèces du genre *Saccharomonospora*, une étude chimiotauxonomique détaillée a été réalisée pour comparer entre les espèces étudiées. Les résultats obtenus pour les composés de la paroi cellulaire cibles, exprimés en présence de (+) ou en absence de (-), sont résumés dans les tableaux ci-dessous.

3.1.1 Glucides membranaires

Le tableau 9 présente les principaux sucres entiers présents dans la paroi cellulaire des 14 espèces et deux sous espèces du genre *Saccharomonospora*.

Tableau 13. Glucides caractéristiques de la paroi cellulaire des espèces de *Saccharomonospora*.

Espèce	Glu	Man	Gal	Rib	Ara	Xyl	Mad	U sugar
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	+	-	+	-	+	+	-	-
<i>S. azurea</i> (Runmao., 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	-	+	-	+	-	-	-
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	+	-	+	+	+	-	-	-
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	-	-	+	-	+	-	-	-
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	-	-	+	-	+	-	-	-
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	+	+	+	+	+	-	-	+

Tableau 14. (Suite). Glucides caractéristiques de la paroi cellulaire des espèces de *Saccharomonospora*.

Espèce	Glu	Man	Gal	Rib	Ara	Xyl	Mad	U sugar
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	+	+	+	-	-	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wan, 2003).	-	-	+	+	+	-	-	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	-	+	+	+	-	-	-
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	+	-	+	-	+	-	-	-
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018).	+	+	+	+	+	-	+	-
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	-	-	+	-	+	-	-	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	-	+	+	+	+	-	-	-
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	-	+	+	+	+	-	-	-
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	-	-	+	-	+	-	-	-
Fréquence %	5/15 33,33	4/15 26,66	15/15 100	8/15 53,33	15/15 100	1/15 6,66	1/15 6,66	1/15 6,66

Glu: Glucose; **Man:** Mannose; **Gal:** Galactose; **Rib:** Ribose; **Ara:** Arabinose; **Xyl:** Xylose; **Mad:** Madurose; **U SUGAR:** Unknown sugar (Sucre inconnu).

Selon le profil des sucres, le galactose et l'arabinose sont présents chez toutes les espèces. En revanche, la présence de glucose, mannose, ribose, xylose, madurose et de sucres inconnus est variable.

Seules trois espèces possèdent chacune un sucre spécifique : le xylose pour *S. amisosensis*, le madurose pour *S. piscinae* et un sucre inconnu pour *S. halophila*.

3.1.2 Acides aminés

La composition de la membrane en acides aminés pour les 14 espèces et deux sous espèces étudiées est représentée dans le tableau 10.

Tableau 15. Acides aminés caractéristiques de la paroi des espèces et deux sous espèces de *Saccharomonospora*.

Espèce	Glu	Ala	Gly	GluA	acide LL-DAP	acide méso-DAP	Acide muramique	N-acétyl-muramique
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	+	+	-	+	-	+	+	-
<i>S. azurea</i> (Runmao., 1987). (Wattanasueps <i>in et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	+	+	-	+	-	+	+	-
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasueps <i>in et al.</i> , 2017).	-	-	-	-	-	+	-	+
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	+	+	-	+	-	+	-	-
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	-	+	-	+	-	-

Tableau 10. (Suite). Acides aminés caractéristiques de la paroi des espèces et deux sous espèces de *Saccharomonospora*.

Espèce	Glu	Ala	Gly	GluA	acide LL-DAP	acide méso-DAP	Acide muramique	N-acétyl-muramique
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	-	-	+	+	-	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wan, 2003).	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018).	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	+	+	+	-	-	+	-	-
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	-	-	-	-	-	+	-	-

Tableau 10. (Suite). Acides aminés caractéristiques de la paroi des espèces et deux sous espèces de *Saccharomonospora*.

Espèce	Glu	Ala	Gly	GluA	acide LL-DAP	acide <i>méso</i> -DAP	Acide muramique	N-acétyl-muramique
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	+	+	-	+	-	+	+	-
Fréquence %	5/15 33,33	5/15 33,33	1/15 6,66	5/15 33,33	1/15 6,66	15/15 100	3/15 20	1/15 6,66

Glu : acide glutamique; **Ala** : alanine; **Gly** : glycine; **GluA** : glucosamine; **acide *méso*-DAP** : acide *méso*-diaminopémilique; **acide LL-DAP** : acide LL-diamino-pémilique.

Le profil des acides aminés de ce genre se caractérise par la présence de l'acide *méso*-diaminopémilique chez toutes les espèces. Cet acide aminé peut être considéré comme un biomarqueur de *Saccharomonospora*.

La présence de l'acide aminé glycine, acide LL-diamino-pémilique et N-acétyl-muramique est très faible avec une fréquence de 6,66% chez *S. viridis*, *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis* et *S. colocasiae* successivement.

Les autres acides aminés sont trouvés dans différentes espèces selon les pourcentages suivants :

- 33,33% (présents chez cinq espèces) pour acide glutamique, alanine et glucosamine.
- 20% (présents chez trois espèces) pour l'acide muramique.

3.1.3 Phospholipides

La composition en phospholipides de la membrane des quatorze espèces et des deux sous-espèces étudiées est illustrée dans le tableau 11 et tableau 12.

Tableau 16. Lipides polaires caractéristiques de la membrane des 14 espèces et deux sous espèces étudiées.

Espèce	PE	PI	PC	PG	PIM	DPG	GL
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	+	+	-	-	+	+	-
<i>S. azurea</i> (Runmao, 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	+	-	+	-	+	+

Tableau 17. (Suite). Lipides polaires caractéristiques de la membrane des 14 espèces et deux sous espèces étudiées.

Espèce	PE	PI	PC	PG	PIM	DPG	GL
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	+	-	-	-	-	+	-
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	+	-	-	-	-	-	-
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	+	+	+	-	-	+	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	+	+	+	+	+	+	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wan, 2003).	+	+	-	+	-	+	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	+	-	+	+	-	+	-
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	+	+	-	+	-	+	-
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018).	+	+	-	+	+	+	-
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	+	+	-	+	-	+	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	-	+	-	+	-	-	+
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	+	+	+	+	-	+	-
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	+	-	+	-	-	-	-
Fréquence %	12/15 80	10/15 66,66	5/15 33,33	9/15 60	3/15 20	11/15 73,33	2/15 13,33

PE : phosphatidyléthanolamine; **PI** : phosphatidylinositol; **PC** : phosphatidylcholine;

PG : phosphatidylglycérol; **PIM** : phosphatidylinositol-mannoside; **DPG** : diphosphatidylglycerol; **GL** : glycolipides.

Il existe d'autres phospholipides caractéristiques de la membrane plasmique mentionnés dans le tableau 12.

Tableau 18. Lipides polaires caractéristiques de la membrane plasmique des 14 espèces et deux sous espèces étudiées (la suite).

Espèce	PME	LPE	LPG	PL (U)	HPE	NPG	AL	AP
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	-	-	-	-	-	-	+	+
<i>S. azurea</i> (Runmao, 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	-	-	+	-	+	-	-
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	-	+	-	-	+	-	-	-
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	+	+	-	+	+	-	-	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	+	-	+	+	-	-	-	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wan, 2003).	-	-	-	-	+	-	-	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	+	-	-	+	+	+	-	-
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018).	+	-	-	+	-	-	-	-

Tableau 19. (Suite). Lipides polaires caractéristiques de la membrane plasmique des 14 espèces et deux sous espèces étudiées (la suite).

Espèce	PME	LPE	LPG	PL (U)	HPE	NPG	AL	AP
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	-	-	-	+	-	-	-	-
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	-	-	-	+	-	-	-	-
Fréquence %	4/15 26,66	2/15 13,33	1/15 6,66	7/15 46,66	4/15 26,66	3/15 20	1/15 6,66	1/15 6,66

PME : phosphatidylmonométhyl-ethanolamine; **HPE**: hydroxyphosphati dylethanolamine; **NPG**: ninhydrin-positive phosphoglycolipid; **LPE**: lyso-phosphatidylethanolamine; **PL (U)** : lipides inconnus **LPG**: lysophosphatidyl glycerol; **AL** : acyl-lysophospholipides; **AP** : acyl-phosphatidyléthanolamines.

Les deux tableaux ci-dessus représentent les résultats de l'étude chimiotaxonomique des phospholipides des espèces étudiées. Plus de la moitié des espèces du *Saccharomonospora* contiennent du **PE** : phosphatidyléthanolamine (80%), **PI** : phosphatidylinositol (66,66%), **PC** : phosphatidylcholine (33,33%), **PG** : phosphatidylglycérol (60%), **DPG** : diphosphatidylglycerol (73,33), et les lipides inconnus (46,66%).

Il n'y avait que trois types de lipides polaires présents dans une seule espèce chacun : La teneur en **AL** : acyl-lysophospholipides et **AP** : acyl-phosphatidyléthanolamines est très faible (6,66%), où ils sont trouvés seulement chez *S. amisosensis*, et **LPG**: lysophosphatidyl glycerol pour *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis* (6,66%).

3.1.4 Ménaquinones

Les principaux ménaquinones localisées dans la paroi cellulaire des quatorze espèces et deux sous espèces sont présentées dans le tableau 13 et le tableau 14.

Tableau 20. Les ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire des espèces et deux sous espèces de *Saccharomonospora* (présence/absence).

Espèce	MK-7(H ₂)	MK-7(H ₄)	MK-8(H ₂)	MK-8(H ₄)	MK-8(H ₆)
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	-	+	-	+	-

Tableau 21. (Suite). Les ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire des espèces et deux sous espèces de *Saccharomonospora* (présence/absence).

Espèce	MK-7(H ₂)	MK-7(H ₄)	MK-8(H ₂)	MK-8(H ₄)	MK-8(H ₆)
<i>S. azurea</i> (Runmao, 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	-	-	+	-
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	-	-	-	+	-
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	-	-	-	+	-
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	-	-	-	+	-
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	-	+	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	+	+	+
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wan, 2003).	-	-	-	-	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	-	-	+	-
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	-	-	-	+	-

Tableau 22. (Suite). Les ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire des espèces et deux sous espèces de *Saccharomonospora* (présence/absence).

Espèce	MK-7(H ₂)	MK-7(H ₄)	MK-8(H ₂)	MK-8(H ₄)	MK-8(H ₆)
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018).	-	-	-	+	-
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	-	-	-	+	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsi n <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	-	-	-	+	+
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	-	-	-	+	-
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	+	+	-	+	-
Fréquence %	1/15 6,66	2/15 13,33	1/15 6,66	14/15 93,33	2/15 13,33

Il existe d'autres ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire mentionnés dans le tableau 14.

Tableau 23. Les ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire des espèces et deux sous espèces de *Saccharomonospora* (présence/absence) (la suite).

Espèce	MK-9(H ₂)	MK-9(H ₄)	MK-9(H ₆)	MK-10(H ₄)
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	-	+	-	-
<i>S. azurea</i> (Runmao, 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	+	-	-
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	-	+	-	-
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	-	+	-	-

Tableau 24. (Suite). Les ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire des espèces et deux sous espèces de *Saccharomonospora* (présence/absence) (la suite).

Espèce	MK-9(H ₂)	MK-9(H ₄)	MK-9(H ₆)	MK-10(H ₄)
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	-	+	-	-
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	+	+	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	+	+	-	+
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wan, 2003).	+	+	-	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	+	+	-
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	-	+	-	-
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018).	-	+	-	-
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	-	+	-	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	-	+	+	-
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	+	+	-	-

Tableau 25. (Suite). Les ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire des espèces et deux sous espèces de *Saccharomonospora* (présence/absence) (la suite).

Espèce	MK-9(H ₂)	MK-9(H ₄)	MK-9(H ₆)	MK-10(H ₄)
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	+	+	-	-
Fréquence %	4/15 26,66	15/15 100	3/15 20	1/15 6,66

Les résultats présentés dans les tableaux précédents suggèrent que la présence de ménaquinone MK-9(H₄) et de ménaquinone MK-8(H₄) dans toutes les espèces du genre *Saccharomonospora*, à l'exception de *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica*, confirme que MK-9(H₄) est considéré comme un biomarqueur du genre, tandis que MK-8(H₄) est absent dans cette sous-espèce spécifique.

Par contre, les ménaquinones suivants sont présent avec un pourcentage de 6,66% chez des espèces différents : MK-7(H₂) pour *S. xinjiangensis*, MK-8(H₂) et MK-10(H₄) pour *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis*.

3.1.5 Les acides gras

Les tableaux de 15 à 21 montrent la composition en acides gras de la membrane pour les 14 espèces et deux sous-espèces étudiées.

Tableau 26. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées.

Espèce	C _{12:0}	C _{14:0}	C _{15:0}	C _{16:0}	C _{17:0}	C _{18:0}	iso-C _{14:0}
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	-	+	+	+	+	+	+
<i>S. azurea</i> (Runmao, 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	+	+	+	+	-	-
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	-	-	+	+	-	-	+
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	-	-	+	+	+	-	-
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	-	-	+	+	-	+	+

Tableau 27. (Suite). Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées.

Espèce	C_{12:0}	C_{14:0}	C_{15:0}	C_{16:0}	C_{17:0}	C_{18:0}	iso-C_{14:0}
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	+	+	+	+	+	+	+
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	+	-	-	-	-	+
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wen, 2003).	-	-	-	+	-	+	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	-	-	-	-	-	+
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	-	+	+	+	+	+	+
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018)	-	+	-	-	-	-	+
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	-	-	+	+	-	-	-
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	-	-	-	+	+	-	-
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998).	-	-	+	+	+	-	-
Fréquence %	1/15	6/15	9/15	11/15	7/15	5/15	8/15
	6,66	40	60	73,33	46,66	33,3	53,33

Le tableau 16 répertorie d'autres acides gras qui sont présents dans la composition cellulaire.

