

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

En : Sciences biologiques

Spécialité : Microbiologie Appliquée.

**Par: BENNACEUR Bouchra
DJOUANE Afaf**

Thème

Étude comparative chimiotaxonomique basée sur les coefficients de *Dice* et d'*Ochiai* et moléculaire du genre *Microbispora*

Soutenu publiquement, le
Devant le jury composé de :

M. BELGHIT Said	MCA	Univ. de Ghardaïa	Président
Mme. DJEMOUAI Nadjette	MCA	Univ. de Ghardaïa	Examinatrice
M. BOURAS Noureddine	Professeur	Univ. de Ghardaïa	Promoteur

Année universitaire : 2024/2025

REMERCIEMENTS

Avant tout, nous tenons à remercier le Tout-Puissant ALLAH de nous avoir donné la force et la patience d'achever ce travail.

Nous exprimons notre sincère gratitude à notre encadrant Monsieur le Professeur BOURAS Nouredine, pour ses conseils avisés, son accompagnement précieux, son soutien constant. Merci de nous avoir encouragés tout au long de la réalisation de ce travail.

Nous souhaitons également adresser notre profonde reconnaissance aux membres du jury :

M. BELGHIT Saïd nous vous remercions sincèrement d'avoir accepté de présider le jury de ce mémoire

Mme. DJEMOUAI Nadjette nous vous remercions vivement pour votre rôle en tant qu'examinatrice.

Enfin, il nous tient à cœur de remercier toutes les personnes qui ont contribué, de près ou de loin, à la réalisation de ce travail.

Dédicace



Je dédie ce travail



Avant tout, à mes parents, dont l'amour, le soutien indéfectible et les sacrifices constants ont été la base solide de mon parcours.

À ma famille toute entière, pour leur présence bienveillante et leurs encouragements silencieux mais essentiels.

*Je tiens également à exprimer ma profonde gratitude à mes enseignants et encadrants, en particulier à **BOURAS Nouredine**, pour son accompagnement précieux et ses conseils avisés.*

À mes amis, proches ou lointains, merci pour votre soutien moral, vos paroles réconfortantes et les moments de légèreté partagés au bon moment.

À vous tous, je dédie ce mémoire avec une reconnaissance sincère, une affection durable, et un profond respect

Bouchra

Dédicace



Je dédie ce mémoire

À mes chers parents

La source de soutien et de sécurité

À mes frères : Ilyes et Messaoud

Qui ont toujours été mon appui et mes amis depuis l'enfance

Et à ma petite sœur : Nour el houda

Et sans oublier les enfants de mes frères

Source de joie et d'innocence dans ma vie

Mohamed housseem, Sirine, Loujain et Marouane

Et à chacun de mes oncles, chacun par son nom

À tous ceux qui m'ont enseigné dans mon parcours éducatif

Et enfin à tous qui m'ont soutenu de près ou de loin

Afaf

ملخص

تمت هذه الدراسة حول محورين رئيسيين: من جهة، تحليل كيميائي تصنيفي يعتمد على معاملات التشابه لكل من *Dice* و *Ochiai*؛ ومن جهة أخرى، مقارنة جزيئية تستند إلى تسلسل مورثة الحمض الريبوي 16S rRNA وقد أجريت الدراسة على ثلاث عشرة نوعاً تنتمي إلى شعبة *Actinomycetota*، وجميعها تابعة لجنس *Microbispora*، وهي على التوالي *M. triticiradicis*، *M. bryophytorum*، *M. hainanensis*، *M. saimensis*، *M. catharanthi*، *M. rosea*، *M. corallina* و *M. maris*، *M. oryzae*، *M. clausenae*، *M. sitophila*، *M. soli*، *M. camponoti*. تهدف هذه الدراسة إلى مقارنة أنواع الجنس *Microbispora*، وكذا تحديد الأنواع الأقرب صلة بـ *Microbispora maris* (المستعملة كمرجع)، وذلك من خلال مقارنة نتائج التحليل الكيميائي التصنيفي والتحليل الجزيئي. ولهذا الغرض، تم تطبيق معاملي *Ochiai* و *Dice* على البيانات المستخلصة من التركيب الكيميائي لجدران الخلايا، في حين استُخدمت خوارزميات معلوماتية حيوية لمحاذاة تسلسلات النوكليوتيدات وتقدير المسافات المورثية. كشفت النتائج عن وجود تباين جزئي بين النهجين؛ إذ أشار التحليل الكيميائي التصنيفي إلى أن *M. catharanthi* هي الأقرب إلى *M. maris*، بينما أظهر التحليل الجزيئي أن *M. rosea* هي الأكثر قرباً. تُبرز هذه الدراسة التكامل بين النهجين (الكيميائي التصنيفي والجزيئي) في تحقيق الأهداف التصنيفية.

الكلمات المفتاحية: *Microbispora*، الدراسة التصنيفية الكيميائية، مؤشر *Dice* و *Ochiai*، التشابه، *Microbispora. maris*.

Résumé

L'étude s'est articulée autour de deux axes principaux : d'une part, une analyse chimiotaxonomique fondée sur les coefficients de similarité de *Dice* et d'*Ochiai*; d'autre part, une approche moléculaire basée sur la séquence du gène codant l'ARNr 16S. L'étude a été menée sur treize espèces du phylum *Actinomycetota* appartenant au genre *Microbispora*, à savoir : *M. rosea*, *M. catharanthi*, *M. saimensis*, *M. hainanensis*, *M. bryophytorum*, *M. triticiradicis*, *M. camponoti*, *M. soli*, *M. sitophila*, *M. clausenae*, *M. oryzae*, *M. maris* et *M. corallina*. L'objectif de l'étude était de comparer les espèces de *Microbispora* et d'identifier les espèces les plus proches de *Microbispora maris* (considérée comme référence) à travers une comparaison entre les résultats de l'analyse chimiotaxonomique et ceux de l'analyse moléculaire. Pour ce faire, les coefficients d'*Ochiai* et de *Dice* ont été appliqués aux données issues de la composition chimique des parois cellulaires, tandis que des algorithmes bioinformatiques ont été utilisés pour l'alignement des séquences nucléotidiques et l'estimation des distances génétiques. Les résultats ont révélé une divergence partielle entre les deux approches. L'étude chimiotaxonomique a indiqué que *M. catharanthi* est l'espèce la plus proche de *M. maris*, tandis que l'analyse moléculaire a désigné *M. rosea* comme étant l'espèce la plus apparentée à cette dernière. Cette étude met en évidence la complémentarité des deux approches (chimiotaxonomique et moléculaire) dans un objectif taxonomique.

Mots clés : *Microbispora*, chimiotaxonomie, indice de *Dice* et *Ochiai*, similarité, *Microbispora. maris*.

Abstract

The study was structured around two main axes: on the one hand, a chemotaxonomic analysis based on the similarity coefficients of *Dice* and *Ochiai*; on the other hand, a molecular approach relying on the 16S rRNA gene sequence. It conducted on thirteen species from the phylum *Actinomycetota*, all belonging to the genus *Microbispora*, namely: *M. rosea*, *M. catharanthi*, *M. saimensis*, *M. hainanensis*, *M. bryophytorum*, *M. triticiradicis*, *M. camponoti*, *M. soli*, *M. sitophila*, *M. clausenae*, *M. oryzae*, *M. maris*, and *M. corallina*. The objective of the study was to conduct a comparative analysis among *Microbispora* species, and to identify the species most closely related to *Microbispora maris* (considered the reference), through a comparison of chemotaxonomic and molecular analysis results. For this purpose, the *Ochiai* and *Dice* coefficients were applied to data derived from the chemical composition of the cell walls, while bioinformatic algorithms were used to align nucleotide sequences and estimate genetic distances. The results revealed a partial discrepancy between the two approaches. The chemotaxonomic analysis indicated that *M. catharanthi* was the closest species to *M. maris*, whereas the molecular analysis identified *M. rosea* as the most closely related species. This study confirms that the two approaches are complementary for taxonomic classification purposes.

Key words : *Microbispora*, chemotaxonomy, *Dice* and *Ochiai* index, similarity, *Microbispora maris*.

TABLE DE MATIERES

Introduction	1
Chapitre I : Revue bibliographique	
I.1. TAXONOMIE DES <i>ACTINOMYCETOTA</i>	3
I.1.1 Définition	3
I.1.2 Taxonomie générale des <i>Actinomycetota</i>	3
I.1.3. Critères d'identification des genres.....	3
I.1.3.1.Caractéristiques macromorphologiques	4
I.1.3.2.Caractéristiques micromorphologiques.....	4
I.1.3.3. Caractéristiques culturele et physiologiques:	5
I.1.3.2.Chimiotaxonomie (critères chimiques).....	5
I.1.3.2.1.Sucres.....	6
I.1.3.2.2. Acides aminés	6
I.1.3.2.3. Lipides membranaires	7
I.1.4. Critères d'identification des espèces.....	9
I.1.4.1. Critères physiologiques et biochimique dans la taxonomie numérique.....	9
I.1.4.1.1. Critères physiologiques et biochimiques.....	9
I.1.4.1.2. Taxonomie numérique	9
I.1.4.2. Critères moléculaires.....	10
I.1.4.2.1. Etude de l'ARN ribosomique (ARNr 16S)	10
I.1.4.2.2. Détermination du pourcentage de guanine-cytosine	11
II. ECOLOGIE DES <i>ACTINOMYCETOTA</i>	11
II.1. Distribution générale des <i>Actinomycetota</i>	11
II.1.1. Environnement terrestre.....	11
II.1.2. Environnement aquatique	12
II.1.3. Les milieux extrêmes	12
III. GENRE <i>MICROBISPORA</i>	13
Chapitre II : Matériel et méthodes	
II.1. Espèces étudiées	15
II.2. Etude chimiotaxonomique	17
II.2.1. Mesure de similarité	17
II.2.1.1. Indice de <i>Dice</i>	17
II.2.1.2. Indice de <i>Ochiai</i>	18
II.2.2. PAST3 (PAleontological STatistics 3)	18
II.2.3. MEGA 11 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis 11).....	19

II.2.3.1. Création d'alignements de séquences multiples	19
II.2. Etude moléculaire	20
II.2.1. EZbiocloud	20
Chapitre III : Résultats et discussions	
III.1. Etude chimiotaxonomique	22
III.2. Résultats de calculs de similarité (à la base de coefficient de <i>Dice</i>)	33
III.3. Résultats de calculs de similarité (à la base de coefficient d' <i>Ochiai</i>)	33
Conclusion et perspectives	41
Références bibliographiques	44
Annexes	

Liste des abréviations

Acide LL-DAP : Acide LL- Diamino-Pémilique.

Acide *méso*-DAP : Acide *méso*-Diamino-Pémilique (= DL-DAP).

Glu : Acide Glutamique.

Ala : Alanine.

Gly : Glycine.

ADN : Acide Désoxyribose Nucléique.

ARNr : Acide Ribonucléique Ribosomique.

Blast: *Basic Local Alignment Search Tool*.

FASTA: *FAST-All*.

MEGA: *Molecular Evolutionary Genetics Analysis*.

LPSN: *List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature*.

PAST3: *PAleontological STatistics3*.

PCR : *Polymerase Chain Reaction*.

Glu: Glucose.

Man : Mannose.

Gal: Galactose.

Rham : Rhamnose.

Rib: Ribose.

Mad: Madurose.

Ara: Arabinose.

Xyl: Xylose.

PE : Phosphatidyléthalamine.

PI: Phosphatidylinositol.

PC: Phosphatidylcholine.

PG: Phosphatidylglycérol.

PIM: Phosphatidylinositol-Mannoside.

DPG: DiphosPhatidylGlycerol.

GPL: Glycophospholipides.

GL: Glycolipides.

PMME: Phosphatidylmnométhyl-Ethanolamine.

PME: Phosphatidyl-Methyl-Ethanolamine.

OH-PE: Hydroxy-Phosphatidyléthanolamine.

NPGLs: Ninhydrin-Positive Glyco Phospholipids.

NPL: Ninhydrin-Positive Lipid.

PIMs: Phosphatidylinositol Mannosides.