Tableau 28. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	C _{15:0} 2-OH	C _{15:1} B	C _{16:1}	C _{16:0} 2-OH	C _{16:1} <i>cis</i> 9	C _{17:1}	C _{17:1} <i>cis</i> 9	C _{18:1}	C _{18:1} <i>cis</i> 9
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	-	+	-	-	+	-	+	-	+
<i>S. azurea</i> (Runmao, 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	+	+	-	-	+	-	-	-	-
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	+	+	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	-	-	-	-	+	-	+	-	-
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	+	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	+	+	-	+	-	-	+
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wen, 2003).	-	-	+	-	-	-	-	+	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Tableau 29. (Suite). Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	C_{15:0} 2-OH	C_{15:1} B	C_{16:1}	C_{16:0} 2-OH	C_{16:1} cis 9	C_{17:1}	C_{17:1} cis 9	C_{18:1}	C_{18:1} cis 9
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	-	+	-	-	+	-	+	-	-
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	+	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Fréquence %	4/15 26,66	4/15 26,66	2/15 13,33	1/15 6,66	4/15 26,66	1/15 6,66	3/15 20	1/15 6,66	2/15 13,33

D'autres acides gras spécifiques à la composition cellulaire aussi sont répertoriés dans le tableau 17.

Tableau 30. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	C_{15:1} w6c	C_{16:1} w9c	C_{17:0} w8c	C_{17:1} w6c	C_{17:1} w9c	C_{18:1} w9c
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	-	-	-	-	-	-
<i>S. azurea</i> (Runmao, 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	+	-	-	+	-

Tableau 31. (Suite). Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	C_{15:1} w6c	C_{16:1} w9c	C_{17:0} w8c	C_{17:1} w6c	C_{17:1} w9c	C_{18:1} w9c
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	-	-	-	-	+	-
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	-	-	-	-	-	-
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	-	+	-	-	-	-
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	-	+	-	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	-	-	-	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wen, 2003).	-	-	-	-	-	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	+	-	+	+	-	-
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	+	-	-	+	-	+
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018)	+	-	-	+	-	-
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	-	-	-	+	-	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	-	-	-	-	-	-
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	-	-	-	+	-	+
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	-	-	-	+	-	-
Fréquence %	3/15	2/15	1/15	7/15	5/15	2/15
	20	13,33	6,66	46,66	33,33	13,33

Le tableau 18 répertorie la suite des acides gras présents dans la composition cellulaire.

Tableau 32. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	iso-C _{16:0}	iso-C _{16:1}	Iso-C _{16:1} H	iso-C _{16:0} 2-OH	iso-C _{17:0}	iso-C _{17:0} 2-OH	iso-C _{17:1}	iso-C _{18:0}
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	+	-	+	+	+	-	-	+
<i>S. azurea</i> (Runmao, 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	+	-	+	+	+	-	-	-
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	+	-	+	+	-	-	-	-
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	+	-	-	+	+	-	-	-
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	+	-	+	+	+	-	-	+
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	+	-	-	-	+	+	-	+
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	-	-	+	-	-	+
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wen, 2003).	+	+	-	-	+	-	+	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	+	-	+	-	+	-	-	-
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	+	-	+	+	+	-	-	-
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018)	+	-	+	-	+	-	-	+

Tableau 33. (Suite). Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	iso-C _{16:0}	iso-C _{16:1}	Iso-C _{16:1} H	iso-C _{16:0} 2-OH	iso-C _{17:0}	iso-C _{17:0} 2-OH	iso-C _{17:1}	iso-C _{18:0}
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	+	-	-	-	+	-	-	+
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	+	-	+	+	+	-	-	+
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	+	-	+	-	+	-	-	+
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	+	-	-	-	-	-	-	-
Fréquence %	14/15	1/15	9/15	7/15	13/15	1/15	1/15	8/15
	93,33	6,66	60	46,66	86,66	6,66	6,66	53,33

Le tableau 19 représente les acides gras qui font partie de la membrane cellulaire chez le genre *Saccharomonospora*.

Tableau 34. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	anteiso-C _{15:0}	anteiso-C _{15:0} 2-OH	anteiso-C _{16:0}	anteiso-C _{17:0}	anteiso-C _{17:1} C
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	-	-	-	+	-
<i>S. azurea</i> (Runmao, 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	+	+	+	-	-
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	+	-	-	+	-
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	+	-	-	+	-
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	+	+	-	+	-
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	+	+	-	+	+

Tableau 35. (Suite). Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	anteiso- C _{15:0}	anteiso- C _{15:0} 2-OH	anteiso- C _{16:0}	anteiso- C _{17:0}	anteiso- C _{17:1} C
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	+	-	-	+	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wen, 2003).	-	+	-	+	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	-	-	+	-
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	-	+	-	+	-
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018)	-	+	-	+	-
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	-	-	-	-	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	-	+	-	+	-
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	-	-	-	+	-
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	-	-	-	-	-
Fréquence %	7/15	6/15	1/15	12/15	1/15
	46,66	40	6,66	80	6,66

La suite des caractéristiques est dans le tableau 20.

Tableau 36. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	iso- C _{15:0}	iso- C _{17:1} w9c	anteiso- C _{17:0} 2-OH	10- Methyl C _{16:0}	10- Methyl C _{17:0}	C _{17:1} cis 9	C _{17:1} w8c
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	+	-	-	+	-	+	-

Tableau 37. (Suite). Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	iso- C _{15:0}	iso- C _{17:1} w9c	anteiso- C _{17:0} 2-OH	10- Methyl C _{16:0}	10- Methyl C _{17:0}	C _{17:1} cis 9	C _{17:1} w8c
<i>S. azurea</i> (Runmao, 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	+	-	-	-	-	-	-
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	+	-	-	-	-	-	-
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	+	-	-	-	-	+	-
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	+	-	-	-	-	-	-
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	+	-	+	+	-	-	+
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	-	-	-	-	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wen, 2003).	+	-	-	-	-	-	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	+	-	-	-	-	-	+
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	+	-	-	+	+	+	+
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018)	+	+	-	+	+	-	+
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	+	-	-	-	-	-	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	+	-	-	-	-	-	-
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	+	-	-	-	-	-	+

Tableau 38. (Suite). Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	iso- C _{15:0}	iso- C _{17:1} w9c	anteiso- C _{17:0} 2-OH	10- Methyl C _{16:0}	10- Methyl C _{17:0}	C _{17:1} cis 9	C _{17:1} w8c
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	-	-	-	-	-	-	+
Fréquence %	13/15	1/15	1/15	4/15	2/15	3/15	6/15
	86,66	6,66	6,66	26,66	13,33	20	40

Le tableau 21 présente le reste des acides gras caractéristiques du genre *Saccharomonospora*.

Tableau 39. Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	C _{14:1} w5c	C _{16:1} w6c	C _{16:1} w7c	C _{16:1} w9c	C _{17:1} w9c
<i>S. amisosensis</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013).	-	-	-	-	-
<i>S. azurea</i> (Runmao, 1987). (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	-	-	+	+
<i>S. colocasiae</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017).	-	-	-	-	+
<i>S. cyanea</i> (Runmao <i>et al.</i> , 1988).	-	-	-	-	+
<i>S. glauca</i> (Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988). (Yoon <i>et al.</i> , 2000).	-	-	-	+	+
<i>S. halophila</i> (Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	-	-	-
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i> (Ruan <i>et al.</i> , 1994). (Tang <i>et al.</i> , 2011).	-	-	-	-	-

Tableau 40. (Suite). Acides gras caractéristiques de la membrane cellulaire des espèces étudiées (la suite).

Espèce	C_{14:1 w5c}	C_{16:1 w6c}	C_{16:1 w7c}	C_{16:1 w9c}	C_{17:1 w9c}
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i> (Wen, 2003).	-	-	-	-	-
<i>S. marina</i> (Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013). (Liu <i>et al.</i> , 2010). (Zhang <i>et al.</i> , 2013). (Klenk <i>et al.</i> , 2012).	-	+	+	-	-
<i>S. oceani</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2013).	+	+	-	-	-
<i>S. piscinae</i> (Tseng <i>et al.</i> , 2018)	+	+	+	-	-
<i>S. saliphila</i> (Syed <i>et al.</i> , 2008).	-	-	-	-	-
<i>S. viridis</i> (Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017). (Embley <i>et al.</i> , 1988). (Pati, 2009).	-	-	-	-	+
<i>S. xiaoerkulensis</i> (Li <i>et al.</i> , 2016).	-	-	-	-	-
<i>S. xinjiangensis</i> (Jin <i>et al.</i> , 1998). (Lieu <i>et al.</i> , 2010).	-	-	-	-	-
	2/15	3/15	2/15	2/15	5/15
Fréquence %	13,33	20	13,33	13,33	33,33

D'après les résultats remportés, aucun acide gras n'est présent chez toutes les espèces en tant qu'un biomarqueur. En revanche, les acides gras

C_{15:0}, C_{16:0}, iso-C_{15:0}, iso-C_{16:0}, iso-C_{16:1 H}, iso-C_{17:0} et anteiso-C_{17:0} sont présent chez la majorité des espèces.

Il existe uniquement quatre espèces qui possèdent chacune des acides gras spécifiques : *S. halophila* présente les acides gras anteiso C_{17:0} 2-OH, C_{17:1}, C_{12:0}, anteiso C_{17:1} C, iso-C_{17:0} 2-OH, C_{16:0} 2-OH ; *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica* présente les acides gras anteiso-C_{16:1}, C_{18:1} ; *S. piscinae* présente l'acide gras iso-C_{17:1} w9c ; enfin, *S. marina* présente l'acide gras C_{17:0} w8c.

3.1.6 Résultats de l'étude de distance (calculé à la base de coefficient de *Dice* et *Ochiai*)

En utilisant deux coefficients l'indice de *Dice* et l'indice d'*Ochiai*, le taux de similarité entre les espèces étudiées et *Saccharomonospora piscinae*, l'espèce de référence, a été calculé. Cette évaluation a été effectuée à l'aide d'une matrice de distance, et les résultats ont été présentés dans le tableau 22 et le tableau 23.

Le taux de similarité entre les espèces étudiées et l'espèce de référence en utilisant le Coefficient de *Dice* est illustré dans le tableau 22. Où les espèces qui présentent un taux de similarité plus élevés par rapport à *S. piscinae* sont les suivants : *S. oceani* (70,96%), *S. xiaoerkulensis* (67,85%).

Tableau 41. Pourcentages de similarité obtenus par l'indice de *Dice*.

Paire des séquences	M ₁₁	M ₀₁	M ₁₀	M ₀₀	Coefficient de <i>Dice</i>	Pourcentage de similarité
					$D = \frac{2M_{11}}{(2M_{11} + M_{01} + M_{10})}$	
<i>S. piscinae</i> / <i>S. piscinae</i>	31	0	0	55	1	100%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. amisosensis</i>	14	22	17	33	0,4179	41,79%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. azurea</i>	13	18	18	37	0,4193	41,93%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. cyanea</i>	9	11	22	44	0,3529	35,29%
<i>S. Piscinae</i> / <i>S. colocasiae</i>	14	8	17	47	0,5283	52,83%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. glauca</i>	13	11	18	44	0,4727	47,27%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. halophila</i>	23	22	8	33	0,6052	60,52%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i>	16	11	15	44	0,5517	55,17%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i>	13	9	18	46	0,4905	49,05%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. marina</i>	19	15	12	40	0,5846	58,46%

Tableau 42. (Suite). Pourcentages de similarité obtenus par l'indice de *Dice*.

Paire des séquences	M ₁₁	M ₀₁	M ₁₀	M ₀₀	Coefficient de <i>Dice</i> $D = \frac{2M_{11}}{(2M_{11} + M_{01} + M_{10})}$	Pourcentage de similarité
<i>S. piscinae</i> / <i>S. oceani</i>	22	9	9	46	0,7096	70,96%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. saliphila</i>	12	2	19	53	0,5333	53,33%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. viridis</i>	15	14	16	41	0,5	50%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. xiaoerkulensis</i>	19	6	12	49	0,6785	67,85%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. xinjiangensis</i>	11	10	20	45	0,4230	42,33%

Le taux de similarité entre les espèces étudiées et l'espèce de référence en utilisant le Coefficient d'Ochiai est illustré dans le tableau 23. Dont les espèces qui présentent un taux de similarité plus élevés par rapport à *S. piscinae* sont les suivants : *S. oceani* (70,96%), *S. xiaoerkulensis* (68,25%).

Tableau 43. Pourcentages de similarité obtenus par l'indice d'*Ochiai*.

Paire des séquences	M ₁₁	M ₀₁	M ₁₀	M ₀₀	Coefficient d' <i>Ochiai</i> $D = \frac{2M_{11}}{(2M_{11} + M_{01} + M_{10})}$	Pourcentage de similarité
<i>S. piscinae</i> / <i>S. piscinae</i>	31	0	0	55	1	100%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. amisosensis</i>	14	22	17	33	0,4190	41,90%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. azurea</i>	13	18	18	37	0,4193	41,93%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. cyanea</i>	9	11	22	44	0,3614	36,14%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. colocasiae</i>	14	8	17	47	0,5360	53,60%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. glauca</i>	13	11	18	44	0,4766	47,66%
<i>S. Piscinae</i> / <i>S. halophila</i>	23	22	8	33	0,6158	61,58%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i>	16	11	15	44	0,5530	55,30%

Tableau 44. (Suite). Pourcentages de similarité obtenus par l'indice d'*Ochiai*.

Paire des séquences	M ₁₁	M ₀₁	M ₁₀	M ₀₀	Coefficient d' <i>Ochiai</i>	Pourcentage de similarité
					$D = \frac{2M_{11}}{(2M_{11} + M_{01} + M_{10})}$	
<i>S. piscinae</i> / <i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i>	13	9	18	46	0,4977	49,77%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. marina</i>	19	15	12	40	0,5852	58,52%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. oceani</i>	22	9	9	46	0,7096	70,96%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. xinjiangensis</i>	11	10	20	45	0,4311	43,11%

À l'aide du logiciel *PAST3*, une analyse des clusters hiérarchiques a été effectuée sur la matrice de distance utilisée dans cette étude chimiotaxonomique afin de construire des dendrogrammes de classification ascendante hiérarchique (CAH) basés sur les deux coefficients de *Dice* et *Ochiai*. Les résultats obtenus ont été présentés dans la figure 22 et la figure 23.