Liste des tableaux

Tableau 1. Les cinq chimiotypes des sucres chez les <i>Actinomycetota</i>	6
Tableau 2. Les chimiotypes des acides aminés chez les <i>Actinomycetota</i> (Larpen, 2000).....	6
Tableau 3. Profils phospholipidiques présents chez les <i>Actinomycetota</i> (Lechevalier et al., 1977).	7
Tableau 4. Profils d'acides gras chez les <i>Actinomycetota</i> (Nakajima et al., 1999).....	8
Tableau 5. Types des ménaquinones retrouvés chez les <i>Actinomycetota</i> (Kroppenstedt, 1985).....	9
Tableau 6. Les environnements naturel de certain genre d' <i>Actinomycetota</i>	13
Tableau 7. Les matrices de distances.....	17
Tableau 8. Tableau des exemples pratiques.....	17
Tableau 9. Sucres spécifiques présents dans la paroi cellulaire des différentes espèces de <i>Microbispora</i> (suivant l'ordre chronologique).	18
Tableau 10. Les espèces de <i>Microbispora</i> présentent des ménaquinones spécifiques qui reflètent leur composition cellulaire en pourcentage (%).	22
Tableau 11. Phospholipides caractéristiques dans leur membrane des espèces étudiées.	23
Tableau 12. Phospholipides caractéristiques dans leur membrane (présence/absence).	24
Tableau 13. Acides aminés caractéristiques de la paroi des espèces de <i>Microbispora</i> (présence/absence).....	25
Tableau 14. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire (en %) des espèces étudiées. ...	26
Tableau 15. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire (en %) des espèces étudiées (suite).....	27
Tableau 16. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaires (en %) des espèces étudiées (suite).....	28
Tableau 17. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaires (en %) des espèces étudiées (suite).....	29
Tableau 18: Acides gras caractéristiques de la composition cellulaires (en %) des espèces étudiées (suite).....	30
Tableau 19. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaires (en %) des espèces étudiées (suite).....	31
Tableau 20. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaires des espèces étudiées (suite).....	32
Tableau 21: Pourcentages de similarité obtenus par l'indice de <i>Dice</i>	33
Tableau 22. Pourcentages de similarité obtenus par l'indice d' <i>Ochiai</i>	33
Tableau 23. Le degré de similitude entre <i>M. maris</i> et les autres espèces de <i>Microbispora</i>	37
Tableau 24. Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude moléculaire basé sur l'indice <i>Dice</i> et <i>Ochiai</i>	37
Tableau 25 Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude moléculaire basé sur l'indice <i>Dice</i> et <i>Ochiai</i>	38

Liste des figures

Figure 1. Micromorphologie de deux genre d' <i>Actinomycetota</i>	5
Figure 2. Structure chimique de ménaquinone.....	8
Figure 3. La Distribution des habitats des <i>Actinomycetota</i> (Ngamcharungchit et al., 2023).	12
Figure 4. Logiciel PAST3.	18
Figure 5. Logiciel MEGA 11 (Molecular Evolutionary Genetics Analysis).....	19
Figure 6. Base de données LPSN (List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature).	19
Figure 7. Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de <i>Microbispora</i> (à la base d'indice de <i>Dice</i>) en fonction des caractères chimiotaxonomique (présence/absence).	34
Figure 8. Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de <i>Microbispora</i> (à la base d'indice d' <i>Ochiai</i>) en fonction des caractères chimiotaxonomique (présence/absence).	35
Figure 9. Dendrogramme montré les distances évolutives entre les espèces par l'utilisation d'ogiciel de EZbiocloud.	36



INTRODUCTION

Introduction

L'étude de la taxonomie bactérienne revêt une importance fondamentale en microbiologie, car elle permet d'identifier, de classer et de nommer les micro-organismes selon des critères phénotypiques, phylogénétiques et phylogénomiques. Cette discipline constitue la base pour comprendre la biodiversité bactérienne, retracer les relations évolutives entre les espèces, et mieux cerner leur écologie, leurs fonctions métaboliques et leurs applications potentielles.

Une classification précise est également essentielle pour la détection seulement de nouvelles espèces d'intérêt médical, industriel, agricole ou environnemental. En outre, la taxonomie bactérienne contribue à harmoniser la communication scientifique, à garantir la traçabilité des souches, et à soutenir les recherches en biotechnologie, notamment dans la découverte de nouveaux antibiotiques ou enzymes. À l'ère du séquençage à haut débit et des outils bioinformatiques avancés, l'intégration de données moléculaires et chimiotaxonomiques permet une approche plus robuste et plus fiable de la classification bactérienne (Riesco et Trujill, 2024).

L'évolution bactérienne, les changements dans la composition du microbiome, les maladies anciennes ainsi que les innovations chimiques potentielles sont autant de connaissances rendues possibles grâce à l'isolement et au séquençage des métagénomes (van Bergeijk *et al.*, 2024).

Par ailleurs, le développement en pharmacologie dépend largement des produits naturels d'origine microbienne. À titre d'exemple, les *Actinomycetota* représentent une source majeure d'antibiotiques polyvalents. En effet, une large gamme de médicaments aux propriétés antibactériennes, antifongiques anticancéreuses, antihelminthiques, et immunosuppressives sont produits par ces micro-organismes.

Les sols, les milieux d'eau douce et marins, ainsi que les plantes et les animaux, sont tous considérés comme des environnements hôtes potentiels pour les *Actinomycetota*, ce qui reflète leur importance écologique. Les interactions symbiotiques et les mécanismes de défense sont parmi les rôles biologiques essentiels assurés par ces bactéries (Aguilar *et al.*, 2024).

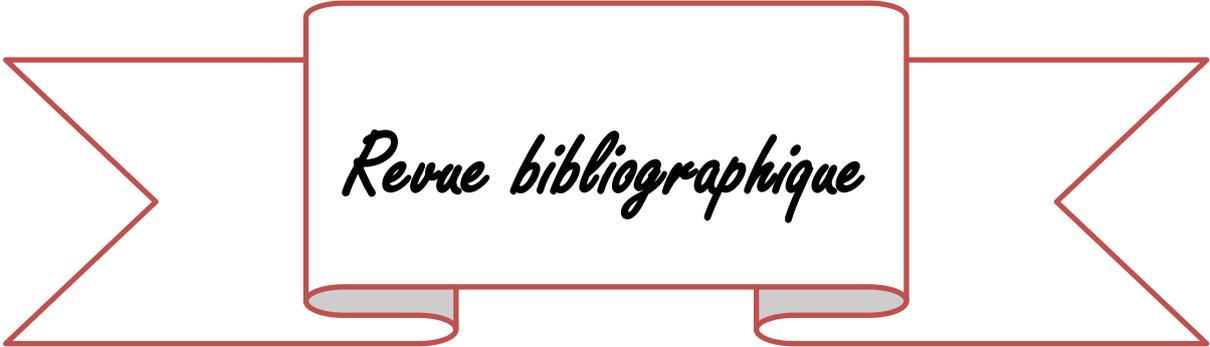
Les *Actinomycetota* sont des micro-organismes à Gram positif, caractérisés généralement par une croissance mycélienne, une structure filamenteuse de type saprophyte et

une teneur élevée en bases guanine et cytosine (G+C) dans leur ADN. Le genre *Microbispora* se distingue par un profil morphologique et chimiotaxonomique bien défini. Sa membrane plasmique présente des compositions caractéristiques en ménaquinones, acides gras et phospholipides, ce qui facilite sa classification et son identification par rapport aux autres genres au sein des *Actinomycetota* (Han *et al.*, 2019).

Le genre *Microbispora* appartient à la famille des *Streptosporangiaceae*, dans l'ordre des *Actinomycetales*. Il regroupe des bactéries Gram positives, filamenteuses, sporulantes et à haut contenu en G+C. Les espèces de *Microbispora* se caractérisent par la formation de spores en paires (d'où le nom "bispora") le long de filaments aériens. Elles sont majoritairement isolées de sols, de matières organiques en décomposition ou de milieux marins. Ce genre est d'un grand intérêt biotechnologique en raison de sa capacité à produire divers métabolites secondaires bioactifs, notamment des antibiotiques, des enzymes et des composés antifongiques. Certaines espèces, comme *Microbispora corallina*, sont connues pour la production d'aclidinomycine A, un antibiotique d'origine naturelle. Les génomes de ces bactéries révèlent la présence de nombreux clusters biosynthétiques de métabolites secondaires, soulignant leur potentiel en bioprospection. Leur étude est également pertinente dans le contexte de la découverte de nouveaux agents antimicrobiens face à la montée de la résistance.

L'objectif de ce travail est de comparer treize espèces validées du genre *Microbispora* sur les plans chimiotaxonomique (en utilisant les indices de *Dice* et *Ochiai*) et moléculaire. L'analyse vise à évaluer le degré de similarité entre ces espèces au moyen de dendrogrammes chimiotaxonomiques numériques et phylogénétiques générés à l'aide de logiciels spécialisés (PAST3 et MEGA11).

Cette comparaison a pour but de déterminer si l'étude chimiotaxonomique fournit des résultats aussi fiables et clairs que l'analyse moléculaire, afin de déterminer l'espèce la plus proche de l'espèce de référence *Microbispora maris*.



Revue bibliographique

I.1. TAXONOMIE DES *ACTINOMYCETOTA*

I.1.1 Définition

La mise en évidence des bactéries du phylum *Actinomycetota* est devenue nécessaire car elles sont capables de produire des substances à propriétés intéressantes. Ces bactéries jouent un rôle crucial aussi bien dans l'agriculture (notamment la décomposition et la minéralisation de la matière organique) que dans le domaine médical (production d'antibiotiques) (Davaill *et al.*, 2003).

Les *Actinomycetota* (anciennement appelés *Actinobacteria*) constituent un phylum majeur de bactéries à Gram positif, caractérisées par une teneur élevée en bases guanine et cytosine (G+C) dans leur ADN. Ces bactéries sont souvent filamenteuses, à croissance mycélienne, et présentent une morphologie semblable à celle des champignons. Ils sont largement distribués dans les sols, les milieux aquatiques, les plantes, ainsi que dans le microbiote animal et humain.

I.1.2 Taxonomie générale des *Actinomycetota*

Sur le plan taxonomique, les *Actinomycetota* sont divisés en plusieurs classes (notamment *Actinomycetia*), qui comprennent divers ordres tels qu'*Actinomycetales*, *Streptomycetales*, *Micromonosporales*, et *Corynebacteriales*. L'identification et la classification des membres de ce groupe s'appuient sur des critères comme la composition des acides gras, la présence de l'acide diaminopimélique, le type de quinones, et les profils des sucres des parois cellulaires. Avec l'avènement des outils moléculaires, en particulier l'analyse des génomes complets, la taxonomie des *Actinomycetota* a connu d'importants réajustements, permettant une classification plus précise et la découverte de nombreuses espèces et genres nouveaux. Cette diversité taxonomique reflète leur adaptabilité écologique et leur potentiel biotechnologique exceptionnel.

La recherche des nouveaux antibiotiques, est basée essentiellement sur la caractérisation taxonomique des *Actinomycetota* (Adegboye et Babalola, 2012).

I.1.3. Critères d'identification des genres

Les caractéristiques morphologiques, physiologiques, chimiques (chimiotaxonomique), ainsi moléculaire représente les critères d'identification des espèces d'*Actinomycetota* (Adegboye et Babalola, 2012).

I.1.3.1. Critères morphologiques

Les structures filamenteuse, Le mycélium bien développé, à la fois substrat et aérien, ainsi les formations complexes telles que les sporanges sont considéré comme des caractéristiques morphologiques des *Actinomycetota*, de plus les conditions de culture et la régulation génétique sont considéré comme un facteur influençant ces caractéristiques phénotypiques (Li *et al.*, 2016). Les critères macromorphologiques et micromorphologiques ont été déterminés (Meklat, 2012).

I.1.3.1. Caractéristiques macromorphologiques

L'identification de quelque genre d'*Actinomycetota*, on observe quelque caractéristiques morphologique à l'œil nue notamment :

- **Structures filamenteuse :** Les *Actinomycetota* présentent une morphologie filamenteuse similaire à celle des champignons, caractérisée par la présence d'hyphes délicats. Cette structure est parfois observable dans les cultures de laboratoire ainsi que dans certains échantillons cliniques (Lattu *et al.*, 2023).
- **Mycélium aérien et de substrat :** la formation des structure complexe telle que les spores, les chaines des spores et les sporanges par le mycélium aérien, contribue dont leur caractéristiques morphologiques qui varié celons les condition des cultures, la couleur et les mode de croissance sur différentes milieux (Li *et al.*, 2016).
- **Caractéristiques culturelles :** l'identification des *Actinomycetota* dépend selon leur variété culturelle dans des milieux différents (Li *et al.*, 2016). La classification des *Actinomycetota* ça dépend sur des facteurs telles que la production des pigmentes, la morphologie des colonies et les conditions de croissance (la température et le pH) (Subbaiya *et al.*, 2015; Nurkanto et Agusta, 2016). La combinaison de ces caractéristiques avec les données moléculaire devient utile et efficace (Nurcanto et Agusta, 2016).