Le dendrogramme de (CAH) (figure 22) représentant les distances évolutives de similarité entre les espèces de *Saccharomonospora* (à la base d'indice de *Dice*). Dont les espèces les plus proches sont : *oceani* (70,96%), *S. xiaoerkulensis* (67,85%) et les plus lointaines sont : *S. amisosensis* (41,79%), *S. cyanae* (35,29%).

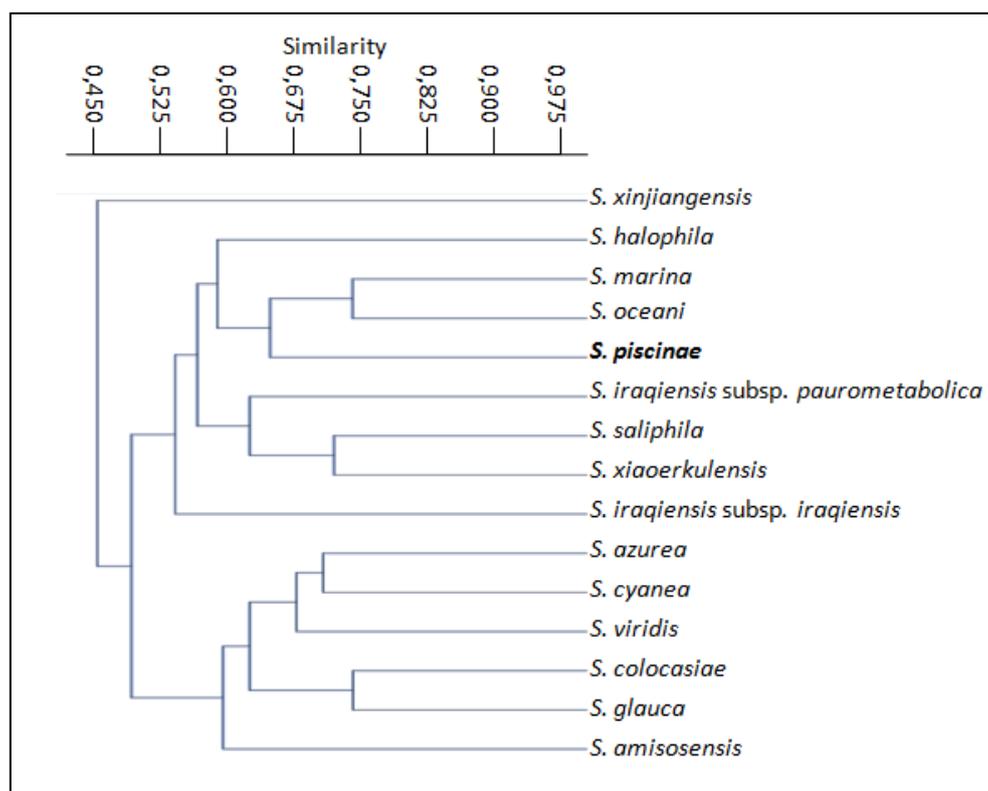


Figure 22. Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de *Saccharomonospora* (à la base d'indice de *Dice*) en fonction des caractères chimiotaxonomiques (présent/absent).

Le dendrogramme de (CAH) (figure 23) représentant les distances évolutives de similarité entre les espèces de *Saccharomonospora* (à la base d'indice d'Ochiai). Dont les espèces les plus proches sont : *S. oceani* (70,96%), *S. xiaoerkulensis* (68,25%) et les plus lointaines sont : *S. amisosensis* (41,90%), *S. cyanea* (36,14%).

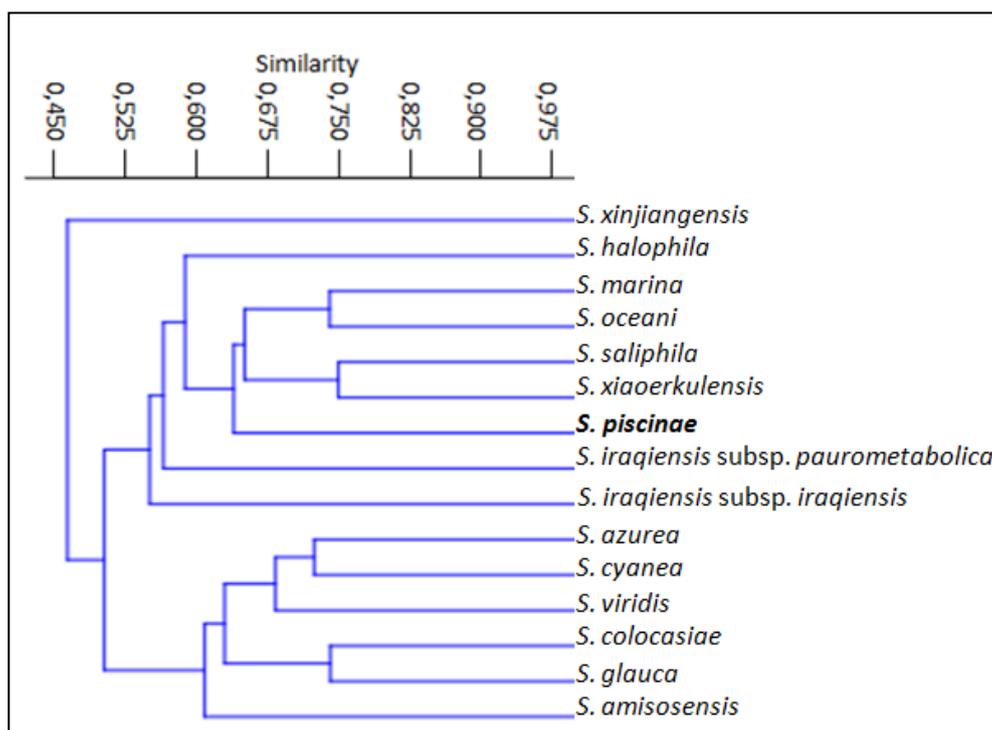


Figure 23. Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de *Saccharomonospora* (à la base d'indice d'*Ochiai*) en fonction des caractères chimiotaxonomiques (présent/absent).

Les espèces les plus similaires à *S. piscinae* du genre *Saccharomonospora* ont été déterminées en calculant leur similarité basée sur le coefficient de *Dice*, et sont présentées dans un ordre décroissant de similarité. Selon les résultats obtenus, ces espèces sont : *S. oceani* (70,96%), *S. xiaoerkulensis* (67,85%), *S. halophila* (60,52%), *S. marina* (58,46%), *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis* (55,17%), *S. saliphila* (53,33%), *S. colocasiae* (52,83%), *S. viridis* (50%), *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica* (49,05%), *S. glauca* (47,27%), *S. xinjiangensis* (42,33%), *S. azurea* (41,93%), *S. amisosensis* (41,79%), et enfin *S. cyanea* (35,29%).

En outre, les résultats du calcul de similarité basé sur le coefficient d'*Ochiai* ont également été obtenus. Bien que l'ordre des espèces proches de l'espèce de référence reste presque identique et les pourcentages de similarité sont légèrement différents, avec *S. oceani* (70,96%), *S. xiaoerkulensis* (68,25%), *S. halophila* (61,58%), *S. marina* (58,52%), *S. saliphila* (57,60%), *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis* (55,30%), *S. colocasiae* (53,60%), *S. viridis* (50,02%), *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica* (49,77%), *S. glauca* (47,66%), *S. xinjiangensis* (43,11%), *S. azurea* (41,93%), *S. amisosensis* (41,90%), *S. cyanea* (36,14%).

3.2 Analyse moléculaire

Pour l'analyse moléculaire et la construction de l'arbre phylogénétique, les séquences nucléotidiques de l'ARNr 16S des espèces étudiées ont été alignées en utilisant l'algorithme « *ClustalW* » (Thompson *et al.*, 1994) via le logiciel *MEGA4*. La figure 24 et la figure 25 illustre les résultats avant et après l'alignement, présenté sous forme de séquences nucléotidiques.

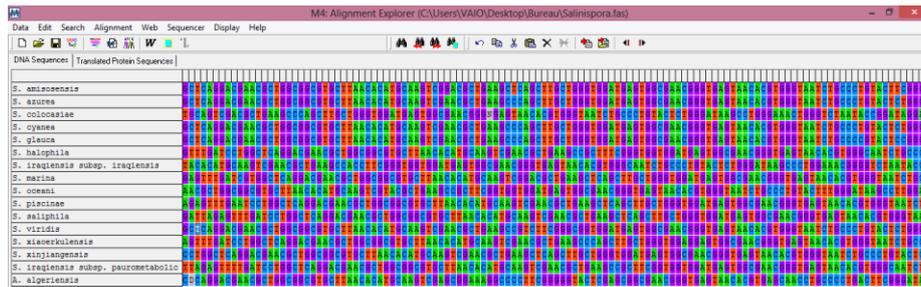


Figure 24. Séquences nucléotidiques d'ARNr 16S de 14 espèces et deux sous-espèces de *Saccharomonospora* avec le groupe extérieur *Actinopolyspora algeriensis* avant l'alignement.



Figure 25. Séquences nucléotidiques d'ARNr 16S de 14 espèces et deux sous-espèces de *Saccharomonospora* avec le groupe extérieur *Actinopolyspora algeriensis* après l'alignement.

Les séquences nucléotidiques des espèces étudiées ont été alignées, puis utilisées pour construire un arbre phylogénétique par Kimura-deux paramètres (Kimura, 1980) comme modèle substitutionnel et le Maximum de parcimonie (Kannan et Wheeler, 2012) comme méthode statistique. Les résultats obtenus sont présentés dans la figure 26.

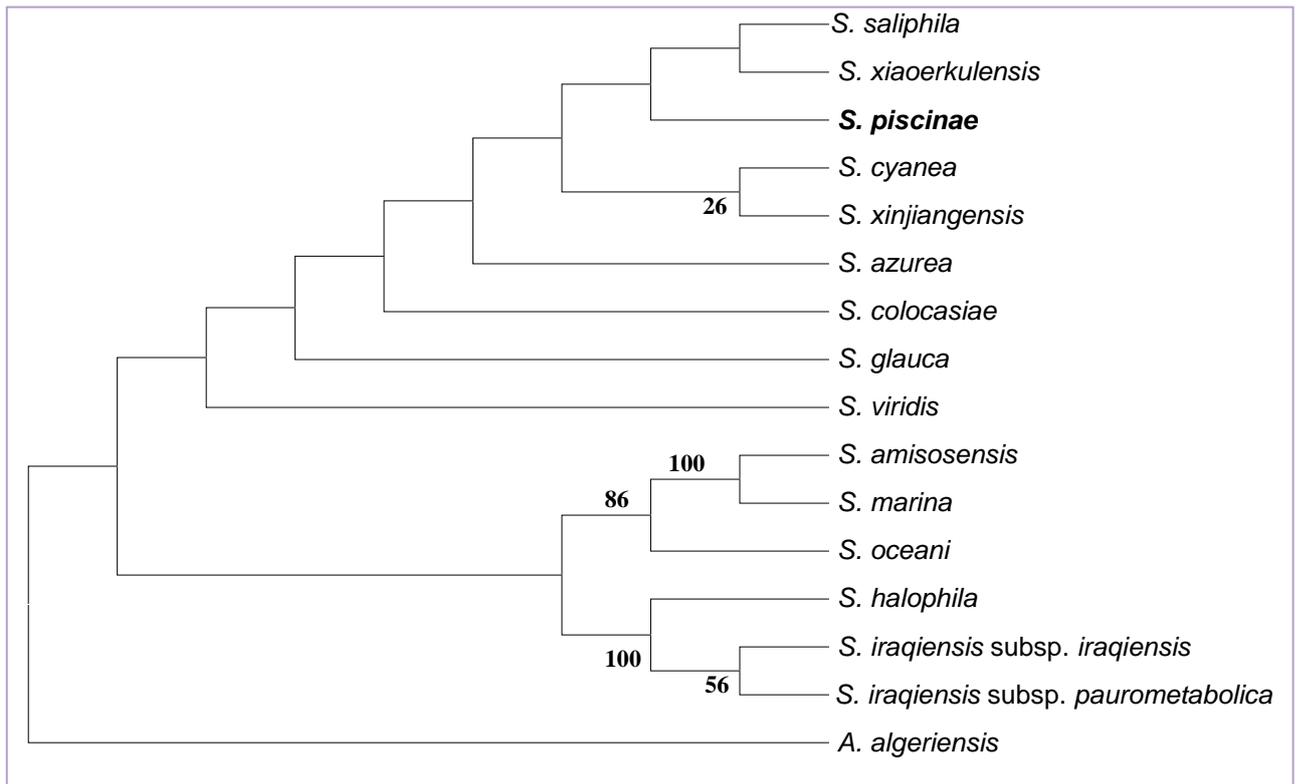


Figure 26. Dendrogramme de type *Maximum de parcimonie* représentant les distances évolutives entre les espèces par l'utilisation de *MEGA4*.

En utilisant les séquences d'ARNr 16S, un arbre phylogénétique a été créé pour évaluer les distances évolutives entre les espèces étudiées. En se basant sur les résultats de cette analyse, il a été démontré que les espèces proches de *S. piscinae*, par ordre descendant sont *S. azurea*, *S. xinjiangensis*, *S. cyanea*, *S. colocasiae*, *S. glauca*, *S. saliphila*, *S. oceani*, *S. xiaoerkulensis*, *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica*, *S. amisosensis*, *S. marina*, *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis*, *S. halophila* et enfin *S. viridis*. Pour confirmer le taux de similitude de la séquence de *Saccharomonospora piscinae* avec celle des autres espèces, l'outil EZbiocloud (anciennement EzTaxon) a été utilisé, par l'introduction de sa séquence dans cette base de données. Ensuite, les séquences sont traduites en un tableau de similarité qui révèle les distances évolutives entre les différentes espèces (Tableau 24).

Tableau 45. Le degré de similarité entre *Saccharomonospora piscinae* et les autres espèces du genre *Saccharomonospora* (Yoon *et al.*, 2017).