I.1.3.2. Caractéristiques micromorphologiques

La combinaison de ces caractéristiques avec les données moléculaires devient utile et efficace (Nurcanto et Agusta, 2016), Dans le but de déterminer la classification des *Actinomycetota* et également de connaître leur rôle dans le domaine d'agriculture, biotechnologie, les caractéristiques suivantes sont considérées :

- **Mycélium et la formation des spores :** un mycélium de substrat et un mycélium aérien développé par la division de la mycélium des *Actinomycetota* selon la morphologie et la fonction (Li et al., 2016).

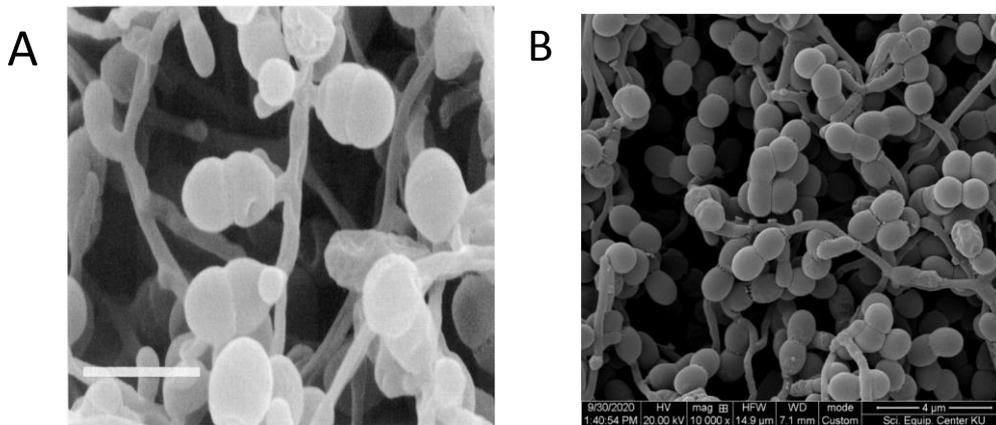


Figure 1. Micromorphologie de deux genre d'*Actinomycetota*. (Yuki et al., 1999; Muangham et al., 2021).

- **Développement des sclérotés :** la formation des sclérotés et la formation des hyphes large est l'un des caractéristiques de certains genre des *Actinomycetota* (Ganju et Iyengar, 1974).

I.1.3.3. Caractéristiques culturelles et physiologiques:

La variation dans la formation des spores, les hyphes aériens et la production de pigments aussi la condition de la croissance sont des caractéristiques culturelles présentées par les *Actinomycetota* sur des milieux différentes (Li et al., 2016).

Les propriétés antimicrobiennes, la tolérance à la température et au pH, ainsi que la production d'enzymes sont des caractéristiques physiologiques importantes pour l'identification et les applications des *Actinomycetota* (Nurkanto et Agusta, 2016).

I.1.3.2. Chimiotaxonomie (critères chimiques)

La combinaison des critères morphologiques et chimiques est nécessaire pour garantir une identification précise et fiable.

Certains composés (acides aminés, ménaquinones, phospholipides et les sucres ainsi que les acides gras) sont des critères chimiques qui reflètent la composition de la paroi bactérienne et de la membrane plasmique chez les *Actinomycetota*.

Une lyse cellulaire réalisée par plusieurs méthodes chimiques afin de permettre l'analyse des constituants cellulaires (Zitouni *et al.*, 2005).

I.1.3.2.1. Sucres

Un classement en cinq groupes, basé sur les sucres de la paroi cellulaire considérés comme des marqueurs caractéristiques a été établi (Lechevalier et Lechevalier, 1970; Labeda et Lechevalier, 1989; Stackebrandt *et al.*, 1994).

Tableau 1. Les cinq chimiotypes des sucres chez les *Actinomycetota*.

Sucres	Exemple
Arabinose-galactose (Groupe A)	<i>Nocardia</i> , <i>Mycobacterium</i> (Bishop <i>et al.</i> , 1985)
Madurose (Groupe B)	<i>Streptomyces</i> (Yokota <i>et al.</i> , 1989)
Xylose-arabinose (Groupe D)	<i>Pseudoamycolata</i> , <i>Actinokineospora</i> (Takeuchi <i>et al.</i> , 1992)
Rhamnose-galactose (Groupe E)	<i>Curtobacterium</i> (Zaychikov <i>et al.</i> , 2021)
Absence de sucres caractéristiques (pas d'arabinose, xylose, rhamnose et madurose) (Groupe C)	<i>Pseudomonas</i> (Sud <i>et al.</i> , 1964)

I.1.3.2.2. Acides aminés

L'un des constituants majeurs des *Actinomycetota* est les acides aminés, notamment : l'isomère de l'acide diaminopimélique (DAP), LL ou DL (*méso*), alanine (Ala), acide glutamique (Glu), ainsi que la glycine (Gly), et souvent l'acide muramique *N*-acétylé (MurNAc). A partir de ces derniers on distingue différents chimiotypes (Meklat, 2012).

Tableau 2. Les chimiotypes des acides aminés chez les *Actinomycetota*.

Type	Acides aminés	Exemple
Type I C	LL DAP + glycine et absence de sucres importants	<i>Friedmanniella</i> (Schumann <i>et al.</i> , 1997)
Type II D	Arabinose + xylose + DL DAP + glycine	<i>Glycomyces</i> (Labeda <i>et al.</i> , 1985).
Type III B	Madurose + DL DAP	<i>Actinomadura</i> (Lavrova <i>et al.</i> , 1975)
Type III C	DL DAP et absence de sucres	<i>Streptomyces</i> (Singh <i>et al.</i> , 2014)
Type III E	Rhamnose + galactose + DL DAP	<i>Streptococcus</i> (Payne <i>et al.</i> , 1970)
Type IV A	Arabinose + galactose + DL DAP	<i>Nocardia</i> (Bishop <i>et al.</i> , 1958)
Type V	Ornithine + lysine	<i>Lactobacillus bifidus</i> (Holzapfel <i>et al.</i> , 1969)
Type VI	Lysine	<i>Nocardia</i> (Liras <i>et al.</i> , 1991)
Type VII	Acide diaminobutyrique + glycine (lysine variablement présente)	<i>Streptosporangium</i> (Singh <i>et al.</i> , 2014)
Type VIII	Ornithine	<i>Ornithinicoccus</i> (Grothe <i>et al.</i> , 1999)

I.1.3.2.3. Lipides membranaires

L'un des moyens les plus importants pour l'identification des différents genres d'*Actinomycetota*, est la détermination de ces lipides caractéristiques telle que les phospholipides (lipides polaires), les ménaquinones et les acides gras, cette analyse repose sur l'étude de la membrane plasmique des genres concernés.

I.1.3.2.4 Phospholipides

Des lipides polaires ont été mis en évidence par l'analyse des membranes cellulaires. Cinq profils phospholipidiques distincts ont été décrits selon Lechevalier *et al.* (1977), comprenant les quatre phospholipides suivants: la phosphatidyléthanolamine, un phosphatidyl contenant de la glucosamine, la phosphatidylcholine et la phosphatidylglycérol. Ces profils sont présentés dans le tableau 3 ci-dessous.

Tableau 3. Profils phospholipidiques présents chez les *Actinomycetota*.

Types de phospholipides	PC	PE	PCG	PG	Exemples
PI	–	–	–	v	<i>Actinophytocola</i> (Sun <i>et al.</i> , 2014)
PII	–	+	–	–	<i>Virgosporangium</i> (Tamura <i>et al.</i> , 2001)
PIII	+	–	–	v	<i>Streptomyces</i> (Sutcliffe, 1988)
PIV	–	+	+	–	<i>Nonomuraea</i> (Xie <i>et al.</i> , 2012)
PV	–	–	+	+	<i>Saccharothrix</i> (Lechevalier, 1989), <i>Promicromonospora</i> et <i>Oerskovia</i> (Mary <i>et al.</i> , 1977)

PC : Phosphatidylcholine; **PE** : Phosphatidyléthanolamine; **PCG** : Phosphatidyl contenant glucosamine; **PG** : Phosphatidylglycérol.

+ : présent; – : absent; v : variable.

I.1.3.2.5. Acides gras

Certain nombre des facteurs contribuent à la composition des acides gras chez les *Actinomycetota*, notamment : le pH, la température, la composition de milieu de culture, la phase de croissance et la concentration en sel (Smith *et al.*, 1980). Les principaux profils d'acides gras sont présentés dans le tableau 4.

Tableau 4. Profils d'acides gras chez les *Actinomycetota* (Nakajima *et al.*, 1999).

Souche	Composition en acides gras(%)																				
	Normal									Iso							Anteiso		10-Methyl		
	13:0	14:0	15:0	16:0	16:1	17:0	17:1	18:0	18:1	14:0	15:0	16:0	16:1	17:0	18:0	18:1	15:0	17:0	16:0	17:0	18:0
isolats																					
DF-32'	TR	1	10	8	2	9	6	1	1	2	7	19		2	1		3	3	4	17	2
DF-28	TR	1	3	14	1	20	1	10	1	1	2	13		3	2		3	7	2	10	6
<i>M.rosea</i> subsp. <i>rosea</i> JCM 3006 ^T	TR	1	5	8	1	19	3	3	1	TR	3	26	TR	3	2	TR	1	4	3	11	2

I.1.3.2.6. Ménaquinones

L'un des constituants majeurs de la paroi cellulaire des *Actinomycetota* qui peut être contribué à la classification des *Actinomycetota*, est le ménaquinones car ce dernier est bien associé avec les d'autres données taxonomiques (Collins *et al.*, 1985; Kroppenstedt, 1985).

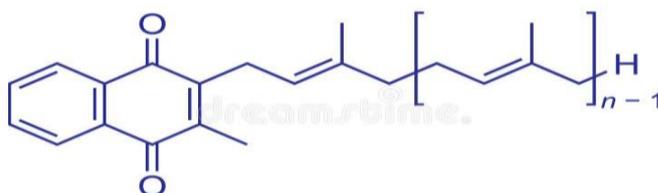


Figure 2. Structure chimique de ménaquinone(<https://fr.dreamstime.com/>)

Tableau 5. Types des ménaquinones retrouvés chez les *Actinomycetota*.

Type	Description	Principaux ménaquinones	Genres
1a	Absence d'unités isoprènes hydrogénées	MK-7	<i>Micromonospora</i> (Dairi, 2012)
1b		MK-9	<i>Micromonospora</i>
2a	Présence d'un seul type de ménaquinones souvent dihydrogénées ou tétrahydrogénées avec 8 ou 9 unités isoprènes	MK-8(H ₂)	<i>Rhodococcus ruber</i> , <i>Rhodococcus equi</i> , (Yassin <i>et al.</i> , 1988) / <i>Rhodococcus coprophilus</i> (Collins <i>et al.</i> , 1985)
2b		MK-8(H ₄)	<i>Rhodococcus coprophilus</i> <i>Rhodococcus rhodnii</i> , <i>Nocardia asteroides</i> , <i>Nocardia brasiliensis</i> (Collins <i>et al.</i> , 1985)
2c		MK-9(H ₂)	<i>Mycobacterium</i> (Yassin <i>et al.</i> , 1988)
2d		MK-9(H ₄)	<i>Actinomadura</i> (Yassin <i>et al.</i> , 1988)
3a	Présence de ménaquinones tétrahydrogénées	MK-8(H ₄), MK-9(H ₄)	<i>Amycolatopsis</i> (Yassin <i>et al.</i> , 1991)
3b		MK-9(H ₄), MK-10(H ₄)	<i>Amycolatopsis</i> (Yassin <i>et al.</i> , 1991)
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>Caseobacters</i> , <i>Streptomyces</i> (Collins <i>et al.</i> , 1985)
4b		MK-9(H ₄), MK-9(H ₆), MK-9(H ₈)	<i>Actinomadura</i> (Yamada <i>et al.</i> , 1977)
4c		MK-10(H ₄), MK-10(H ₆)	<i>Streptomyces</i> (Lechevalier <i>et al.</i> , 1981)

I.1.4. Critères identification des espèces

Plusieurs critères sont pris en considération pour l'identification des espèces bactériennes. Notamment : les critères physiologiques, biochimiques et moléculaire.

I.1.4.1. Critères physiologiques et biochimique dans la Taxonomie numérique

I.1.4.1.1. Critères physiologiques et biochimiques

L'évaluation de l'activité métabolique est réalisée par la fixation de l'azote constitue l'un des avantages des tests biochimiques, tandis que les tests physiologiques permettent d'évaluer la capacité à utiliser différents substrats (Uzcátegui-Negrón *et al.*, 2009).

I.1.4.1.2. Taxonomie numérique

À partir du degré de similarité entre les souches ou espèces bactériennes, fondé sur leurs caractères phénotypiques (biochimiques), une méthode de comparaison a été mise en

œuvre. Dans cette approche, la présence d'un caractère est codée par le chiffre 1, tandis que son absence est représentée par le chiffre 0.

Des coefficients de similarité (*Dice, Ochiai, Jaccard, Sokal, etc.*) ont été utilisés à l'aide de logiciels informatisés développés pour traiter les résultats obtenus. Ces résultats sont ensuite représentés sous forme de dendrogrammes, reflétant l'agencement des groupes issus de l'analyse par regroupement hiérarchique. Par ailleurs, si le degré de similitude est supérieur à 80%, les taxons sont considérés comme appartenant à la même espèce. La taxonomie numérique représente une bonne approche pour assurer une identification précise (Meklat *et al.*, 2012).

I.1.4.2. Critères moléculaire

La manipulation des gènes au niveau des acides nucléiques constitue une avancée récente rendue possible par le développement de la biologie moléculaire. Le séquençage du gène codant pour l'ARN ribosomique 16S, ainsi que la technique d'hybridation ADN-ADN, sont des méthodes moléculaires fondamentales mises en œuvre dans le but d'assurer une identification précise et fiable des genres et des espèces, notamment chez les *Actinomycetota*.

Par ailleurs, la création de nouveaux genres nécessite la détermination du pourcentage de bases G+C (Boudjelal *et al.*, 2012). Les critères morphologiques, physiologiques et biochimiques permettent de valider une classification donnée, De plus les critères moléculaires garantissent une taxonomie peut ambiguë(Meklat *et al.*, 2012)

I.1.4.2.1. Etude de l'ARN ribosomique (ARNr 16S)

Afin d'établir des relations phylogénétiques entre plusieurs genres d'*Actinomycetota* et d'organismes apparentés, une méthode de séquençage, basée sur l'analyse des oligonucléotides de l'ARN ribosomique 16S, a été utilisée. Cette approche a permis de surmonter certaines limitations des méthodes classiques, en apportant des précisions importantes sur les relations évolutives entre ces micro-organismes (Stackebrandt et Woese, 1981). De plus, la méthode assure une classification des espèces précise et fiable et loin d'être contra dicté, en effet deux moyens à été utiliser pour cette analyse, notamment le séquençage et l'amplification par une technique appelées PCR (*Polymerase Chain Reaction*) grâce à l'enzyme d'ADN polymérase (*Taq* polymérase).

Pour le bute de mettre les séquences valides des espèces types (espèces de références) et les séquences des espèces les quelles la recherche se fait, à leur position taxonomique adéquate, une comparaison taxonomique à été réaliser à travers des banques génomiques.

Les outils de l'inversion des séquences, et la conversion entre les différents formats des fichiers des séquences (*fasta* par exemple), ainsi que les outils d'alignement (simple et multiple), sont des techniques de bioinformatique, qui a été établi par des programmes qui dépendent sur des générant des résultats sur l'analyse réaliser. Une comparaison avec les banques génomiques qui assure une haute fiabilité et performance (Boudjelal *et al.*, 2012). Afin de réaliser une étude phylogénétique, plusieurs méthodes ont été utilisées, notamment le modèle de Jukes et Cantor qui est développé en 1969 par ces derniers, ce modèle constitue un fondement de l'évolution moléculaire. Il permet de comprendre le processus de substitution des nucléotides et d'estimer les distances évolutives entre espèces à partir de leurs séquences d'ADN (<http://fr.statisticseasily.com/>).

Par ailleurs, l'analyse des séquences des extrémités du gène de l'ARN ribosomique 16S a été réalisée dans le but d'évaluer les distances évolutives entre les souches ou les espèces étudiées, et ainsi conclure leur appartenance à un genre ou à une espèce précise. Ce gène (l'ARN ribosomique 16S) est particulièrement utile, car il est présent chez toutes les espèces bactériennes tout en présentant des régions spécifiques propres à chaque espèce.

En général, un pourcentage de similarité supérieur à 98,65% entre les séquences 16S rRNA indique que les souches appartiennent à la même espèce. En revanche, une similarité inférieure ou égale à 98,65% suggère qu'il s'agit d'espèces différentes (Kim *et al.*, 2014).

I.1.4.2.2. Détermination du pourcentage de guanine-cytosine

Les espèces d'*Actinomycetota* sont caractérisent par une teneur de (G+C) élevée et des valeurs rapportées entre 57% et 75% (Shiburaj *et al.*, 2012). La production d'une large gamme de métabolites secondaires telle que les antibiotiques (ce qui comprend le domaine d'application thérapeutique), a été associé à la teneur élevée de (G+C) (Aftab *et al.*, 2016; Girish *et al.*, 2022).

II. ECOLOGIE DES ACTINOMYCETOTA

II.1. Distribution générale des *Actinomycetota*

Les taxons bactéries d'*Actinomycetota* sont largement présentes dans des habitats différents tel que les sols et les écosystèmes marins. La présence de ces micro-organismes dans différents environnements en fait une source de métabolites secondaires important à fort potentiel industriel et thérapeutiques (Chauhan et Nallanchakravarthula, 2018).

II.1.1. Environnement terrestre

Des divers écosystèmes terrestre (à composante pédologique), comme les forêts, les pâturages et les terres cultivées pluviales et irriguées, est considéré comme des habitats

préférés et adéquate pour les *Actinomycetota*. De plus les propriétés suivants affectent sur la propagation populaire de ces microorganismes telle que la propriété du sol, le climat et la densité élevée des conditions semi arides (Ghorbani-Nasrabadi *et al.*, 2013).

II.1.2. Environnement aquatique

Parmi les environnements considérés comme propices au développement des *Actinomycetota* et d'autres espèces bactériennes, les environnements marins occupent une place importante. En effet, les conditions particulières de ces milieux confèrent à ces microorganismes la capacité à produire des nouveaux métabolites secondaires présentant des propriétés intéressantes, notamment antifongiques, antibactériennes, anticancéreuses, insecticides, ainsi qu'inhibitrices enzymatiques, en plus d'autres activités thérapeutiques (Chinnathambi *et al.*, 2023).

II.1.3. Les milieux extrêmes

Les *Actinomycetota*, notamment certaines espèces isolées du lac Natron (Afrique de l'Est), sont bien adaptées aux environnements extrêmes tels que les lacs sodiques. Ces milieux hostiles soutiennent une biodiversité microbienne exceptionnelle, favorisant la production de métabolites bioactifs exploitables en biotechnologie et dans la bioprospection de composés innovants (Kaale *et al.*, 2024).

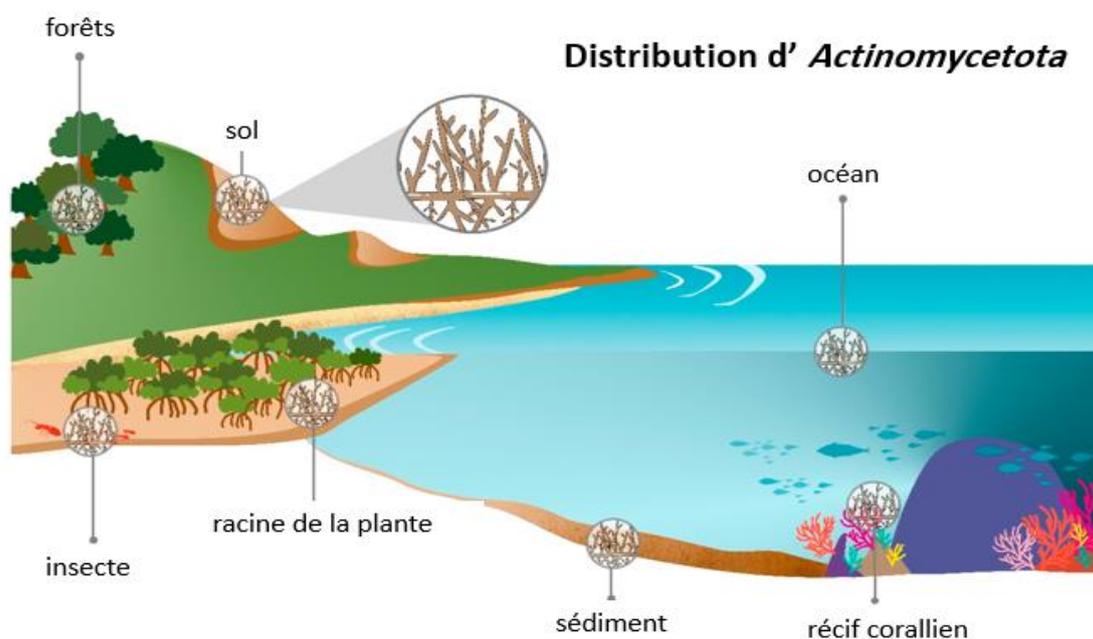


Figure 3. La Distribution des habitats des *Actinomycetota* (Ngamcharunghit *et al.*, 2023).

Les *Actinomycetota* jouent un rôle important dans la décomposition des substances organiques, qui a été présent dans les composts telle que la cellulose, l'hémicellulose, la

lignine et la kératine (Zermane *et al.*, 2007). Le tableau 6 présentés les principaux habitats de quelque genre d'*Actinomycetota*.

Tableau 6. Les Habitats naturel de certains genres d'*Actinomycetota*.

<i>Actinomycetota</i>	Habitat
<i>Streptomyces</i> et <i>Micromonospora</i> (Bredholdt <i>et al.</i> , 2007)	Sédiments d'eau peu frondes
<i>Nocardia</i> et <i>Pseudonocardia</i> (Boufridi <i>et al.</i> , 2023)	Environnements symbiotiques d'éponges dans les océans atlantique et pacifique
<i>Nocardia</i> et <i>Streptomyces</i> (George <i>et al.</i> , 2012)	Le sol (les zones humides et les régions montagneuses)
<i>Rhodococcus</i> et <i>Actinomyces</i> (Lee <i>et al.</i> , 2022)	Les écosystèmes de sol

III. GENRE *MICROBISPORA*

Le genre *Microbispora* regroupe des bactéries aérobies, Gram positives, immobiles et mésophiles. Ces micro-organismes présentent un taux de élevé de guanine + cytosine (G+C) dans leur ADN génomique compris entre 68% et 73%. Ils appartiennent à la famille des *Streptosporangiaceae*, dans l'ordre des *Streptosporangiales*. Le genre a été décrit pour la première fois par Nonomura et Ohara en 1957, et son espèce type est *Microbispora rosea*.

L'une des caractéristiques physiologiques notables de *Microbispora* est la formation de mycéliums aériens et de substrats ramifiés, ainsi que de chaînes de spores disposées longitudinalement sur de courts hyphes aériens. Ces bactéries présentent une croissance lente : la formation de colonies macroscopiques visibles sur gélose peut prendre entre 2 et 4 semaines, tandis que la sporulation complète nécessite entre 4 et 6 semaines.

Les espèces du genre *Microbispora* sont généralement isolées à partir de sols, de litières végétales, ou en tant qu'épiphytes et endophyte de plantes. Certaines souches ont également été retrouvées dans des habitats plus spécifiques, comme les sédiments marins, les environnements extrêmes, ou encore en association avec des insectes.

Du point de vue biotechnologique, *Microbispora* est un genre d'intérêt croissant, car plusieurs espèces sont capables de produire des métabolites secondaires bioactifs, notamment des antibiotiques, des enzymes industrielles, et des composés aux propriétés antifongiques ou antitumorales (<https://actinobase.org/>).