#	Nom	Auteurs	Similarité par paires (%)	incompatibilité/ Total	Complétude (%)
1	<i>Saccharomonospora piscinae</i>	Tseng <i>et al.</i> , 2018.	100	0/1451	100
2	<i>Saccharomonospora amisosensis</i>	Veyisoglu <i>et al.</i> , 2013.	96,14	56/1449	100
3	<i>Saccharomonospora azurea</i>	Runmao, 1987.	98,27	25/1447	100
4	<i>Saccharomonospora colocasiae</i>	Wattanasuepsin <i>et al.</i> , 2017.	97,53	34/1376	95,4
5	<i>Saccharomonospora cyanea</i>	Runmao <i>et al.</i> , 1988.	97,65	34/1445	100
6	<i>Saccharomonospora glauca</i>	Greiner-Mai <i>et al.</i> , 1988.	97,44	37/1446	100
7	<i>Saccharomonospora halophila</i>	Al-Zarban <i>et al.</i> , 2002.	95,92	4/1430	100
8	<i>Saccharomonospora iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i>	Ruan <i>et al.</i> , 1994.	96,06	57/1445	100
9	<i>Saccharomonospora iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i>	Wan, 2003.	96,53	50/1443	100
10	<i>Saccharomonospora marina</i>	Liu <i>et al.</i> , 2010.	96,13	56/1447	100
11	<i>Saccharomonospora oceani</i>	Zhang <i>et al.</i> , 2013.	97,02	43/1443	99,7
12	<i>Saccharomonospora saliphila</i>	Syed <i>et al.</i> , 2008.	97,17	41/1449	100
13	<i>Saccharomonospora viridis</i>	Pati <i>et al.</i> , 2009.	95,78	61/1445	100
14	<i>Saccharomonospora xiaoerkulensis</i>	Li <i>et al.</i> , 2016.	96,96	44/1448	100
15	<i>Saccharomonospora xinjiangensis</i>	Jin <i>et al.</i> , 1998.	97,99	29/1445	100

La plateforme EZbiocloud utilise des séquences d'ARNr 16S de qualité pour effectuer des recherches basées sur la similarité dans des bases de données (Yoon *et al.*, 2017).

Les résultats obtenus fournissent un pourcentage d'ordre de similarité (calculé à partir du rapport incompatibilité/total) par rapport à l'espèce de référence. Les espèces sont ensuite

classées dans un ordre de similarité décroissant : *S. azurea* (98,27%), *S. xinjiangensis* (97,99%), *S. cyanea* (97,65%), *S. colocasiae* (97,53%), *S. glauca* (97,44%), *S. saliphila* (97,17%), *S. oceani* (97,02%), *S. xiaoerkulensis* (96,96%), *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica* (96,53%), *S. amisosensis* (96,14%), *S. marina* (96,13%), *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis* (96,06%), *S. halophila* (95,92%) et en fin *S. viridis* (95,78%).

Le tableau 25 présente une comparaison entre les résultats de similarité obtenus par deux méthodes d'analyse différentes : l'étude chimiotaxonomique, qui se base sur la présence et l'absence des molécules cellulaires, et l'étude phylogénétique, qui se base sur l'analyse des séquences d'ARNr 16S.

Tableau 46. Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude phylogénétique.

Relation par rapport à l'espèce <i>S. piscinae</i>	Etude chimiotaxonomique Coefficient de <i>Dice</i>	Etude chimiotaxonomique Coefficient d' <i>Ochiai</i>	Etude moléculaire
<i>S. piscinae</i> / <i>S. piscinae</i>	100%	100%	100%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. amisosensis</i>	41,79%	41,90%	96,14%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. azurea</i>	41,93%	41,93%	98,27%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. cyanea</i>	35,29%	36,14%	97,65%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. colocasiae</i>	52,83%	53,60%	97,53%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. glauca</i>	47,27%	47,66%	97,44%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. halophila</i>	60,52%	61,58%	95,92%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>iraqiensis</i>	55,17%	55,30%	96,06%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i>	49,05%	49,77%	96,53%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. marina</i>	58,46%	58,52%	96,13%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. oceani</i>	70,96%	70,96%	97,02%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. saliphila</i>	53,33%	57,60%	97,17%

Tableau 47. (Suite). Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude phylogénétique.

Relation par rapport à l'espèce <i>S. piscinae</i>	Etude chimiotaxonomique Coefficient de <i>Dice</i>	Etude chimiotaxonomique Coefficient d' <i>Ochiai</i>	Etude moléculaire
<i>S. piscinae</i> / <i>S. viridis</i>	50%	50,02%	95,78%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. xiaoerkulensis</i>	67,85%	68,25%	96,96%
<i>S. piscinae</i> / <i>S. xinjiangensis</i>	42,33%	43,11%	97,99 %
Ordre de similarité	PI/PIOCXAHAMAIIS ACOVIPGLXIAZA MCY	PI/PIOCXAHAMASAIICO VIIPGLXIAZAMCY	PI/PIAZXICYCOG LSAOCXAIPAM MAIHAVI

PI : *S. piscinae*, **OC** : *S. oceani*, **XA** : *S. xiaoerkulensis*, **HA** : *S. halophila*, **MA** : *S. marina*, **II** : *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis*, **SA** : *S. saliphila*, **CO** : *S. colocasiae*, **VI** : *S. viridis*, **IP** : *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica*, **GL** : *S. glauca*, **XI** : *S. xinjiangensis*, **AZ** : *S. azurea*, **AM** : *S. amisosensis*, **CY** : *S. cyanea*.

La comparaison des deux méthodes révèle que l'ordre de similarité diffère pour les différentes espèces. Il convient de souligner que l'ordre de similarité peut varier entre les deux méthodes, car chaque analyse repose sur des critères différents. Par exemple, l'analyse moléculaire se fonde exclusivement sur les séquences d'un gène particulier, l'ARN ribosomal 16S (ARNr 16S), tandis que l'analyse chimiotaxonomique prend en compte les résultats de l'expression de multiples gènes, tels que ceux impliqués dans la biosynthèse des sucres, des acides aminés, des phospholipides, des ménaquinones et des acides gras (Bouras et Fartas, 2021).

Il a été observé que certains composés cellulaires, tels que le galactose, l'arabinose, l'acide *méso*-diaminopémilique (*méso*-DAP), MK09-(H₄), étaient présents dans toutes les espèces de *Saccharomonospora* étudiées lors de l'analyse chimiotaxonomique, avec une fréquence de présence de 100%. Selon Nonomura et Ohara (1971) et Lechevalier et Lechevalier (1981), la paroi cellulaire de type IV est constituée de peptidoglycane contenant de l'acide *méso*-diaminopimélique, ainsi que d'hydrolysats cellulaires composés d'arabinose et de galactose, qui sont des sucres de type A. Selon Kroppenstedt (1985), les caractéristiques biochimiques de ce genre comprennent des ménaquinones de type 2 [MK-8(H₄), MK-9(H₄)] sont également présents. À l'exception de *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica*, toutes les espèces contiennent MK-8(H₄) selon les résultats démontrés

dans cette étude. Cette absence chez cette sous-espèce est due à un manque d'analyses chimiotaxonomiques nécessaires. De ce fait, il est recommandé de considérer ces composants comme des biomarqueurs distinctifs du genre *Saccharomonospora*.

De manière générale, les espèces de *Saccharomonospora* étudiées présentaient également d'autres composés cellulaires tels que phosphatidyléthanolamine (**PE**), phosphatidylinositol (**PI**), phosphatidylglycerol (**PG**), diphosphatidylglycerol (**DPG**), C_{15:0}, C_{16:0}, iso-C_{15:0}, iso-C_{16:0}, iso-C_{16:1} H, iso-C_{17:0} et anteiso-C_{17:0} avec une fréquence de présence comprise entre 60% et 93,33%. D'après les recherches de Kroppenstedt en 1985, il a été observé la présence des acides gras de type 2a, ainsi que des acides gras 2-hydroxy comprenant principalement des acides gras iso-branchés et 2-hydroxy-branchés à 16 atomes de carbone. De plus, le phospholipide de type 2, principalement constitué d'hydroxy- et de lyso-phosphatidyléthanolamine. En revanche, le reste des constituants n'étaient présents que dans un nombre restreint d'espèces, avec des pourcentages de présence allant de 6,66% et 53,33%. Les coefficients de *Dice* et *Ochiai* utilisé dans l'analyse chimiotaxonomique montre que l'espèce *S. oceani* présente la plus grande similitude avec *S. piscinae*, avec un pourcentage de similarité de 70,96%. Les espèces *S. xiaoerkulensis*, *S. halophila*, *S. marina*, *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis*, *S. saliphila*, *S. colocasiae*, *S. viridis*, *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica*, *S. glauca*, *S. xinjiangensis*, *S. azurea*, *S. amisosensis* et *S. cyanea* avec des pourcentages de similarité respectifs de (67,85% et 68,25%), (60,52% et 61,58%), (58,46% et 58,52%), (55,17% et 55,30%), (53,33% et 57,60%), (52,83% et 53,60%), (50% et 50,02%), (49,05% et 49,77%), (47,27% et 47,66%), (42,33% et 43,11%), (41,93% et 41,93%), (41,79% et 41,90%) et (35,29% et 36,14%).

L'étude moléculaire basée sur les séquences d'ARNr 16S traitées avec EZbiocloud révèle que les espèces les plus proches de *S. piscinae* sont *S. azurea*, *S. xinjiangensis*, *S. cyanea*, *S. colocasiae*, *S. glauca*, *S. saliphila*, *S. oceani*, *S. xiaoerkulensis*, *S. iraqiensis* subsp. *paurometabolica*, *S. amisosensis*, *S. marina*, *S. iraqiensis* subsp. *iraqiensis*, *S. halophila* et enfin *S. viridis* avec des pourcentages de similarité de (98,27%), (97,99%), (97,65%), (97,53%), (97,44%), (97,17%), (97,02%), (96,96%), (96,53%), (96,14%), (96,13%), (96,06%), (95,92%) et (95,78%), respectivement.

Les résultats de l'étude chimiotaxonomique basée sur l'indice de *Dice* et l'indice d'*Ochiai* et l'étude moléculaire basée sur les séquences du gène de l'ARNr 16S ont montré des différences dans l'ordre de similarité entre les espèces étudiées. Ces résultats suggèrent que

l'analyse chimiotaxonomique ne permet pas toujours de déterminer avec précision le rang hiérarchique des taxons étudiés.

L'utilisation des méthodes moléculaires pour la classification des microorganismes est de plus en plus courante en raison de leur précision et de leur fiabilité (malgré qu'elle soit basée sur un seul gène). En accord avec les recherches de Galluzzi *et al.*, 2007, les méthodes de diagnostic moléculaire présentent des avantages potentiels en termes de sensibilité, de spécificité, de rapidité et de rentabilité par rapport aux autres méthodes d'identification microbienne. En revanche, l'hybridation ADN-ADN devient nécessaire pour parvenir à une identification définitive de l'espèce lorsque les similarités entre les séquences de l'ADNr 16S dépassent le seuil de pourcentage requis pour la détermination d'une nouvelle espèce (Bouras et Mahdi, 2021).



Conclusion et perspectives

Conclusion et perspectives

En conclusion, notre étude a permis d'approfondir la connaissance du genre *Saccharomonospora* en utilisant deux approches: la chimiotaxonomie, basée sur les coefficients de *Dice* et *Ochiai*, et la biologie moléculaire, utilisant les séquences d'ARNr 16S. Grâce à ces deux approches, La composition biochimique de la paroi cellulaire, notamment les sucres, les acides aminés, les ménaquinones, les lipides polaires et les acides gras, a pu être identifiée, ainsi, L'analyse bio-informatique, impliquant l'utilisation d'outils tels que l'alignement par paires et multiple des séquences et l'analyse phylogénétique *via* une variété d'algorithmes et de logiciels, a permis de déterminer les distances évolutives entre les espèces et de construire des arbres phylogénétiques.

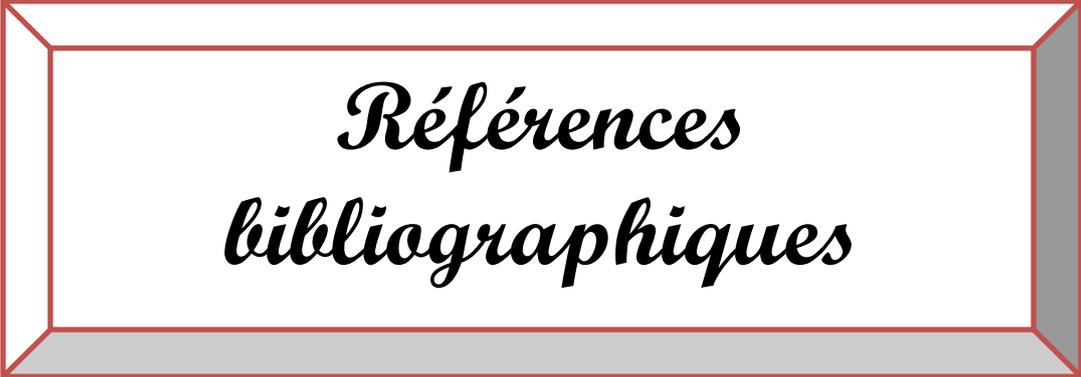
Les résultats ont montrés que la combinaison de ces deux méthodes a permis d'obtenir des informations complémentaires sur la similarité et la diversité des espèces étudiées. Les dendrogrammes de classification ascendante hiérarchique ont révélé la présence de plusieurs groupes d'espèces étroitement liées, tandis que l'analyse phylogénétique a confirmé la position taxonomique de chaque espèce dans le genre. En outre, ces méthodes ont contribuées à déterminer les espèces les plus proches de *Saccharomonospora piscinae*, *S. ociani* en utilisant les coefficients de *Dice* et *Ochiai* avec un pourcentage de 70,96%, et *S. azurea* en utilisant l'ARNr 16S avec 98,27%. De plus, les espèces identifiées comme les plus éloignées dans l'étude chimiotaxonomique sont *S. amisosensis*, *S. cyanea*, et dans l'étude moléculaire sont *S. halophila* et *S. viridis*. Ces résultats obtenus ont le potentiel d'être utilisés dans des applications biotechnologiques futures, notamment la découverte des nouveaux antibiotiques ou la production des composés d'intérêt industriel.