Actuellement, il existe 13 espèces validée qui appartiennent au genre *Microbispora*, dont la classification taxonomiques à été établir comme suit : ([https : www.ezbiocloud.net/](https://www.ezbiocloud.net/))

Domaine : *Bacteria*

Phylum : *Actinomycetota*

Classe : *Actinomycetia*

Ordre : *Streptosporangiales*

Famille : *Streptosporangiaceae*



*Matériel et
Méthodes*

Chapitre II : Matériel et méthodes

II.1. Espèces étudiées

Treize espèces du genre *Microbispora* ont été choisies pour réaliser une comparaison entre l'étude chimiotaxonomique (à la base de coefficient de *Dice* et *Ochiai*) et l'étude moléculaire. Les treize espèces sont (par ordre chronologique de découverte) :

- ***Microbispora rosea*** : est une espèce essentielle, en raison de son importance écologique et biotechnologique, Deux nouvelles sous espèces ont été découvertes grâce à les études taxonomiques récentes, y compris *Microbispora rosea* subsp. *rosea* et *Microbispora rosea* subsp. *aerata*, ce qui conduit à des avancées dans les méthodes de classification telles que le séquençage du génome entier et l'hybridation numérique ADN-ADN (Miyadoh *et al.*, 1990; Bouras et Machado, 2024).

- ***Microbispora corallina*** : est une espèce connue par la production de la microbisporine, qui possède un large spectre d'action contre l'espèce de *Staphylococcus aureus* et qui la capacité de résistant à la méthicilline (Fernández-Martínez *et al.*, 2015).

- ***Microbispora siamensis*** : est une espèce caractérisée par la formation des spores disposées en paires sur des sporophores courts qui sortent des hyphes aériennes. Une étude phylogénétique repose sur les séquences du gène de l'ARNr 16S indique une forte affinité avec d'autres espèces appartenant au genre *Microbispora*, comme *Microbispora corallina*, montrant un taux de similarité de 98,4%. Cette espèce a été isolé à partir d'un sol en Thaïlande (Boondaeng *et al.*, 2009).

- ***Microbispora hainanensis*** : est une nouvelle espèce caractérisé par la production des spores disposées longitudinale à partir des hyphes aériennes, ainsi qu'une forte similarité de la séquence du gène d'ARNr 16S avec celle *Microbispora corallina*. Cette bactérie montre un teneur en C+G de 70,8%. Cette espèce a été isolée du sol rhizosphérique d'*Excoecaria agallocha* dans un écosystème de mangrove situé à Hainan, en Chine (Xu *et al.*, 2012).

- ***Microbispora bryophytorum*** : est une espèce isolée à partir de mousse (*Bryophyta*), elle caractérisé par la formation des spores appariées longitudinalement, non mobiles, sur de courts sporophores ramifiés à partir d'hyphes aériens (Li *et al.*, 2015).

- ***Microbispora camponoti*** : est une espèce isolée à partir la cuticule de la fourmi *Camponotus japonicus* Mayr, elle se caractérisé par la production des spores jumelées longitudinalement sur de petits sporophore et contient de l'acide méso-daiminopimélique dans sa paroi cellulaire, et présente un contenu en C+G de 69,5% (Han *et al.*, 2016).

- ***Microbispora soli*** : est une espèce isolée du sol dans une zone thermale. Elle se caractérise par l'existence d'acide méso-daiminopimélique dans le peptidoglycane, la teneur en C+G de l'ADN génomique de cette espèce est de 70,2% et affiche une parenté génétique étroite avec *Microbispora hainanensis* (Kittirisopit *et al.*, 2018).
- ***Microbispora sitophila*** : Issu du sol rhizosphérique du blé (*Triticum aestivum*). L'étude phylogénétique met en évidence un lien fort avec *Microbispora bryophytorum*, affichant une concordance de 99.2% dans la séquence du gène d'ARNr 16S (Guo *et al.*, 2019).
- ***Microbispora catharanthi*** : est une espèce endophyte isolée à partir de la racine de *Catharanthus roseus*. Elle se différencie par la production de spores ovoïdes à circulaires, lisses en surface qui sont portées par des sporophores courts, elle possède également de l'acide méso-daiminopimélique dans le peptidoglycane. L'espèce est reconnue pour sa forte similarité génétique avec *Microbispora tritici* (Klykleung *et al.*, 2020).
- ***Microbispora clausenae*** : isolée à partir de la tige de plante médicinale thaïlandaise *Clausena excavata*, Cette espèce endophyte présente un mycélium de substrat bien développé et forme des spores par paire. La teneur en C+G de son ADN est de 70% (Kaewkla *et al.*, 2020).
- ***Microbispora maris*** : est une espèce isolée à partir des branches d'un mérou léopard corallien sur l'île Yongxing, dans la province de Hainan, en Chine. L'analyse du gène d'ARNr 16S indique que cette bactérie présente des similarités élevées avec plusieurs espèces : *M. rosea* (98,7%), *M. hainanensis* (98,5%), *M. clausenae* (98,4%), *M. bryophytorum* (98,1%) et *M. oryzae* (98,0%). Le séquençage du génome révéla une teneur en C+G de 71,6% (Xie *et al.*, 2024).
- ***Microbispora oryzae*** : Issu des feuilles de riz, une nouvelle *Actinomycetota* nommée *Microbispora oryzae* souche RL4-1ST a été isolée. Ce microorganisme caractérise par une position phylogénétique unique, un profil lipidique polaire spécifique et des acides gras cellulaires distincts (Muangham et Duangmal, 2021).
- ***Microbispora triticiradicis*** : À partir des racines de blé, une nouvelle espèce nommée *Microbispora triticiradicis* a été isolée, Elle se caractérise par des critères chimiotaxonomiques, morphologiques et génétiques spécifiques (Han *et al.*, 2018).

II.2. Etude chimiotaxonomique

Cette étude se focalise sur les composants cellulaires de treize espèces appartenant au genre *Microbispora*, notamment les sucres, les acides aminés, les phospholipides, les acides gras et les ménaquinones. Ces éléments ont été analysés en utilisant un critère binaire «présence ou absence» afin de comparer la composition de la paroi cellulaire. Si une espèce possède une caractéristique donnée, elle se voit attribuer la valeur 1; dans le cas contraire, elle obtient la valeur 0. Les résultats de cette analyse sont présentés sous forme de tableau, où chaque ligne correspond à l'une des treize espèces étudiées et chaque colonne à un constituant biochimique (sucres, acides aminés, ménaquinones, etc.).

II.2.1. Mesure de similarité

Divers critères sont considérés lors de l'évaluation de la similarité afin d'identifier les similitudes et les différences entre les espèces analysées. Pour notre étude, nous avons utilisé deux indices de similarité *Dice* et *Ochiai*.

II.2.1.1. Indice de *Dice*

L'indice *Dice*, dans le domaine de la bioinformatique, détermine la affinité entre deux individus en se basant sur les groupes communes.

La formule suivante est utilisée pour calculer cet indice :

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

Tableau 7. Les Matrices de distances

	1	0
1	a	b
0	c	d

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

Tableau 8. Tableau des exemples pratiques

Caractère Espèce	A1	A2	A3	A4	A5
M1	1	0	0	1	1
M2	1	0	0	0	0
M3	1	0	0	0	1
M4	1	0	0	0	0

- La similitude entre M1 et M2 :

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

$$D = (2) / (2 + 0 + 2) = 0,5 \rightarrow 50\%.$$

- Le degré de similitude entre M1 et M2 est de 50%.

II.2.1.2. Indice d'Ochiai

L'indice d'Ochiai évalue la similarité entre deux habitats en se basant sur les espèces étudiées. Il est déterminé grâce à une matrice de données des espèces.

La formule suivante est utilisée pour calculer cet indice :

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

Tableau 9. Tableau des exemples pratiques

Caractère Espèce	A1	A2	A3	A4	A5
M1	1	0	0	1	1
M2	1	0	0	0	0
M3	1	0	0	0	1
M4	1	0	0	0	0

- La similitude entre M1 et M2 :

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

$$O = 1 / \sqrt{((1+0)(1+2))} = 0.57 \rightarrow 57\%$$

- Le degré de similitude entre M1 et M2 est de 57%.

L'exploitation des bases de données a été réailisé par le logiciel PAST3.

II.2.2. PAST3 (PAleontological STatistics 3)

C'est un logiciel qui propose la possibilité d'examiner les données numériques (soit 1 soit 0), et par conséquent, il est possible de générer des dendrogrammes précis à partir de divers fichiers : documents texte, excel, etc.

PAST

PAleontological STatistics

Version 3.22



Figure 4. Logiciel PAST3.

II.2.3. MEGA 11 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis 11*)

MEGA 11, dans sa onzième version, participe à l'étude taxonomique des espèces en traitant automatiquement les séquences nucléotidiques. Grâce à l'alignement multiple, il permet de générer des arbres phylogénétiques (dendrogrammes précis), un logiciel outillée pour classification rigoureuse des souches ou des espèces bactériennes.



Figure 5. Logiciel MEGA 11 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*).

II.2.3.1. Création d'alignements de séquences multiples

À partir des séquences nucléotidiques de l'ARNr 16S de treize espèces, obtenu de la base de données LPSN (*List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature*) et sauvegardées au format FASTA (format standard pour les séquences biologiques), ont été utilisées dans une étude comparative débutant par *M. maris* (considérée comme souche de référence). L'adresse suivante fournit l'accès aux données du séquences de l'ARNr 16S (<https://bacterio.net/>).



Figure 6. Base de données LPSN (*List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature*). Le logiciel MEGA 11 assurer Un alignement multiple des séquences. Par les étapes ci-dessous :

L'analyse commence par le lancement du logiciel MEGA 11, puis en accédant à l'explorateur d'alignement en cliquant sur l'icône correspondante. Les séquences non alignées, enregistrées au préalable au format FASTA, sont importées via le menu Data > Open > Get Sequences. Une fois les séquences chargées, il faut les sélectionner toutes à l'aide de la commande Edit > Select All, en vue de les aligner. L'alignement est ensuite réalisé en

utilisant l'algorithme *ClustalW*, accessible via Alignment > Align by ClustalW. Après l'alignement, il est recommandé d'enregistrer la session en cours à travers Data > Save Session, ce qui permettra de la récupérer ultérieurement. Pour conclure, il suffit de quitter l'explorateur d'alignement. Un message s'affichera pour confirmer l'enregistrement de l'alignement sous un fichier au format MEGA : il convient alors de répondre par « oui » et de renommer le fichier pour simplifier son ouverture lors d'une prochaine session sur MEGA 11 (Tamura *et al.*, 2021).

II.2. Etude moléculaire

La phylogénie moléculaire, utilisant les séquences nucléotidiques de l'ARNr 16S, est appliquée pour examiner les relations de parenté entre les espèces et approfondir la compréhension de leur évolution à partir des données de séquençage (Lopez *et al.*, 2002).

La phylogénie repose sur le principe de comparer les caractéristiques distinctives d'un groupe d'individus pour déterminer leur histoire commune ou non. L'analyse moléculaire repose essentiellement sur l'utilisation de programmes informatiques performants, capables de traiter et d'examiner les données saisies, exprimant ainsi les classifications taxonomiques qui seront par la suite représentées sous forme de dendrogrammes.

II.2.1. EZbiocloud

C'est une plateforme qui permet l'identification et la découverte du microbiome, grâce à l'utilisation des séquences des gènes et de génome d'ARN16s afin de fournir des informations taxonomiques exactes sur le domaine de bactéries et des archaïes. EZbiocloud contient un total de 109 835 des bactéries répertoriées, dont 21 964 espèces portant des noms publiés et valides. En outre, 47 896 sont des espèces qui ont été identifiées par deux manières soit par la similarité des séquences d'ARN16s (phylotypes) ou bien par le ANI de génome entier (génomospécies). Enfin, 39 975 (le nombre qui reste) ont été positionnés dans l'arbre taxonomique à l'aide de cgANI (groupe d'espèces) (Chalita *et al.*, 2024).

De plus, afin d'évaluer le degré de similarité avec les autres espèces, une séquence de référence a été intégrée dans EZbiocloud (*Microbispora maris*).

Le traitement se fait par les étapes suivantes :

D'abord, Accès à la plateforme (<https://www.ezbiocloud.net/>). Puis donner la dénomination des séquences à analyser. Et enfin l'insertion des séquences nucléotidiques de l'ARN ribosomique 16S au format FASTA.



Résultats et discussion

III.1. Etude chimiotaxonomique

La lecture attentive des publications scientifiques relatives aux treize espèces du genre *Microbispora*, dont certaines publiées dans le *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* (IJSEM) et d'autres dans des revues spécialisées en microbiologie, nous a permis d'établir une comparaison détaillée de leurs caractéristiques chimiotaxonomiques. Ces études, basées sur des approches polyphasiques, fournissent des données précises sur la composition de la paroi cellulaire, les acides aminés, les sucres, les phospholipides, ainsi que les profils de ménaquinones, ce qui permet une classification plus rigoureuse des espèces du genre *Microbispora*.

III.1.1 Sucres

Le tableau 10 présente les sucres signalés dans la paroi cellulaire des espèces de *Microbispora*.

Tableau 10. Sucres spécifiques présents dans la paroi cellulaire des différentes espèces de *Microbispora* (suivant l'ordre chronologique).

Espèce	Glu	Man	Gala	Rham	Rib	Mad	Ara	Xyl
<i>M. rosea</i> (Miyadoh <i>et al.</i> , 1999) (Jin <i>et al.</i> , 2001)	- / -	- / -	- / -	+ / -	- / -	+ / -	- / -	- / -
<i>M. corallina</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999)	+	+	-	-	+	+	-	-
<i>M. siamensis</i> (Boondaeng <i>et al.</i> , 2009)	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. hainanensis</i> (Xiong <i>et al.</i> , 2012)	+	-	+	-	+	-	-	-
<i>M. bryophytorum</i> (Li <i>et al.</i> , 2015) (Li <i>et al.</i> , 2016)	+ / -	- / -	- / -	- / -	- / -	+ / -	- / -	- / -
<i>M. triticiradicis</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	+	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. camponoti</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. soli</i> (kittisrisopit <i>et al.</i> , 2018)	+	-	-	-	+	+	-	-
<i>M. sitophila</i> (Guo <i>et al.</i> , 2019)	+	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. catharanthi</i> (Klykleung <i>et al.</i> , 2020)	+	-	+	+	+	+	-	+
<i>M. clausenae</i> (Kaewkla <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	-	-	+	-	-
<i>M. oryzae</i> (Muangham <i>et al.</i> , 2021)	+	-	-	-	+	+	-	-
<i>M. maris</i>	+ / -	- / -	- / -	- / +	+ / +	+ / -	- / +	- / +

(Xie <i>et al.</i> , 2024) / (Yi <i>et al.</i> , 2024)								
Fréquence	10/13	2/13	3/13	3/13	6/13	12/13	1/13	2/13
	76,92%	15,38%	23,07%	23,07%	46,15%	92,30%	7,69%	15,38%

Gluc: glucose; **Man** :mannose; **Gal**: galactose; **Rham** : rhamnose; **Rib**: ribose;
Mad: madurose; **Ara** :arabinose; **Xyl** :xylose.

L'analyse des articles publiés a montré la détection de deux types de sucres (glucose et madurose) chez presque la majorité des espèces de *Microbispora* analysées, ce qui indique qu'il existe éventuellement deux biomarqueurs glucidiques pour ce genre. En revanche, nous avons remarqué que le ribose existe chez la moitié des espèces appartenant à ce genre.

III.1.2. Ménaquinones

Le tableau 11 présente les principales ménaquinones retrouvées dans la membrane des espèces étudiées.

Tableau 11. Les ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire des espèces de *Microbispora* (présence/absence).

Espèce	MK-9	MK-9(H ₀)	MK-9(H ₂)	MK-9 (H ₄)	MK-9(H ₆)	MK-9(H ₈)	MK-10(H ₀)
<i>M. rosea</i> (Miyadoh <i>et al.</i> , 1999) (Jin <i>et al.</i> , 2001)	-	+	+	+	-	-	-
<i>M. corallina</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999)	-	+	+	+	-	-	-
<i>M. siamensis</i> (Boondaeng <i>et al.</i> , 2009)	+	+	+	+	-	-	-
<i>M. hainanensis</i> (Xiong <i>et al.</i> , 2012)	-	+	+	+	-	-	+
<i>M. bryophytorum</i> (Li <i>et al.</i> , 2015) (Li <i>et al.</i> , 2016)	-	+	+	+	-	-	-
<i>M. triticiradicis</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	+	+	+	-	-	-
<i>M. camponoti</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	+	+	-	-	-
<i>M. soli</i> (kittisrisopit <i>et al.</i> , 2018)	-	+	+	+	+	-	-
<i>M. sitophila</i> (Guo <i>et al.</i> , 2019)	-	+	+	+	-	-	-
<i>M. catharanthi</i> (Klykleung <i>et al.</i> ,	-	+	+	+	+	-	-

2020)							
<i>M. clausenae</i> (Kaewkla <i>et al.</i> , 2020)	-	+	+	+	+	-	-
<i>M. oryzae</i> (Muangham <i>et al.</i> , 2021)	+	-	+	+	+	+	-
<i>M. maris</i> (Xie <i>et al.</i> , 2024) / (Yi <i>et al.</i> , 2024)	- / -	+ / +	+ / +	+ / +	+ / +	- / -	- / -
Fréquence	2/13	11/13	13/13	13/13	5/13	1/13	1/13
	15,38	84,61%	100%	100%	38,46%	7,69%	7,69%

L'analyse des articles publiés a révélé chez toutes les espèces la présence d'uniquement deux ménaquinones : MK-9(H2) et MK-9(H4), qui agissent comme des biomarqueurs ménaquinones de ce genre.

III.1.3. Phospholipides

Le tableau 12 illustre la composition en phospholipides de la membrane des espèces examinées.

Tableau 12. Phospholipides caractéristiques de la membrane des espèces étudiées.

Espèce	PE	PI	PC	PG	PIM	DPG	PIMs
<i>M. rosea</i> (Miyadoh <i>et al.</i> , 1999) (Jin <i>et al.</i> , 2001)	-	+	+	-	-	-	-
<i>M. corallina</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999)	+	-	-	-	-	-	-
<i>M. siamensis</i> (Boondaeng <i>et al.</i> , 2009)	+	+	-	-	+	+	-
<i>M. hainanensis</i> (Xiong <i>et al.</i> , 2012)	+	+	-	-	+	+	-
<i>M. bryophytorum</i> (Li <i>et al.</i> , 2015) (Li <i>et al.</i> , 2016)	+	+	-	-	+	+	-
<i>M. triticiradicis</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	+	-	-	-	+	+	-
<i>M. camponoti</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	+	+	-	-	+	+	-
<i>M. soli</i> (kittisrisopit <i>et al.</i> , 2018)	+	-	-	-	-	+	-
<i>M. sitophila</i> (Guo <i>et al.</i> , 2019)	+	+	-	-	+	+	-
<i>M. catharanthi</i> (Klykleung <i>et al.</i> , 2020)	+	+	-	-	+	+	+
<i>M. clausenae</i> (Kaewkla <i>et al.</i> , 2020)	+	+	-	-	-	+	-

<i>M. oryzae</i> (Muangham <i>et al.</i> , 2021)	+	+	-	-	+	+	-
<i>M. maris</i> (Xie <i>et al.</i> , 2024) / (Yi <i>et al.</i> , 2024)	+/+	+/+	-/-	-/+	+/-	+/-	-
Fréquence	12/13	10/13	1/13	1/13	9/13	11/13	11/13
	92,30%	76,92%	7,69 %	7,69%	69,23%	84,61%	84,61%

PE : Phosphatidyléthanolamine; **PI** : Phosphatidylinositol; **PC**: Phosphatidylcholine;

PG : Phosphatidylglycérol; **PIM** : Phosphatidylinositol-mannoside; **DPG** : diphosphatidylglycerol;
PIMs : Phosphatidylinositolmannosides.

Tableau13. Phospholipides caractéristiques de la membrane des espèces (présence/absence).

Espèce	GPL	PMME	PME	NPGLs	OH-PE	PIDM	NPL
<i>M. rosea</i> (Miyadoh <i>et al.</i> , 1999) (Jin <i>et al.</i> , 2001)	-	-	-	-	-	-	-
<i>M. corallina</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999)	-	-	-	+	-	-	-
<i>M. siamensis</i> (Boondaeng <i>et al.</i> , 2009)	-	-	+	+	-	-	-
<i>M. hainanensis</i> (Xiong <i>et al.</i> , 2012)	-	-	-	-	-	-	-
<i>M. bryophytorum</i> (Li <i>et al.</i> , 2015) (Li <i>et al.</i> , 2016)	-	+	-	-	-	-	-
<i>M. triticiradicis</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	-	+	-	-	-
<i>M. camponoti</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	+	-	-	-	-	-
<i>M. soli</i> (kittirisopit <i>et al.</i> , 2018)	+	-	-	-	-	-	+
<i>M. sitophila</i> (Guo <i>et al.</i> , 2019)	-	+	-	+	-	-	-
<i>M. catharanthi</i> (Klykleung <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	+	+	-	-
<i>M. clausenae</i> (Kaewkla <i>et al.</i> , 2020)	-	+	-	-	-	+	-
<i>M. oryzae</i> (Muangham <i>et al.</i> , 2021)	-	-	-	+	+	-	-
<i>M. maris</i> (Xie <i>et al.</i> , 2024) / (Yi <i>et al.</i> , 2024)	-/-	-/-	+/+	-/-	-/-	-/-	-/-
Fréquence	1/13	4/13	2/13	6/13	2/13	1/13	1/13
	7,69%	30,76%	15,38%	46,15%	15,38%	7,69%	7,69%

GPL : Glycophospholipides; **PMME** : Phosphatidylmonométhyl-ethanolamine; **PME** : Phosphatidylméthylethanolamine; **NPGLs** :Ninhydrin-Positive Glyco Phospholipids; **OH-PE**: Hydroxy-Phosphatidyléthanolamine; **NPL**: Ninhydrin-Positive Lipid.

Le genre *Microbispora* présente un profil phospholipidique dominé majoritairement par la présence de phosphatidyléthanolamine (PE), de diphosphatidylglycérol (DPG), de phosphatidylinositol (PI), de phosphatidylinositolmannosides (PIM) et des lipides non identifiés, qui sont assimilés aux phospholipides de type PII (Lechevalier *et al.*, 1977).

Cependant, les recherches sur le genre *Microbispora* ont révélé la présence de deux phospholipides caractéristiques comme biomarqueurs : la phosphatidyléthanolamine (PE) et la diphosphatidylglycérol (DPG) chez toutes les espèces étudiées, et l'absence, pour certaines, de phospholipides spécifiques au genre tels que la phosphatidylinositolmannosides (PIM).

III.1.4. Acides aminés

Le tableau 14 illustre les acides aminés présents dans la membrane plasmique des espèces examinées.

Tableau 14. Acides aminés caractéristiques de la paroi des espèces de *Microbispora*.

Espèce	Glu	Ala	Gly	GlcN	Acide LL-DAP	Acide méso-DAP	Lysine	MurN Ac
<i>M. rosea</i> (Miyadoh <i>et al.</i> , 1999) (Jin <i>et al.</i> , 2001)	- / -	- / -	- / -	+ / -	+ / -	+ / -	-	+ / -
<i>M. corallina</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999)	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. siamensis</i> (Boondaeng <i>et al.</i> , 2009)	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. hainanensis</i> (Xiong <i>et al.</i> , 2012)	-	-	-	+	-	+	-	-
<i>M. bryophytorum</i> (Li <i>et al.</i> , 2015) (Li <i>et al.</i> , 2016)	- / -	+ / -	- / -	- / -	- / +	+ / -	-	-
<i>M. triticiradicis</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. camponoti</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. soli</i> (kittisrisopit <i>et al.</i> , 2018)	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. sitophila</i> (Guo <i>et al.</i> , 2019)	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. catharanthi</i>								

(Klykleung <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. clausenae</i> (Kaewkla <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	+	+	+	-	-
<i>M. oryzae</i> (Muangham <i>et al.</i> , 2021)	-	-	-	-	-	+	-	-
<i>M. maris</i> (Xie <i>et al.</i> , 2024) / (Yi <i>et al.</i> , 2024)	-/+	-/+	-/+	-/-	-/-	+	-/+	-/-
Fréquence	1/13	2/13	1/13	3/13	2/13	13/13	1/13	1/13
	7,69%	15,38%	7,69%	23,07%	15,38%	100%	7,69%	7,69%

Glu : acide glutamique; **Ala** : alanine; **Gly** : glycine; **GlcN** : Glucosamine; **acide méso-DAP** : acide *méso*-diaminopénilique; **acide LL-DAP** : acide LL-diamino-pénilique; **MurNAc** : N-acetylatedmuramic; **Lysine**.