En somme, l'analyse chimiotaxonomique ne peut pas être considérée comme une base de classification des espèces car elle ne prend en compte qu'un nombre limité de caractéristiques biochimiques de la paroi cellulaire et ne fournit pas une vision complète de la parenté des espèces, ni d'identifier les caractéristiques génétiques communes qui pourraient être partagées par des espèces éloignées. A l'inverse, les analyses moléculaires se sont révélées être la méthode la plus précise, efficace et rapide pour établir la parenté et la classification taxonomique des espèces. Tout d'abord, elles permettent d'analyser l'ADN ou l'ARN des organismes, qui est une source d'information génétique universelle et très stable dans le temps. De plus, les techniques d'analyse moléculaire telles que la PCR (réaction de

polymérase en chaîne) et le séquençage de l'ADN ont connu des avancées technologiques majeures ces dernières années, permettant d'obtenir des résultats précis et fiables avec une grande rapidité et une très faible quantité d'échantillon. Enfin, ces analyses offrent une résolution fine des variations génétiques entre les espèces, ce qui permet d'établir des relations de parenté et des classifications taxonomiques précises.

Après avoir achevé cette étude, nous avons formulé certaines réflexions et recommandations qui pourraient être envisagées comme des perspectives pour améliorer les résultats obtenus :

- Étendre l'analyse chimiotaxonomique : L'analyse chimiotaxonomique pourrait être étendue pour inclure d'autres composants biochimiques, tels que les pigments ou les enzymes, cela permettrait d'obtenir des informations complémentaires sur les caractéristiques des différentes espèces de *Saccharomonospora*.
- Affiner l'analyse moléculaire : bien que l'étude actuelle utilise l'ARNr 16S comme marqueur moléculaire, il existe d'autres marqueurs moléculaires, tels que l'ARNr 18S, qui pourraient être utilisés pour affiner l'analyse moléculaire et améliorer la résolution taxonomique.
- Explorer d'autres indices de similarité chimiotaxonomique : tels que l'indice de *Simpson* et l'indice d'*Horn*, qui pourraient être utilisés pour évaluer la similitude entre les espèces bactériennes.
- Élargir l'étude : Cette étude pourrait être élargie en incluant un plus grand nombre d'espèces de *Saccharomonospora* après validation. Cela permettrait d'obtenir des résultats plus précis sur les relations phylogénétiques entre les différentes espèces du genre.
- Utiliser d'autres méthodes moléculaires : L'étude moléculaire pourrait être améliorée en utilisant d'autres méthodes, telles que le séquençage de l'ADN complet (l'ADN génomique). Cela permettrait d'obtenir des résultats plus fiables et plus complets.
- Utiliser des outils bioinformatiques plus avancés : permettre de mieux comprendre les relations phylogénétiques entre les différentes espèces de *Saccharomonospora* comme : *PAST 4.12b* et *MEGA11 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis11)*.



*Références
bibliographiques*

A

Abbes, S. et Bouteraa, I. *Identification phénotypique de quelques isolats d'actinobactéries présentant une activité antimicrobienne vis-à-vis des microorganismes pathogènes*, Doctoral dissertation, Université de M'sila, 2017.

Achoura, N., Hemaizia, N., & Djaballah, C. E. *Application des actinomycètes entant qu'agents de biocontrôle*, mémoire de Master, Université Larbi Ben M'Hidi Oum El Bouaghi, 2021.

Al-Zarban, S. S., Al-Musallam, A. A., Abbas, I., Stackebrandt, E., & Kroppenstedt, R. M. (2002). *Saccharomonospora halophila* sp. nov., a novel halophilic actinomycete isolated from marsh soil in Kuwait. In *International Journal Of Systematic and Evolutionary Microbiology*.

Ananou, A., & Hamames, M. *Etude de l'activité antibactérienne de quelques isolats Actinomycétales*, mémoire de Master, Université Larbi Ben M'Hidi, Oum El-Bouaghi 2018.

Arar, H. *Caractérisation phénotypique et étude préliminaire des activités enzymatiques et inhibitrices des actinomycètes du sol de Touggourt et Biskra*, mémoire de Master, université Mohamed Khider, Biskra, 2020.

B

Baldacci, E. (1962). Tendances actuelles de la classification des ac-tinomycetes. *Ann. Soc. Belge Med. Trop*, 4, 633-646.

Beghou, S., Bouti, N. E. H., & Benslama, O. *Evaluation du pouvoir antioxydant et antibactérien de quelques souches d'actinomycètes*, mémoire de Master, Université Oum El Bouaghi, Oum El Bouaghi, 2020.

Belhout, N. *Actinomycetes sahariens producteurs d'antifongiques: taxonomie et étude des antibiotiques*, Doctoral dissertation, Université Mohamed Boudiaf de M'Sila, 2012.

Belyagoubi, L. *Antibiotiques produits par des bactéries (actinomycètes et bactéries lactiques) issus de différents écosystèmes naturels Algériens*, thèse de Doctorat en substances naturelles, Activités Biologiques et Synthèse. Université Aboubaker Belkaid-Tlemcen. Pp : 170, 2014.

Bentaleb Bouchra, G. S. *Etude et sélection des actinomycètes filamenteux promoteurs de croissance de plantes, in vitro*, mémoire de Master, Université 8 mai 1945 – Guelma, 2015.

Bergey, D. H. (1994). *Bergey's manual of determinative bacteriology*. Lippincott Williams & Wilkins, USA.

Boucheffa, K. *Criblage de souches d'actinomycètes productrices d'antifongiques non-polyéniques: Identification des souches productrices et Essai de caractérisation des antifongiques produits*, Doctoral dissertation, Université Bouira, 2011.

Boudemagh A., Kitouni M., Chabbi R. *Effet PGPR de Streptomyces sp. (S2) sur les caractères morpho-biochimiques de la tomate Lycopersicon esculentum Mill. Cultivée dans le sol*, mémoire de Master, Université des Frères Mentouri, Constantine, 2019.

Boudemagh, A., & Boulahrouf, A. *Isolement, à partir des sols Sahariens, de bactéries Actinomycétales productrices de molécules antifongiques, identification moléculaire de souches active*, Thèse de Doctorat, Université Mentouri, Constantine, 2007.

Boudjelal, F., Zitouni, A., Mathieu, F., Lebrihi, A., & Sabaou, N. (2011). Taxonomy and antimicrobial activities of two novel halophilic *Saccharomonospora* strains isolated in Algerian Sahara soils. *Annals of microbiology*, 61(2), 299-305.

Boukahili, A. B., Chachoua, H., & Hamames, M. *Caractéristiques des actinomycètes et de certains de leurs métabolites bioactifs (antibiotiques et enzymes)*, 2020.

Boulegroune, S. *Contribution à l'étude des actinomycètes dans le sol de l'Algérie*, mémoire de Master, université Mohamed Khider, Biskra, 2022.

Bouras, H., Mahdi, R. *Etude des approches génomiques dans l'estimation du pouvoir métabolique chez les actinomycètes*, mémoire de Master, Université de Larbi Tebessi-Tébessa, (2021).

Bouras, S., Fartas, S. *Etude de comparaison chimiotaxonomique (à la base de coefficient de Jaccard) et moléculaire du genre Actinoalloteichus*, mémoire de Master. Université de Ghardaia, 2021.

Bousfield, I. J. (1985). Simple rapid methods of cell wall analysis as an aid in the identification of aerobic coryneform bacteria. *Chemical methods in bacterial systematics*, 221-234.

Busse, H. J., Denner, E. B., & Lubitz, W. (1996). Classification and identification of bacteria: current approaches to an old problem. Overview of methods used in bacterial systematics. *Journal of biotechnology*, 47(1), 3-38.

D

Dhanasekaran, D., & Jiang, Y. (2016). *Actinobacteria - Basics and Biotechnological Applications*. InTechOpen.

E

Elhitti, A., Ababou, P. B., Benbachir, P. M., & Boukachabine, P. K. *Activité antifongique des actinomycètes vis à vis de quelques espèces de levures*, rapport de projet de fin d'étude, université Hassan I, Casablanca – Settat, 2015.

G

Galluzzi, L., Magnani, M., Saunders, N., Harms, C., & Bruce, I. J. (2007). Current molecular techniques for the detection of microbial pathogens. *Science Progress*, 90(1), 29-50.

Garrity, G. (2007). *Bergey's Manual® of Systematic Bacteriology: Volume 2: The Proteobacteria, Part B: The Gammaproteobacteria* (Vol. 2). Springer Science & Business Media.

Goodfellow M, Minnikin DE. *Chemical Methods in Bacterial Systematics*, Academic Press, London, Orlando, San Diego, New York, Austin, Boston, Sydney, Tokyo, Toronto, pp. 221–236. 1985.

Goodfellow M., Williams S. T. (1983). Ecology of actinomycetes. *Annuals Review of Microbiology* (37) :189-216.

Greiner-mai, E. D. I. T. H., Korn-wendisch, F. E. L. I. C. I. T. A. S., & Kutzner, H. J. (1988). Taxonomic revision of the genus *Saccharomonospora* and description of *Saccharomonospora glauca* sp. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 38(4), 398-405.

Grini, I., Hafsa, S., & Bouali, H. *Les actinomycètes des écosystèmes naturels algériens (Une mise à jour)*, Doctoral dissertation, Université Larbi Tébessi-Tébessa, 2022.

H

Hamimed, R., & Bouabida, N. E. H. *Taxonomie et potentiel antimicrobien des actinomycètes halophiles*, Doctoral dissertation, Université Laarbi Tebessi, Tebessa, 2020.

Hammer, Ø., Harper, D. A. T., & Ryan, P. D. (2009). *Paleontological statistics. ver, 1*, 92.

Hammer, Ø., Harper, D. A., & Ryan, P. D. (2001). *PAST : Paleontological statistics software package for education and data analysis. Palaeontologia electronica*, 4(1), 9.

Hancock, I. C. (1994). Analysis of cell wall constituents of Gram-positive bacteria. *Chemical methods in prokaryotic systematics*, 63-84.

Hasegawa, T., Takizawa, M., & Tanida, S. (1983). A rapid analysis for chemical grouping of aerobic actinomycetes. *The Journal of General and Applied Microbiology*, 29(4), 319-322.

I

Indupalli, M. D., Muvva, V., Munaganti, R. K., & Mangamuri, U. K. (2016). *saccharomonospora oceani* vjds-3, a potent actinobacterial strain from mangrove ecosystem. *Asian J Pharm Clin Res*, 9(1), 370-373.

K

Kalgotra, P., Sharda, R., & Luse, A. (2020). Which similarity measure to use in network analysis: Impact of sample size on phi correlation coefficient and Ochiai index. *International Journal of Information Management*, 55, 102229.

Kannan, L., & Wheeler, W. C. (2012). Maximum Parsimony on Phylogenetic networks. *Algorithms for molecular biology: AMB*, 7(1), 9.

Kim, S. B., Yoon, J. H., Kim, H., Lee, S. T., Park, Y. H., & Goodfellow, M. (1995). A phylogenetic analysis of the genus *Saccharomonospora* conducted with 16S rRNA gene sequences. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 45(2), 351-356.

Khandan N.D., Janardhana G.R. (2013). Diversity And Antimicrobial Activities Of Actinomycetes Isolated From Soil Samples Of Kodagu, Karnataka State (India). *International Journal of Microbiology Research*, 5 (3), 404-409.

Kitouni, M. *Isolement de bactéries Actinomycétales productrices d'antibiotiques à partir d'écosystèmes extrêmes. Identification moléculaire des souches actives et caractérisation préliminaire des substances élaborées*, thèse de Doctorat, Université Mentouri-Constantine 1, (2007).

Klenk, H. P., Held, B., Lucas, S., Lapidus, A., Copeland, A., Hammon, N., & Woyke, T. (2012). Genome sequence of the soil bacterium *Saccharomonospora azurea* type strain (NA-128 T). *Standards in genomic sciences*, 6, 220-229.

Klenk, H. P., Lu, M., Lucas, S., Lapidus, A., Copeland, A., Pitluck, S., & Woyke, T. (2012). Genome sequence of the ocean sediment bacterium *Saccharomonospora marina* type strain (XMU15T). *Standards in genomic sciences*, 6(2), 265-275.

L

L. R. Dice, "Measures of the amount of ecologic association between species", *Ecology*, vol. 26, no. 3, pp. 297-302, Jul. 1945.

Li, D., Chen, Z. J., Luo, X. X., Xia, Z. F., Wan, C. X., & Zhang, L. L. (2016). *Saccharomonospora xiaoerkulensis* sp. nov., isolated from lake

sediment. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66(12), 5145-5149.

Li, W. J., Tang, S. K., Stackebrandt, E., Kroppenstedt, R. M., Schumann, P., Xu, L. H., & Jiang, C. L. (2003). *Saccharomonospora paurometabolica* sp. nov., a moderately halophilic actinomycete isolated from soil in China. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 53(5), 1591-1594.

Liu, Z., Li, Y., Zheng, L. Q., Huang, Y. J., & Li, W. J. (2010). *Saccharomonospora marina* sp. nov., isolated from an ocean sediment of the East China Sea. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 60(8), 1854-1857.

Lopez, P., Casane, D., & Philippe, H. (2002). Phylogénie et évolution moléculaires-Bio-informatique (5). *médecine/sciences*, 18(11), 1146-1154.

M

Meier-Kolthoff, J. P., Lu, M., Huntemann, M., Lucas, S., Lapidus, A., Copeland, A., & Klenk, H. P. (2013). Genome sequence of the chemoheterotrophic soil bacterium *Saccharomonospora cyanea* type strain (NA-134T). *Standards in Genomic Sciences*, 9(1), 28-41.

Menasria, N. E. H., Meziane, A. R. R., & Djaballah, C. E. *Isolement et screening des actinobactéries à partir des écosystèmes extrêmement salins*, mémoire de Master, Université Oum El Bouaghi, Oum El Bouaghi. (2020).

P

Paleontological Statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica* 4(1): 9 pp.

Pati, A., Sikorski, J., Nolan, M., Lapidus, A., Copeland, A., Glavina Del Rio, T., & Klenk, H. P. (2009). Complete genome sequence of *Saccharomonospora viridis* type strain (P101^T). *Standards in Genomic Sciences*, 1(2), 141-149.

Pepper, I. L., & Gentry, T. J. (2015). Earth environments. In *Environmental microbiology* (pp. 59-88). Academic Press.

Philippe, N. *Mécanismes moléculaires de l'adaptation au cours de 20 000 générations d'évolution expérimentale chez Escherichia coli*, Doctoral dissertation, Université Joseph-Fourier-Grenoble I, 2006.

R

Ramírez-Durán, N., de la Haba, R. R., Vera-Gargallo, B., Sánchez-Porro, C., Alonso-Carmona, S., Sandoval-Trujillo, H., & Ventosa, A. (2020). Draft Genome Sequence of *Saccharomonospora piscinae* KCTC 19743^T, an Actinobacterium

Containing Secondary Metabolite Biosynthetic Gene Clusters. *Microbiology Resource Announcements*, 9(15), e01588-19.

Ramírez-Durán, N., de la Haba, R. R., Vera-Gargallo, B., Sánchez-Porro, C., Alonso-Carmona, S., Sandoval-Trujillo, H., & Ventosa, A. (2021). Taxogenomic and comparative genomic analysis of the genus *Saccharomonospora* focused on the identification of biosynthetic clusters PKS and NRPS. *Frontiers in Microbiology*, 12, 603791.

Ruan, J. S., Al-Tai, A. M., Zhou, Z. H., & Qu, L. H. (1994). *Actinopolyspora iraqiensis* sp. nov., a new halophilic actinomycete isolated from soil. *International journal of systematic bacteriology*, 44(4), 759-763.

Runmao, H. U. (1987). *Saccharomonospora azurea* sp. nov., a new species from soil. *International journal of systematic bacteriology*, 37(1), 60-61.

Runmao, H. U., Lin, C., & Guizhen, W. (1988). *Saccharomonospora cyanea* sp. nov. *International journal of systematic bacteriology*, 38(4), 444-446.

S

Schleifer, K. H. (1985). 5 Analysis of the chemical composition and primary structure of murein. In *Methods in microbiology* (Vol. 18, pp. 123-156). Academic Press.

Selmane R., Oudjertli Z. *actinobacteries des sols arides: agents promoteurs en agriculture et dans la production d'antibiotiques*, diplôme de Master en biologie moléculaire des microorganismes, Université des Frères Mentouri Constantine, 2021.

Sowani, H., Kulkarni, M., Zinjarde, S., & Javdekar, V. (2017). *Gordonia* and related genera as opportunistic human pathogens causing infections of skin, soft tissues, and bones. In *The microbiology of skin, soft tissue, bone and joint infections* (pp. 105-121). Academic Press.

Stanek JL, Roberts GD. Simplified approach to identification of aerobic actinomycetes by thin-layer chromatography. *Applied Microbiology* 1974;28:226–31.

Syed, D. G., Tang, S. K., Cai, M., Zhi, X. Y., Agasar, D., Lee, J. C., & Li, W. J. (2008). *Saccharomonospora saliphila* sp. nov., a halophilic actinomycete from an Indian soil. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 58(3), 570-573.

T

T. Sørensen, "A method of establishing groups of equal amplitude in plant sociology based on similarity of species content and its application to analyses of the vegetation on Danish commons", *Biologiske Skrifter*, vol. 5, pp. 1-34, Jun. 1948.

Tamura, K., Dudley, J., Nei, M., & Kumar, S. (2007). *MEGA4: molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0. Molecular biology and evolution, 24(8), 1596-1599.*

Tang, S. K., Wang, Y., Klenk, H. P., Shi, R., Lou, K., Zhang, Y. J., & Li, W. J. (2011). *Actinopolyspora alba* sp. nov. and *Actinopolyspora erythraea* sp. nov., isolated from a salt field, and reclassification of *Actinopolyspora iraqiensis* Ruan *et al.*, 1994 as a heterotypic synonym of *Saccharomonospora halophila*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology, 61(7), 1693-1698.*

Thompson, J. D., Gibson, T. J., & Higgins, D. G. (2003). Multiple sequence alignment using ClustalW and ClustalX. *Current protocols in bioinformatics, (1), 2-3.*

Thompson, J. D., Higgins, D. G., & Gibson, T. J. (1994). CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic acids research, 22(22), 4673-4680.*

Tseng, M., Chiang, W. P., Liao, H. C., Hsieh, S. Y., & Yuan, G. F. (2018). *Saccharomonospora piscinae* sp. nov., a novel actinobacterium from fishpond sediment in Taiwan. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 68(5), 1418-1422.*

V

Veyisoglu, A., Sazak, A., Cetin, D., Guven, K., & Sahin, N. (2013). *Saccharomonospora amisosensis* sp. nov., isolated from deep marine sediment. *International journal of systematic and evolutionary microbiology, 63(Pt_10), 3782-3786.*

W

Wattanasuepsin, W., Intra, B., Také, A., Inahashi, Y., Euanorasetr, J., Ōmura, S., & Panbangred, W. (2017). *Saccharomonospora colocasiae* sp. nov., an actinomycete isolated from the rhizosphere of *Colocasia esculenta*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 67(11), 4572-4577.*

Williams S. T., Wellington E. M. H. (1982). Actinomycetes. In : Eds. Page A.L., Miller R.H., Keency O.R. : *Methods of Soil Analysis, part 2, Chemical and Microbiological Properties*, second ed. American. Society of Agronomy/Soil Science Society of America, Madison, pp. 969-987.

Y

Yoon, S. H., Ha, S. M., Kwon, S., Lim, J., Kim, Y., Seo, H., & Chun, J. (2017). Introducing EzBioCloud: a taxonomically united database of 16S rRNA gene sequences and whole-genome assemblies. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, *67*(5), 1613-1617.

Z

Zhang, D. F., Chen, W., He, J., Zhang, X. M., Xiong, Z. J., Sahu, M. K., & Li, W. J. (2013). *Saccharomonospora oceani* sp. nov. isolated from marine sediments in Little Andaman, India. *Antonie van Leeuwenhoek*, *103*, 1377-1384.



Annexes

Annexe I

Séquences d'ARNr 16S des quatorze espèces et deux sous-espèces de *Saccharomonospora* étudiées.

Le nom : *Saccharomonospora_amisosensis_DS3030_JN989292*

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGGACGCTGAAGCTCAGCTTGCTGGGTG
 GATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTAATCTGCCCTGTACTTCGGGATAAGCCTTGAAACG
 GGGTCTAATACCGGATAGGACACATCGTCGCATGGTGGTGTGTGGAAAGCCTTTGGGTGGTATGGGATG
 AGCCCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGGTGACGGGTAGCCGGCCTGAG
 AGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATAT
 TGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTC
 TTTCGCCCAGGACGAAGGGTTTCGGCTTGACGGTACTGGGAGAAGAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAG
 CAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAGCGTGTGCCGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTG
 TGTCACGTCTGCCGTGAAAACCTACGGCTTAACCGTGGGCGTGCGGTGGATACGGGCATCACTTGAGTT
 CGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGC
 GAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATA
 CCCTGGTAGTCCACGTGTAACCGTTGGGCGTAGGTGTGGGGTGCTGTTACGTGTCCCGTGCCGTAG
 CTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGG
 CCCGCACAAGCGGCGGAGCATGTGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGCTTGACATG
 CATCAGACGCATCCAGAGATGGGTGTTCCCTTGTGGTTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTGCTCAGC
 TCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTATGTTGCCAGCGGGTTAT
 GCCGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATG
 CCCCTTATGTCCAGGGCTTCACACATGCTACAATGGCTGGTACAGAGGGTGGCGATACCGTGAGGTGGA
 GCGAATCCCTTAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGTAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGAGTCGC
 TAGTAATCGCAGATCAGCAGTGTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTC
 ACGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCCATGGCCTAACCCACGTTGGTGGGGGGGAGTGGTTCGAAGGTGG
 GACTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA

Le nom : *Saccharomonospora_azurea_NA-128_Z38017*

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGCTGAAGCCCAGCTTGCTGGGTG
 GATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTAATCTGCCCTGTACTCTGGGATAAGCCTGGGAACT
 GGGTCTAATACCGGATAGGACACACTGCCGCATGGTGGTGTGTGGAAAGCTCCGGCGGTACAGGTTGA
 GCCCAGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGA
 GGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATAT
 GCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCCC
 TTTCGCCAGGGACGAAGCGTAAGTGACGGTACCTGGAGAAGAAGCACCGGCAACTACGTGCCAGCAG
 CCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTGTGCCGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTGTGT
 CACGTCTGCCGTGAAAACCTGCGGCTTAACCGTGGGCGTGCGGTGGATACGGGCATCACTTGAGTTCGG
 TAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAA
 GGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATAACC
 TGGTAGTCCACGCCGTAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGCGCTGTTACGTGTCCCGTGCCGTAGCTA
 ACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCC
 GCACAAGCGGCGGAGCATGTGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGCTTGACATGCAC
 CGGATCGCCTCAGAGATGGGGTTCCCTTGTGGTTCGGTGCACAGGTGGTGCATGGCTGTGCTCAGCTCG
 TGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCCCATGTTGCCAGCGGGTAATGC
 CGGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCC
 CCTTATGTCCAGGGCTTCACACATGCTACAATGGCTGGTACAGAGGGTTCGATAACCGTGAGGTGGAGC
 GAATCCCTTAAAGCCAGTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGAGTCGCTA
 GTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCAT
 GAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCCATGGCCCAACCCGCTTGCGGGGGGGAGTGGTTCGAAGGTGGGACT
 GGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTG

Le nom : *Saccharomonospora_colocasiae__S265__MF185148*

TGCAGTCGACGCTGAAGCCCAGCTTGCTGGGTGGATGAGTGGCGAACGGGNGAGTAACACGTGGGTAA
 TCTGCCCTGTA CTCTGGGATAAGCCTGGGAAACTGGGTCTAATACCGGATAGGACATTCCACCGCATGG
 TGGGGTGTGGAAAGCTCCGGCGGTACAGGTTGAGCCCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGGATGGC
 CTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCC
 AGACTCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGC
 GTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCCCTTTCGCCAGGGACGAAGCGAGAGTGACGGTACCTG
 GAGAAGAAGCACCGGCCAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGAAGCGTTGTCCGGA
 ATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTGTGTCACGTCTGCCGTGAAAACCTGCGGCTTAACCGTGG
 GCGTGCAGTGGATACGGGCATCACTTGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAA
 TGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCGGATACTGACGCTGAGGAGC
 GAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACCGTTGGGCGCTAGGTG
 TGGGGCGTGTTCACGTGTCCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGC
 AAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGCGGAGCATGTGGATTAATTTCGATGC
 AACCGAAGAACCTTACCTGGGCTTGACATGCACTGGACCGCGTAGAGATACGTCTTCCCTTGTGGCT
 GGTGCACAGGTGGTGCATGGCTGTCTGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGC
 GCAACCCCTGTCCCATGTTGCCAGCGGGTAATGCCGGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGG
 AGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACACATGCTACAATGGGC
 TGGTACAGAGGGTTCGAGACCGGTGAGGTGGAGCGAATCCCTTAAAGCCAGTCTCAGTTCGGATCGCAG
 TCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGT
 TCCCGGGCCTGTACACACCGCCGTCACGTGCAAGTTCGGTAACACCCGAAGCCCATGGCCCAACC
 CCTGT

Le nom : *Saccharomonospora_cyanea__NA-134__Z38018*

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGCTGAAGCCCAGCTTGCTGGGTG
 GATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACTGCCCCTGTA CTCTGGGATAAGCCCGGGAAAC
 TGGGTCTAATACCGGATAGGACGCCTCACCGCATGGTGGGGTGTGGAAAGTTCCGGCGGTACAGTTGA
 GCCCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGA
 GGGTGACCGGCCCACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT
 GCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCC
 TTTCCGCCCGGGACGAAGCGCAAGTACGGTACCGGGAGAAGAAGCACCGGCCAACTACGTGCCAGCAG
 CCGCGGTAATACGTAGGGTGAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTGTGT
 CACGTCTGCCGTGAAAACCTGCGGCTTAACCGTGGGCGTGCAGTGGATACGGGCATCACTTGAGTTCGG
 TAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAA
 GCGGGTCTCTGGGCCGAAACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATAACC
 TGGTAGTCCACGCCGTAACCGTGGGCGTAGGTGTGGGGTGTGTTACACGCTCCCGTCCCGTAGCTA
 ACGCATTAAAGCGCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCC
 GCACAAGCGGCGGAGCATGTGGATTAATTTCGATGCAACCGGAAGAACCTTACCTGGGCTTGACATGCAC
 CGGATCGCCTCAGAGATGGGGTTTCCCTTGTGGCTGGTGCACAGGTGGTGCATGGCTGTCTGTCAGCTCG
 TGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTGTCCCATGTTGCCAGCGGGTAATGC
 CGGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCC
 CCTTATGTCCAGGGCTTCACACATGCTACAATGGCCGGTACAGTGGGTGGCGATAACCGTGAGGTGGAGC
 GAATCCCTCAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGAGTCGCTA
 GTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCAT
 GAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCCATGGCCCAACCCTTCGGGGAGGGAGTGGTTCGAAGGTGGGACTGG
 CGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTG

Le nom : *Saccharomonospora_glauca__DSM_43769__Z38003*

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGCTGAAGCCCAGCTTGCTGGGTG
 GATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTAACTGCCCCGTA CTCCGGGATAAGCCCGGGAAAC
 TGGGTCTAATACCGGATAGGACACGCTATCGCATGGTGGTGTGTGGAAAGCTCCGGCGGTACGGGATGA
 GCCCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGA
 GGGTGACCGGCCCACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATT

GCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCCC
 TTTCGCCCCGGGACGAAGCGTAAGTGACGGTACCGGGAGAAGAAGCACCGGCCAACTACGTGCCAGCAG
 CCGCGGTAATACGTAGGGTGAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTGTGT
 CACGTCTGCCGTGAAAACCTGCGGCTTAACCGTGGGCGTGCAGGTGGATACGGGCATCACTTGAGTTCGG
 TAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAA
 GCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATAACC
 TGGTAGTCCACGCCGTAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGTGCTGTTACAGTGTCCCGTGCCGTAGCTA
 ACGCATTAAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCC
 GCACAAGCGGCGGAGCATGTGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGCTTGACATGCAC
 CGGATCGGCGTAGAGATACGTCTTCCCTTGTGGCTGGTGCACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCG
 TGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTGTCCCATGTTGCCAGCGGGTTATGC
 CGGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCC
 CCTTATGTCCAGGGCTTACACATGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGC
 GAATCCCTGAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGTAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGAGTCGCTA
 GTAATCGCAGATCAGATTGCTGCGGTGAATACGTTCGCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCAT
 GAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCCATGGCCCAACCCTTGTGGGAGGGAGTGGTGAAGGTGGGACTG
 GCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTG

Le nom : *Saccharomonospora_halophila__DSM_44411__AJ278497*

GTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGCTGAAGCCGCT
 TTCGGGTGGTGGATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGCAATCTGCCCTGTACTCTGGGATAAG
 CCTTGAAACGGGGTCTAATACCGGATGGGACACTGCTTCGCATGGGGTGGTGTGGAAAGCTTCGGCGG
 TACGGGATGAGCCCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGTGGCTACCAAGGCGACGACGGGTAGC
 CGGCCTGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGT
 GGGGAATATTGCACAATGGGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAAGGATGACGGCCTTCGGGT
 TGTAACCTCTTTCGCCCCGGGACGAAGCGTCACAGTGACGGTACCGGGAGAAGAAGCACCGGCTAACT
 ACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGTGCAGCGTGTTCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCG
 TAGGCGGTGTGTACGTCTGCCGTGAAAACCTGCGGCTTAACCGTGGGCGTGCAGGTGGATACGGGCATC
 ACTTGAGTTCGGCAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGAAC
 ACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAG
 GATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGACGCTGTTACAGTGTCC
 GTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACTCAAAGGAAT
 TGACGGGGGGCCCGCACAAGCGGCGGAGCATGTGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGG
 GCTTGACATGCACCGGATCGCCTCAGAGATGGGGTTTCCCTTGTGGCTGGTGCACAGGTGGTGCATGGC
 TGTCGTGAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTGTCCCATGTTGCC
 AGCGGGTTATGCCGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCA
 AGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACACATGCTACAATGGCCGGTACAGAGGGTGGCGAGACC
 GTGAGGTGGAGCGAATCCCTTAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGTAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAG
 TCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCGCGGGCCTTGTACACACCGC
 CCGTACGTATGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCTACGGCCCAACCCTTCGCGGGGGAGTGGTGA
 AAGTGGGACTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATC

Le nom : *Saccharomonospora_iraqiensis__DSM_44640__EF372523*

TACACATGCAAGTCGAACGCTGAAGCCACCTTCGGGTGGTGGATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACAC
 GTGGGCAATCTGCCCTGTACTCTGGGATAAGCCCTGGAAACGGGGTCTAATACCGGATAGGACATCGCC
 TCGCATGGGGTGGTGTGGAAAGCTTCGGCGGTACGGGATGAGCCCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGG
 GTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGA
 CACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGGAAGCCTGATGCAGC
 GACGCCGCGTGAAGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCGCCCCGGGACGAAGCGTAAAGTGA
 CGGTACCGGGAGAAGAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAGCG
 TTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTGTGTACAGTCTGCCGTGAAAACCTGCGGCT
 TAACCGTGGGCGTGCAGTATCAGGAGGAACACCGGTAGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGGG
 CTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCAACAGGATTAGATAACCCTGGTAGTCCACCGCGTAAAGCTTGGG
 CGTAGGTGTGGGACGCTGTTACAGTGTCCCGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAG
 TACGGCCGCAAGGCTAAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGCGGAGCATGTGGATTA

GTGGTCTGAAGGTGGGACTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCT
GGATCACCTCCTTAATC

Le nom : *Saccharomonospora_oceani__YIM_M11168__KC768771*

AACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGTACGCTGAAGCCGCTTCGGTGGTGGATGAGTGGCGA
ACGGGTGAGTAACACGTGGGTAATCTGCCCTGTACTTTGGGATAAGCCTTGGAACGGGGTCTAATACC
GGATAGGACATGCTCTCGCATGGGGGTGTGTGGAAAGCTCCGGCGGTACGGGTTGAGCCCGCGGCCTAT
CAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGGTGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCC
ACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGAATATTGCACAATGGGCG
CAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCGCCCGGGAC
GAAGGGAGACTGACGGTACCGGGAGAAGAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACG
TAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTGTGTACGTCTGCCGTG
AAAACCTGCGGCTTAACCGTGGGCGTGCCTGGATACGGGCATCACTGAGTTCGGTAGGGGAGACTG
GAATTCCTGTTGATGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTG
GGCCGATACTGACGTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACG
CTGTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGCGCTGTTACGTGTCCCGTGCCTAGCTAACGCATTAAGCG
CCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCCGACAAGCGGGC
GAGCATGTGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGCTTGACATGCGCCAGACATCCCCA
GAGATGGGGCTTCCCTTGTGGTTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCTGTCAGCTCGTGTCTGAGATGT
TGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTATGTTGCCAGCGGGTTATGCCGGGGACTCGTGG
GAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGG
GCTTCACACATGCTACAATGGCTGGTACAGAGGGTGGCGATGCCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTTAAAG
CCGGTCTCAGTTCGGATCGTAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATC
AGCAGTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTCGGTAAC
ACCCGAAGCCCATGGCCCAACCTCTTTCGGGGGGAGGGAGTGGTCTGAAGGTGGGACTGGCGATTGGGA
CGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCT

Le nom : *Saccharomonospora_piscinae__BCRC_16893__GU121457*

AGAGTTTGAATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGCTGAAGC
TCAGCTTGTGGGTGGATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTAATCTGCCCTGTACTCTGGGA
TAAGCCCGGGAAACTGGGTCTAATACCGGATAGGACGCACTCCTGCATGGGGGTGTGTGGAAAGTTCCG
GCGGTACAGGTTGAGCCCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGG
TAGCCGGCCTGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAG
CAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGGGGGATGACGGCCTTC
GGGTTGTAAACCCCTTTCGCCCGGGACGAAGCGAGAGTGACGGTACCGGGAGAAGAAGCACCGGCCAA
CTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCT
CGTAGGCGGTGTGTACGTCTGCCGTGAAAACCTGCGGCTTAAACCGTGGGCGTGCCTGGGATACGGGCA
TCACTTGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGA
ACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAAC
AGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGCGCTGTTACGTGTC
CCGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGA
ATTGACGGGGGCCCCGACAAGCGGCGGAGCATGTGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCT
GGGCTTGACATGCGCCAGACAGCCCCAGAGATGGGGTTTCCCTTGTGGTTGGTGTACAGGTGGTGCATG
GCTGTCTGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCCCATGTTG
CCAGCGGGTAATGCCGGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGT
CAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACACATGCTACAATGGCCGGTACAGAGGGTAGCGATA
CCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTTAAAGCTGGTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGCGTGA
AGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACC
GCCCGTACGTCATGAAAGTCGGTAACACCCGGAAGCCCATGGCCCAACCAGCCTTGTGCTGGGGGGAGT
GTTCTGAAGGTGGGANCTGGCGATTGGGACGAAGT

Le nom : *Saccharomonospora_saliphila__YIM_90502__DQ367416*

GATTAGAGTTTGGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGGCTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGCTGA
 AGCTCAGCTTGGTGGGTTGATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTAATCTGCCCTGTACTCTG
 GGATAAGCCCTGGAAACGGGGTCTAATACCGGATATGACATGTCTCCGCATGGGGGTGTGTGGAAAGCT
 CCGGCGGTACAGTTGAGCCCAGGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGTATGGCCTACCAAGGCGACGAC
 GGGTAGCCGGCCTGAGAGGGTGAACGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGG
 CAGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGGGGGATGACGGCC
 TTCGGGTTGTAAACCTCTTTCGCTAGGGACGAAGCCTTTCGGGGTACGGTACCTGGAGAAGAAGCACC
 GGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAGCGTGTCCGGAATTATTGGGCGTAA
 AGAGCTCGTAGGCGGTGTGTCTCGCTGCTGCCGTGAAAACCTGCGGCTTAACCGTGGGCGTGGGTGGATA
 CGGGCATCACTTGAGTTCGGCAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAG
 GAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAG
 CGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGACGCTGTTTAC
 GTGTCCCGTGGCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAA
 AGGAATTGACGGGGGCCGCAAGCGGGGAGCATGTGGATTAATTTCGATGCAACGCGAAGAACCTT
 ACCTGGGCTTGACATGCACCGGATCGCCCCAGAGATGGGGTTTCCCTTGTGGCTGGTGTACAGGTGGTG
 CATGGCTGTCGTGACTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTAT
 GTTGCCAGCGGGTAATGCCGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATG
 ACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACACATGCTACAATGGCTGGTACAGAGGGTGGC
 GATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTTAAAGCTGGTCTCAGTTCGGATCGTAGTCTGCAACTCGACTGC
 GTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAGTGTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACA
 CACCGCCGTCACGTCATGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCCGCGGCCAACCAGGGTTTCCCGGGGGG
 AGTGGTCGAAGGTGGGACTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGC
 TGGATCACCTCCTAAT

Le nom : *Saccharomonospora_viridis__NCIB_9602__Z38007*

GCTCAGGACGAACGCTGGCGGGCTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGCTGAAGCCGTCTTCGGGCGGTG
 GATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTAATCTGCCCTGTACTCTGGGATAAGCCTGGGAAACT
 GGGTCTAATACCGGATAGGACACGCTACCGCATGGTGGTGTGTGGAAAGCTTCGGCGGTACAGGATGA
 GCCCGCGCCTATCAGCTAGTTGGTGGGGTGTATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAG
 AGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATAT
 TGCACAATGGGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCC
 CTTTCGCCCGGGACGAAGCGAGAGTGACGGTACCGGGAGAAGAAGCACCGGCCAACTACGTGCCAGCA
 GCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTGTG
 TCGCGTCTGCCGTGAAAACCTGCGGCTTAACCGTGGGCGTGGGTGGATACGGGCACACTTGAGTTCGG
 TAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCAGTGGCGAA
 GGCGGGTCTCTGGGCCGAAACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCC
 TGGTAGTCCACCGCTAAACGGTGGGCGCTAGGTGTGGGATGCTGTTACGCTGTCCCGTGGCGTAGCTA
 ACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCC
 GCACAAGCGGCGGAGCATGTGGATTAATTTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTACATGCAC
 TGGACCGCGTAGAGATACGCCTTCCCTTGTGGCTGGTGCACAGGTGGTGCATGGCTGTCTGTCAGCTCG
 TGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCCCATGTTGCCAGCGGGTAATGC
 CGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCC
 CCTTATGCCAGGGCTTACACATGCTACAATGGCCAGTACAGAGGGTTGCGAGACCCTGAGGTGGAGC
 GAATCCCTTAAAGCTGGTCTCAGTTCGGATCGTAGTCTGCAACTCGACTACGTGAAGTCGGAGTCGCTA
 GTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCAT
 GAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCCATGGCCTAACCCCGTCAGGGGAGGGAGTGGTTCGAAGGTGGGACC
 GGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTG

Le nom : *Saccharomonospora_xiaoerkulensis__TRM_41495__KU511278*

AGTTTGGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGGCTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGCTGAAGCCCA
 GCTTGGTGGGTTGAGGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTAATCTGCCCTGTACTCTGGGATAA
 GCCTGGGAAACTGGGTCTAATACCGGATAGGACATGCTCTCGCATGAGGGTGTGTGGAAAGTTCCGGCG
 GTACAGGTTGAGCCCAGGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGTATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAG

CCGGCCTGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAG
 TGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGGGGGATGACGGCCTTCGGG
 TTGTAACCTCTTTCGCCCCGGGACGAAGGGAGACTGACGGTACCGGGAGAAGAAGCACCGGCTAACTA
 CGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTCGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGT
 AGGCGGTGTGTTACGTCTGCCGTGAAAACCTGCGGCTTAACCGTGGGCGTGCGGTGGATACGGGCATCA
 CTTGAGTTCGGCAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGAACA
 CCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGG
 ATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGCGCTGTTACGTGTCCCG
 TGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACTCAAAGGAA
 TTGACGGGGGGCCCGCAAGCGGCGGAGCATGTGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCT
 GGGCTTGACATGCACCGGACGCGTCCAGAGATGGGCGTTCCTTGTGGCTGGTGTACAGGTGGTGCATG
 GCTGTCTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCTATGTTG
 CCAGCGGGTAATGCCGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGT
 CAAGTCATCATGCCCTCATGTCCAGGGCTTACACATGCTACAATGGCTGGTACAGAGGGTGGCGATA
 CCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTTAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGTAGTCTGCAACTCGACTACGTGA
 AGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAGTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACC
 GCCCGTCACGTATGAAAGTCGTAACACCCGAAGCCCACGGCCCAACCCCGTGTGGGGAGGGAGTG
 GTCGAAGGTGGGACTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGAAGGGC

Le nom : *Saccharomonospora_xinjiangensis__DSM_44391__AJ306300*

CCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGCTGAAGCTCAGCTTGCTG
 GGTGGATGAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGGGTAATCTGCCCTGTACTCTGGGATAAGCCTGGG
 AAACCTGGGTCTAATACCGGATAGGACACATCACCGCATGGTGGTGTGTGGAAAGTTCCGGCGGTACAG
 GTTGAGCCCCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCC
 TGAGAGGGTGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGA
 ATATTGCACAATGGGCGCAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAA
 ACCCCTTTCGCCCCGGGACGAAGCGAAAGTGACGGTACCGGGAGAAGAAGCACCGGCCAACTACGTGCC
 AGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGGC
 GTGTGTACAGTCTGCCGTGAAAACCTGCGGCTTAACCGTGGGCGTGCGGTGGATAACGGGCATCACTTGA
 GTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGGAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGT
 GGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGAAACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTA
 GATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGCGCTGTTACGTGTCCCGTGCC
 GTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACTCAAAGGAATTGACG
 GGGCCCCGCAAGCGGCGGAGCATGTGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGCTTG
 ACATGCATCAGACGACTCCAGAGATGGGGTTTCCCTTGTGGCTGGTGCACAGGTGGTGCATGGCTGTCC
 TCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTCCCATGTTGCCAGCG
 GGTAATGCCGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTC
 ATCATGCCCCTTATGTCCAGGGCTTACACATGCTACAATGGCTGGTACAGAGGGTTGCGATACCGTGA
 GGTGGAGCGAATCCCTTAAAGCCAGTCTCAGTTCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTGCGTGAAGTCGG
 AGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGT
 CACGTATGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCATGGCCCAACCTTCCGGGGAGGGAGTGGTTCGAAGGT
 GGGACTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGG

Le nom : *Actinopolyspora_algeriensis__H19__HQ918195*

GTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGACGGCGCGCTTACACATGCAAGTCGAACGCTCGCACCCCCG
 TGTGGCTCTTTTCGAAGGGTTGGGGTGTGGGAGTGGCGGACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCC
 CGGGCGTGGGGATAACTCCGGGAAACTGGGGCTAATACCGGATGTGCTGCATGCCTCGCATGGGGTGTG
 TGGGAAAGGTTTCATYCYTGTGAGGGGGTGTTCGGCCTGGGTGGGGCTCGCGGCCATCAGCTTGTGG
 TGCGGTGAGGGCGTACCAAGGCGATGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACT
 GAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATTTGCGCAATGGGCGAAAGCCTGACG
 CAGCGACGCCGTGTGGGGGAGGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCCCTTTCGGCCCTGACGAATGTGACGG
 TAGGGGCTAAAGAAGCGCCGGTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTACGGCGCGAGCGTTG
 TCCGGATTAAGTGGGCGTAAAGGGCTCGTAGGCGGTTTGTGCGCTCGGTGGAAATGCGCAGCTCAA
 CTGGGCACGTGCGGCTGATACGGGCAGACTCGAGGGCGGTAGGGGCAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCG
 GTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGATGGCGAAGGCAGCTTGTGGGCCGTTCCCTGACGCTG

AGGAGCGAAAGCATGGGTAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCATGCTGTAAACGTTGGGCGC
TAGGTGTGGGGACCGTTGTGGTGTCCGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGAGTACGG
CCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCCGCACAAGCGGCGGAGCATGTGGATTAATTTCG
ATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACATACACCGGATTGCCTCAGAGATGGGGTTTCCCTTGT
GGCTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGTAAC
GAGCGCAACCCTTGCCTGTGTTGCCAGCGGTTTCGGCCGGGACTCGCGGGAGACTGCCGGGGTCAACT
CGGAGGAAGGCGGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACACATGCTACAATG
GCCGGTACAGAGGGTGGCGAGACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCGGAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCG
GGGTCTGCAACTCGACCCTGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATA
CGTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCATGAAAGTCGGTAACACCCTAAGCTCATGGTCCA
ACCACACGGTGTGTGGGGGCGTGGTTCGAAGGTGGGACTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTA
GCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTCCTTT

Annexe II

Matrice de similarité générée par PAST3 basée sur le coefficient de Dice des espèces appartenant au genre *Saccharomonospora*.

Similarity and distance indices															
	S. piscinae	S. amisosen	S. azurea	S. colocasias	S. cyanea	S. glauca	S. halophila	S. iraqiensis	S. iraqiensis	S. marina	S. oceani	S. saliphila	S. viridis	S. xiaoerkul	S. xinjiange
S. piscinae	1	0,41791045	0,41935484	0,52830189	0,35294118	0,47272727	0,60526316	0,55172414	0,49056604	0,58461538	0,70967742	0,53333333	0,5	0,67857143	0,42307692
S. amisosen	0,41791045	1	0,65671642	0,5862069	0,64285714	0,56666667	0,56790123	0,44444444	0,44827586	0,68571429	0,56716418	0,48	0,52307692	0,52459016	0,52631579
S. azurea	0,41935484	0,65671642	1	0,60377358	0,70588235	0,58181818	0,44736842	0,4137931	0,41509434	0,58461538	0,4516129	0,48888889	0,7	0,53571429	0,53846154
S. colocasias	0,52830189	0,5862069	0,60377358	1	0,61904762	0,73913043	0,47761194	0,44897959	0,5	0,60714286	0,49056604	0,5	0,62745098	0,55319149	0,41860465
S. cyanea	0,35294118	0,64285714	0,70588235	0,61904762	1	0,63636364	0,43076923	0,34042553	0,42857143	0,55555556	0,35294118	0,47058824	0,65306122	0,48888889	0,58536585
S. glauca	0,47272727	0,56666667	0,58181818	0,73913043	0,63636364	1	0,55072464	0,43137255	0,56521739	0,5862069	0,50909091	0,52631579	0,67924528	0,53061224	0,4
S. halophila	0,60526316	0,56790123	0,44736842	0,47761194	0,43076923	0,55072464	1	0,55555556	0,50746269	0,58227848	0,57894737	0,44067797	0,51351351	0,6	0,45454545
S. iraqiensis	0,55172414	0,44444444	0,4137931	0,44897959	0,34042553	0,43137255	0,55555556	1	0,48979592	0,45901639	0,5862069	0,53658537	0,46428571	0,61538462	0,375
S. iraqiensis	0,49056604	0,44827586	0,41509434	0,5	0,42857143	0,56521739	0,50746269	0,48979592	1	0,57142857	0,49056604	0,61111111	0,50980392	0,63829787	0,37209302
S. marina	0,58461538	0,68571429	0,58461538	0,60714286	0,55555556	0,5862069	0,58227848	0,45901639	0,57142857	1	0,73846154	0,54166667	0,53968254	0,6779661	0,43636364
S. oceani	0,70967742	0,56716418	0,4516129	0,49056604	0,35294118	0,50909091	0,57894737	0,5862069	0,49056604	0,73846154	1	0,62222222	0,46666667	0,64285714	0,38461538
S. saliphila	0,53333333	0,48	0,48888889	0,5	0,47058824	0,52631579	0,44067797	0,53658537	0,61111111	0,54166667	0,62222222	1	0,51162791	0,71794872	0,45714286
S. viridis	0,5	0,52307692	0,7	0,62745098	0,65306122	0,67924528	0,51351351	0,46428571	0,50980392	0,53968254	0,46666667	0,51162791	1	0,59259259	0,4
S. xiaoerkul	0,67857143	0,52459016	0,53571429	0,55319149	0,48888889	0,53061224	0,6	0,61538462	0,63829787	0,6779661	0,64285714	0,71794872	0,59259259	1	0,60869565
S. xinjiange	0,42307692	0,52631579	0,53846154	0,41860465	0,58536585	0,4	0,45454545	0,375	0,37209302	0,43636364	0,38461538	0,45714286	0,4	0,60869565	1

Matrice de similarité générée par PAST3 basée sur le coefficient d'Ochiai des espèces appartenant au genre *Saccharomonospora*.

Similarity and distance indices															
	S. piscinae	S. amisosen	S. azurea	S. colocasias	S. cyanea	S. glauca	S. halophila	S. iraqiensis	S. iraqiensis	S. marina	S. oceani	S. saliphila	S. viridis	S. xiaoerkul	S. xinjiange
S. piscinae	1	0,41907904	0,41935484	0,53608771	0,3614487	0,47660312	0,61580149	0,5530409	0,49779573	0,58523905	0,70967742	0,57601843	0,50027801	0,68250015	0,43112399
S. amisosen	0,41907904	1	0,65855277	0,6040687	0,67082039	0,57835174	0,57143959	0,44905021	0,46193489	0,68599434	0,56875012	0,53452248	0,52613679	0,53333333	0,54554473
S. azurea	0,41935484	0,65855277	1	0,61267166	0,7228974	0,58658846	0,45515762	0,41478068	0,42121177	0,58523905	0,4516129	0,5280169	0,70038921	0,53881591	0,54870326
S. colocasias	0,53608771	0,6040687	0,61267166	1	0,61975068	0,73983004	0,50851338	0,45133547	0,5	0,62158156	0,49779573	0,51282259	0,63344607	0,55432186	0,41871789
S. cyanea	0,3614487	0,67082039	0,7228974	0,61975068	1	0,63900965	0,46666667	0,34426519	0,42905817	0,57522374	0,3614487	0,47809144	0,66436384	0,49193496	0,58554004
S. glauca	0,47660312	0,57835174	0,58658846	0,73983004	0,63900965	1	0,57815159	0,43212081	0,56575238	0,59511904	0,5132649	0,54554473	0,68228824	0,53072278	0,40089186
S. halophila	0,61580149	0,57143959	0,45515762	0,50851338	0,46666667	0,57815159	1	0,57377531	0,54029547	0,58800649	0,58902751	0,5179324	0,52595471	0,62609903	0,48795004
S. iraqiensis	0,5530409	0,44905021	0,41478068	0,45133547	0,34426519	0,43212081	0,57377531	1	0,49236596	0,46206885	0,58760596	0,56577895	0,4645821	0,61584029	0,37796447
S. iraqiensis	0,49779573	0,46193489	0,42121177	0,5	0,42905817	0,56575238	0,54029547	0,49236596	1	0,58501794	0,49779573	0,62678317	0,51467493	0,63960215	0,37219368
S. marina	0,58523905	0,68599434	0,58523905	0,62158156	0,57522374	0,59511904	0,58800649	0,46206885	0,58501794	1	0,73924932	0,59585402	0,54139029	0,68599434	0,44908871
S. oceani	0,70967742	0,56875012	0,4516129	0,49779573	0,3614487	0,5132649	0,58902751	0,58760596	0,49779573	0,73924932	1	0,67202151	0,46692614	0,64657909	0,3919309
S. saliphila	0,57601843	0,53452248	0,5280169	0,51282259	0,47809144	0,54554473	0,5179324	0,56577895	0,62678317	0,59585402	0,67202151	1	0,54592083	0,74833148	0,46656947
S. viridis	0,50027801	0,52613679	0,70038921	0,63344607	0,66436384	0,68228824	0,52595471	0,4645821	0,51467493	0,54139029	0,46692614	0,54592083	1	0,59422508	0,40522045
S. xiaoerkul	0,68250015	0,53333333	0,53881591	0,55432186	0,49193496	0,53072278	0,62609903	0,61584029	0,63960215	0,68599434	0,64657909	0,74833148	0,59422508	1	0,61101009
S. xinjiange	0,43112399	0,54554473	0,54870326	0,41871789	0,58554004	0,40089186	0,48795004	0,37796447	0,37219368	0,44908871	0,3919309	0,46656947	0,40522045	0,61101009	1

Annexe III

Matrice de distance globale des espèces du genre *Saccharomonospora*.

Espèce	GLU	MAN	GAL	RIB	ARA	XYL	MAD	Un S	Glu	Ala	Gly	Glucosamine	LL-DAP	més-DAP	Mur	N-acétyl Mur
<i>S. amisosensis</i>	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0
<i>S. azurea</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0
<i>S. colocasiae</i>	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
<i>S. cyanea</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
<i>S. glauca</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>S. halophila</i>	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>Iraqiensis</i>	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
<i>S. iraqiensis</i> subsp. <i>paurometabolica</i>	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>S. piscinae</i>	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>S. marina</i>	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>S. oceani</i>	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>S. saliphila</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>S. viridis</i>	0	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	0	0
<i>S. xiaoerkulensis</i>	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
<i>S. xinjiangensis</i>	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0

MK-7(H ₂)	MK-7(H ₄)	MK-8(H ₂)	MK-8(H ₄)	MK-8(H ₆)	MK-9(H ₂)	MK-9(H ₄)	MK-9(H ₆)	MK-10(H ₄)	PE	PI	PC	PG	PIM	DPG	GL	PME
0	1	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0
0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0
0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1
0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1
0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1
0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	0	1
0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
0	0	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	1	0
0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0
1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0

LPE	LPG	PL (U)	HPE	NPG	AL	AP	C _{12:0}	C _{14:0}	C _{15:0}	C _{16:0}	C _{17:0}	C _{18:0}	C _{14:1 w5c}	C _{15:0 2-OH}	C _{15:1 B}	C _{15:1 w 6c}
0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0
0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
1	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
0	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1
0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0
0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0

C _{16:0 2-OH}	C _{16:1}	C _{16:1 cis 9}	C _{16:1 w6c}	C _{16:1 w7c}	C _{16:1 w 9c}	C _{17:0 w 8c}	C _{17:1}	C _{17:1 w 6c}	C _{17:1 cis 9}	C _{17:1 w 8c}	C _{17:1 w 9c}
0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1
0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0
0	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0
0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0
0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0

iso-C _{14:0}	iso-C _{15:0}	anteiso-C _{15:0}	anteiso-C _{15:0} 2-OH	iso-C _{16:0}	anteiso-C _{16:0}	iso-C _{16:0} 2-OH	iso-C _{16:1}	iso-C _{16:1} H
1	1	0	0	1	0	1	0	1
0	1	1	0	1	1	1	0	1
1	1	1	0	1	0	1	0	1
0	1	1	0	1	0	1	0	0
1	1	1	1	1	0	1	0	1
1	1	1	1	1	0	0	0	0
1	0	1	0	0	0	0	0	0
0	1	0	1	1	0	0	1	0
1	1	0	0	1	0	0	0	1
1	1	0	1	1	0	1	0	1
1	1	0	1	1	0	0	0	1
0	1	0	0	1	0	0	0	0
0	1	1	1	1	0	1	0	1
0	1	0	0	1	0	0	0	1
0	0	0	0	1	0	0	0	0

anteiso-C _{16:0}	iso-C _{17:0}	iso-C _{17:0} 2-OH	iso-C _{17:1}	iso-C _{17:1} w9c	anteiso-C _{17:0}	anteiso-C _{17:0} 2-OH	anteiso-C _{17:1} C	iso-C _{18:0}	10 Methyl C _{16:0}	10 Methyl C _{17:0}
0	1	0	0	0	1	0	0	1	1	0
0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0
1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	0
1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0
0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0
1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1
0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	1
0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0
0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0