L'analyse des articles publiés a montré que le genre *Microbispora* se caractérise par la présence de l'isomère DL de l'acide daiminopimélique (*méso*-DAP) dans leur paroi cellulaire, ce qui correspond au chimiotype IVA d'après l'explication de Lechevalier et Lechevalier (1970). Autrement, nous avons observé l'absence de l'isomère LL de l'acide daiminopimélique (LL-DAP), d'acide glutamique (Glu), d'alanine (Ala), de glycine (Gly), de glucoseamine (GlcN) et de N- acetylated muramic (MurNAc).

III.1.5. Acides gras

Les différents acides gras présentés dans la composition cellulaire des espèces sont citées dans les tableaux suivants :

Tableau 15. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées.

Espèce	C _{13:0}	C _{14:0}	C _{14:1}	C _{15:0}	C _{16:0}	C _{16:1}	C _{17:0}	C _{17:1}	C _{18:0}
<i>M. rosea</i> (Miyadoh <i>et al.</i> , 1999) (Jin <i>et al.</i> , 2001)	-/-	-/-	-/-	+/-	+/-	+/-	+/-	-	+/-
<i>M. corallina</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999)	+	+	+	+	+	+	+	+	+
<i>M. siamensis</i> (Boondaeng <i>et al.</i> , 2009)	-	-	-	+	-	-	-	-	-
<i>M. hainanensis</i> (Xiong <i>et al.</i> , 2012)	-	-	-	+	+	-	+	-	-
<i>M. bryophytorum</i> (Li <i>et al.</i> , 2015) (Li <i>et al.</i> , 2016)	-/-	-/-	-/-	+/-	+/+	-/-	-/-	-	+/-
<i>M. triticiradicis</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	-	+	+	-	-	-	-
<i>M. camponoti</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	+	-	+	+	-	+	-	+

<i>M. soli</i> (kittirisopit <i>et al.</i> , 2018)	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>M. sitophila</i> (Guo <i>et al.</i> , 2019)	-	+	-	+	+	-	+	-	+
<i>M. catharanthi</i> (Klykleung <i>et al.</i> , 2020)	-	+	-	-	+	-	+	-	+
<i>M. clausenae</i> (Kaewkla <i>et al.</i> , 2020)	-	+	-	+	+	-	+	-	+
<i>M. oryzae</i> (Muangham <i>et al.</i> , 2021)	-	-	-	-	+	-	+	-	-
<i>M. maris</i> (Xie <i>et al.</i> , 2024) / (Yi <i>et al.</i> , 2024)	- / -	+ / -	- / -	+ / -	+ / -	- / -	+ / -	- / -	+ / -
Fréquence	1/13	5/13	1/13	9/13	11/13	2/13	8/13	1/13	7/13
	7,69%	38,46 %	7,69%	69,23%	84,61%	15,38%	61,53 %	7,69%	53,84%

Tableau 16. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées (suite).

Espèce	C _{18:1}	C _{19:0}	Iso-C _{14:0}	Iso-C _{15:0}	Iso-C _{16:0}	Iso-C _{16:1}	Iso-C _{17:0}	Iso-C _{18:0}	Iso-C _{18:1}	Anteiso-C _{14:0}
<i>M. rosea</i> (Miyadoh <i>et al.</i> , 1999) (Jin <i>et al.</i> , 2001)	+ / -	-	- / -	+ / -	+ / -	- / -	- / -	+ / -	- / -	-
<i>M. corallina</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999)	+	-	+	+	-	+	+	+	+	-
<i>M. siamensis</i> (Boondaeng <i>et al.</i> , 2009)	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-
<i>M. hainanensis</i> (Xiong <i>et al.</i> , 2012)	-	-	-	+	+	-	+	+	-	-
<i>M. bryophytorum</i> (Li <i>et al.</i> , 2015) (Li <i>et al.</i> , 2016)	- / -	-	- / -	+ / -	+ / +	- / -	- / -	-	- / -	- / -
<i>M. triticiradicis</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-
<i>M. camponoti</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	+	+	+	-	+	+	-	-
<i>M. soli</i> (kittirisopit <i>et al.</i> , 2018)	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-
<i>M. sitophila</i> (Guo <i>et al.</i> , 2019)	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-
<i>M. catharanthi</i> (Klykleung <i>et al.</i> , 2020)	-	-	+	+	+	-	+	-	-	-

2020)										
<i>M. clausenae</i> (Kaewkla <i>et al.</i> , 2020)	-	-	+	+	+	-	+	-	-	-
<i>M. oryzae</i> (Muangham <i>et al.</i> , 2021)	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-
<i>M. maris</i> (Xie <i>et al.</i> , 2024) / (Yi <i>et al.</i> , 2024)	- / -	+ / -	+ / -	+ / -	+ / +	- / -	+ / -	+ / +	- / -	+ / -
Fréquence	2/13	1/13	4/13	7/13	12/13	2/13	6/13	5/13	1/13	1/13
	15,38 %	7,69 %	30,7 6%	53,84 %	92,30 %	15,38 %	46,15 %	38,46 %	7,69 %	7,69%

Tableau 17. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaires des espèces étudiées (suite).

Espèce	Anteiso - C _{15:0}	Anteiso - C _{17:0}	10-Methyl C _{16:0}	10-Methyl C _{17:0}	10-Methyl C _{18:0}	C _{16:1 w7c}
<i>M. rosea</i> (Miyadoh <i>et al.</i> , 1999) (Jin <i>et al.</i> , 2001)	- / -	+ / -	+ / -	+ / -	+ / -	- / -
<i>M. corallina</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999)	+	+	+	+	+	-
<i>M. siamensis</i> (Boondaeng <i>et al.</i> , 2009)	-	-	-	-	-	-
<i>M. hainanensis</i> (Xiong <i>et al.</i> , 2012)	-	+	+	+	-	+
<i>M. bryophytorum</i> (Li <i>et al.</i> , 2015) (Li <i>et al.</i> , 2016)	- / +	- / -	+ / -	+ / -	+ / -	- / -
<i>M. triticiradicis</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	+	-	+	-	+
<i>M. camponoti</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	+	+	+	+	-	-
<i>M. soli</i> (kittirisopit <i>et al.</i> , 2018)	-	+	-	-	-	-
<i>M. sitophila</i> (Guo <i>et al.</i> , 2019)	-	+	-	+	+	-
<i>M. catharanthi</i> (Klykleung <i>et al.</i> , 2020)	+	-	-	+	-	-
<i>M. clausenae</i> (Kaewkla <i>et al.</i> , 2020)	-	+	+	+	-	-
<i>M. oryzae</i> (Muangham <i>et al.</i> , 2021)	-	-	-	-	+	-
<i>M. maris</i>						

(Xie <i>et al.</i> , 2024) / (Yi <i>et al.</i> , 2024)	- / -	+ / -	- / -	- / -	- / -	- / -
Fréquence	4/13	8/13	6/13	9/13	5/13	1/13
	30,76%	61,53%	46,15%	69,23%	38,46%	7,69%

Tableau 18. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaires des espèces étudiées (suite).

Espèce	C _{16:1} w5c	C _{16:1} w9c	C _{17:1} w6c	C _{17:1} w7c	C _{17:1} w8c	Cyclo C ₁₇	C _{18:1} w2c	C _{18:1} w9c
<i>M. rosea</i> (Miyadoh <i>et al.</i> , 1999) (Jin <i>et al.</i> , 2001)	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -
<i>M. corallina</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999)	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>M. siamensis</i> (Boondaeng <i>et al.</i> , 2009)	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>M. hainanensis</i> (Xiong <i>et al.</i> , 2012)	-	-	-	-	+	-	-	-
<i>M. bryophytorum</i> (Li <i>et al.</i> , 2015) (Li <i>et al.</i> , 2016)	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -
<i>M. triticiradicis</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	-	+	-	-	-	+
<i>M. camponoti</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	+	-	-	+	-	+	-	-
<i>M. soli</i> (kittirisopit <i>et al.</i> , 2018)	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>M. sitophila</i> (Guo <i>et al.</i> , 2019)	-	-	+	-	+	-	-	-
<i>M. catharanthi</i> (Klykleung <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>M. clausenae</i> (Kaewkla <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	-	-	-	+	-
<i>M. oryzae</i> (Muangham <i>et al.</i> , 2021)	- / -	/ -	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -
<i>M. maris</i> (Xie <i>et al.</i> , 2024) / (Yi <i>et al.</i> , 2024)	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -	- / -
Fréquence	1/13	1/13	1/13	1/13	2/13	2/13	1/13	1/13
	7,69%	7,6%	7,6%	7,69%	15,38%	15,38%	7,69%	7,69%

Tableau 19. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaires (en %) des espèces étudiées (suite).

Espèce	iso-H- C _{16:1}	iso- C _{16:0} h	C _{16:1} cis9	2-OH iso-C _{15:0}
<i>M. rosea</i> (Miyadoh <i>et al.</i> , 1999) (Jin <i>et al.</i> , 2001)	- / -	- / -	- / -	- / -
<i>M. corallina</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999)	-	-	-	-
<i>M. siamensis</i> (Boondaeng <i>et al.</i> , 2009)	-	-	-	-
<i>M. hainanensis</i> (Xiong <i>et al.</i> , 2012)	-	-	-	+
<i>M. bryophytorum</i> (Li <i>et al.</i> , 2015) (Li <i>et al.</i> , 2016)	- / -	- / -	- / -	- / -
<i>M. triticiradicis</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	-	-
<i>M. camponoti</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	-	-
<i>M. soli</i> (kittirisopit <i>et al.</i> , 2018)	-	-	-	-
<i>M. sitophila</i> (Guo <i>et al.</i> , 2019)	-	-	-	-
<i>M. catharanthi</i> (Klykleung <i>et al.</i> , 2020)	-	+	-	-
<i>M. clausenae</i> (Kaewkla <i>et al.</i> , 2020)	+	-	+	-
<i>M. oryzae</i> (Muangham <i>et al.</i> , 2021)	-	-	-	-
<i>M. maris</i> (Xie <i>et al.</i> , 2024) / (Yi <i>et al.</i> , 2024)	-	-	-	-
Fréquence	1/13	1/13	1/13	1/13
	7,69%	7,69%	7,69%	7,69%

Tableau 20. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaires des espèces étudiées (suite).

Espèce	Summedfeature 9b	2-OH C _{16:0}	3-OH C _{16:0}
<i>M. rosea</i> (Miyadoh <i>et al.</i> , 1999) (Jin <i>et al.</i> , 2001)	- / -	- / -	- / -
<i>M. corallina</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999)	-	-	-
<i>M. siamensis</i> (Boondaeng <i>et al.</i> , 2009)	-	-	-
<i>M. hainanensis</i> (Xiong <i>et al.</i> , 2012)	-	-	-
<i>M. bryophytorum</i> (Li <i>et al.</i> , 2015) (Li <i>et al.</i> , 2016)	- / -	- / -	- / -
<i>M. triticiradicis</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	-
<i>M. camponoti</i> (Han <i>et al.</i> , 2015)	-	-	-
<i>M. soli</i> (kittisrisopit <i>et al.</i> , 2018)	-	-	-
<i>M. sitophila</i> (Guo <i>et al.</i> , 2019)	-	-	-
<i>M. catharanthi</i> (Klykleung <i>et al.</i> , 2020)	+	-	-
<i>M. clausenae</i> (Kaewkla <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-
<i>M. oryzae</i> (Muangham <i>et al.</i> , 2021)	-	-	-
<i>M. maris</i> (Xie <i>et al.</i> , 2024) / (Yi <i>et al.</i> , 2024)	-	+ / -	+ / -
Fréquence	1/13	1/13	1/13
	7,69%	7,69%	7,69%

L'étude des publications pour les espèces de *Microbispora* a montré l'existence de deux acides gras majoritaires à ce genre : iso- C_{16:0} et C_{16:0}.

III.2. Résultats de calculs de similarité basé sur le coefficient de *Dice*

Suite à des calculs basés sur l'usage du coefficient de *Dice*, le tableau 21 a été produit.

Tableau 21. Pourcentages de similarité obtenus par l'indice de *Dice*.

Paire des séquences	M ₁₁	M ₀₁	M ₁₀	M ₀₀	Coefficient (similarité) de <i>Dice</i> $D = 2a/2a+b+c$	Pourcentage
<i>M. maris</i> / <i>M. maris</i>	37	00	00	47	(37)/2(37)	100%
<i>M. rosea</i> / <i>M. maris</i>	14	5	23	42	(14)/2(14)+5+23	50%
<i>M. corallina</i> / <i>M. maris</i>	18	13	19	34	(18)/2(18)+ 13+25	52%
<i>M. siamensis</i> / <i>M. maris</i>	12	3	25	44	2(12)/2(12)+3+25	46%
<i>M. hainanensis</i> / <i>M. maris</i>	18	9	19	38	2(18)+9+19	56%
<i>M. bryophytorum</i> / <i>M. maris</i>	15	8	22	39	2(15)+8+22	50%
<i>M. triticiradicis</i> / <i>M. maris</i>	14	5	23	42	2(14)+5+23	50%
<i>M. camponoti</i> / <i>M. maris</i>	19	6	18	41	2(19)+6+18	60%
<i>M. soli</i> / <i>M. maris</i>	11	2	24	45	2(11)+2+24	44%
<i>M. sitophila</i> / <i>M. maris</i>	17	5	20	42	2(17)+5+20	57%
<i>M. catharanthi</i> / <i>M. maris</i>	22	9	15	38	2(22)+9+15	63%
<i>M. clausenae</i> / <i>M. maris</i>	20	11	16	37	2(20)+11+16	59%
<i>M. oryzae</i> / <i>M. maris</i>	14	6	18	41	2(14)+6+18	49%

a (1, 1); b (0, 1); c (1, 0); d (0, 0).

M₁₁: a; M₀₁: b; M₁₀: c; M₀₀: d

III.3. Résultats de calculs de similarité basé sur le coefficient d'*Ochiai*

Suite à des calculs basés sur l'usage du coefficient d'*Ochiai*, le tableau 22 a été produit.

Tableau 22. Pourcentages de similarité obtenus par l'indice d'*Ochiai*.

Paire des séquences	M ₁₁	M ₀₁	M ₁₀	M ₀₀	Coefficient (Similarité) de <i>Ochiai</i> $O = 2a/\sqrt{(a+b)(a+c)}$	Pourcentage
<i>M. maris</i> / <i>M. maris</i>	37	00	00	47	37/ $\sqrt{(37)(37)}$	100%
<i>M. rosea</i> / <i>M. maris</i>	14	5	23	42	2(14)/ $\sqrt{(14+5)(14+23)}$	52%
<i>M. corallina</i> / <i>M. maris</i>	18	13	19	34	2(18)/ $\sqrt{(18+13)(18+19)}$	53%
<i>M. siamensis</i> / <i>M. maris</i>	12	3	25	44	2(12)/ $\sqrt{(12+3)(12+25)}$	50%

<i>M. hainanensis</i> / <i>M. maris</i>	18	9	19	38	$2(18)/\sqrt{(18+9)(18+19)}$	56%
<i>M. bryophytorum</i> / <i>M. maris</i>	15	8	22	39	$2(15)/\sqrt{(15+8)(15+22)}$	51%
<i>M. triticiradicis</i> / <i>M. maris</i>	14	5	23	42	$2(14)/\sqrt{(14+5)(14+23)}$	52%
<i>M. camponoti</i> / <i>M. maris</i>	19	6	18	41	$2(19)/\sqrt{(19+6)(19+18)}$	61%
<i>M. soli</i> / <i>M. maris</i>	11	2	24	45	$2(11)/\sqrt{(11+2)(11+24)}$	50%
<i>M. sitophila</i> / <i>M. maris</i>	17	5	20	42	$2(17)/\sqrt{(17+5)(17+20)}$	59%
<i>M. catharanthi</i> / <i>M. maris</i>	22	9	15	38	$2(22)/\sqrt{(22+9)(22+15)}$	63%
<i>M. clausenae</i> / <i>M. maris</i>	20	11	16	37	$2(20)/\sqrt{(20+11)(20+16)}$	60%
<i>M. oryzae</i> / <i>M. maris</i>	14	6	18	41	$2(14)/\sqrt{(14+6)(14+18)}$	51%

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

$$M_{11}: a; M_{01}: b; M_{10}: c; M_{00}: d$$

A la base d'indice de *Dice* et en fonction de la présence et l'absence de caractère chimiotaxonomique, un dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH), des espèces de *Microbispora* à été réalisés par l'ogiciel de Past3, les résultats sont montrés dans la figure 7 :

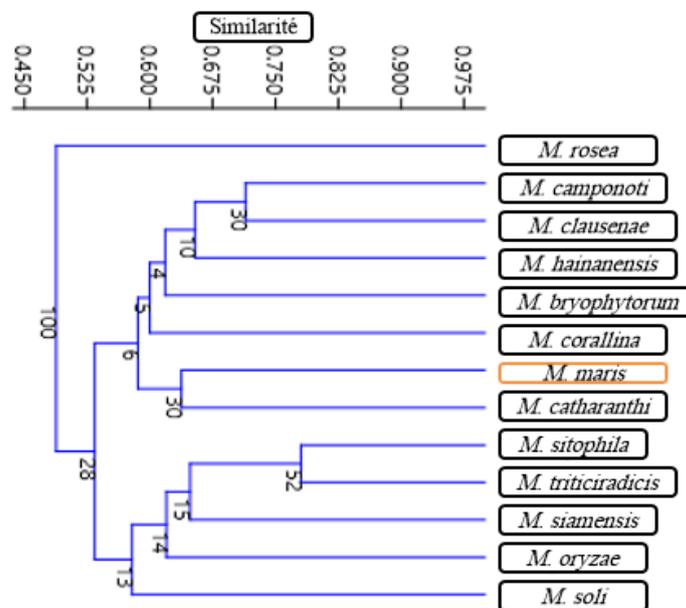


Figure 7. Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de *Microbispora* (à la base d'indice de Dice) en fonction des caractères chimiotaxonomique (présence/absence).

rosea et *M. triticiradicis*, et (51%) pour *M. oryzae* et *M. bryophytorum*, et finalement de pourcentage de (50%) pour *M. siamensis* et *M. soli*.

D'après les résultats de similarité (les dendrogrammes de similarité chimiotaxonomiques) des indices de *Dice* et d'*Ochiai*, une similitude remarquable (des pourcentages de similarité proche) au sein des espèces de *Microbispora* selon l'ordre suivant : *M. catharanthi*, *M. camponoti*, *M. clausenae*, *M. sitophila*, *M. hainanensis* et *M. corallina*. En effet, la différence est évidente dans la disposition (l'ordre) d'espèce de *Microbispora bryophytorum*, car leur disposition dans le tableau de similitude d'indice de *Dice* est le huitième, Alors qu'est le dixième pour le résultat d'*Ochiai*.

Donc, sur la base de ces résultats statistiques, et les dendrogramme chimiotaxonomique numériques on a trouvés que : l'espèce de *M. bryophytorum* est la plus proche par rapport l'espèce de référence *Microbispora maris* (pour le résultat de *Dice*). Alors qu'est la plus loin par rapport l'espèce de référence (pour le résultat d'*Ochiai*).

III.4. Etude moléculaire

Un dendrogramme des Treize espèces *Microbispora* a été réalisés par le logiciel MEGA11, (à la base des séquences d'ARNr 16S), la figure 9 représente les séquences nucléotidiques après l'alignement.

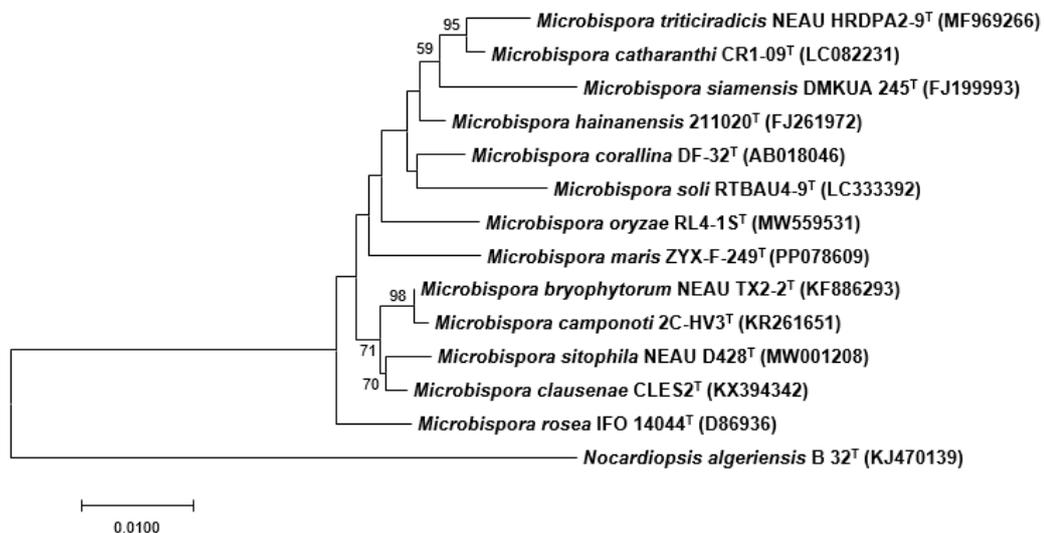


Figure 9. Dendrogramme montré les distances évolutives entre les espèces par l'utilisation d'ogiciel de EZbiocloud.

Les espèces les plus proches par rapport à l'espèce de *M. maris*, qui ont été présentés par le dendrogramme de similarité (basé sur les séquences d'ARNr 16S), sont par ordre :

M. rosea, *M. hainanensis*, *M. bryophytorum*, *M. clausenae*, *M. camponoti*, *M. catharanthi*, *M. sitophila*, *M. corallina*, *M. triticiradicis*, *M. siamensis* et finalement *M. soli*.

À partir la base de données EZbiocloud, les résultats ont été montré, comme présenté dans le tableau 20.

Tasks	Hit taxon name	Hit strain name	Accession	Similarity	Variation ratio	Hit taxonomy	Completeness (%)
☰ ○	<i>Microbispora rosea</i> subsp. <i>rosea</i>	ATCC 12950(T)	FTNI01000083	98.73	18/1422	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Streptosporangiales;Streptosporangia ceae;Microbispora;Microbispora rosea	100.0
☰ ○	<i>Microbispora hainanensis</i>	211020(T)	FJ261972	98.59	20/1421	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Streptosporangiales;Streptosporangia ceae;Microbispora	100.0
☰ ○	<i>Microbispora oryzae</i>	RL4-1S(T)	MW559531	98.43	22/1405	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Streptosporangiales;Streptosporangia ceae;Microbispora	98.1
☰ ○	<i>Microbispora bryophytorum</i>	NEAU-TX2-2(T)	KF886293	98.10	27/1422	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Streptosporangiales;Streptosporangia ceae;Microbispora	100.0
☰ ○	<i>Microbispora clausenae</i>	CLES2(T)	KX394342	98.03	28/1422	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Streptosporangiales;Streptosporangia ceae;Microbispora	100.0
☰ ○	<i>Microbispora camponoti</i>	2C-HV3(T)	KR261651	97.96	29/1422	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Streptosporangiales;Streptosporangia ceae;Microbispora	100.0

Tableau 23. Le degré de similitude entre *M. maris* et les autres espèces de *Microbispora*.

L'ordre de la similarité (degré de similitude) des espèces par rapport à l'espèce de *M. maris*, a été établi par la base de données EZbiocloud comme suit : *M. rosea* subsp. *rosea* (98,73%), *M. hainanensis* (98,59%), *M. oryzae* (98,43%), *M. bryophytorum* (98,10%), *M. clausenae* (98,03), et finalement *M. camponoti* (97,96%).

A partir des deux méthodes : l'étude chimiotaxonomique (basée sur la présence et l'absence des caractéristiques chimiotaxonomique) et l'étude moléculaire (basée sur les séquences de l'ARNr 16S), une comparaison entre la similitude des espèces (du genre *Microbispora*), a été obtenue est présenté dans le tableau 15.

Tableau 24. Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude moléculaire basé sur l'indice *Dice*.

Relation par rapport à l'espèce <i>M. maris</i>	Etude chimiotaxonomique (par indice de <i>Dice</i>)	Etude moléculaire
<i>M. maris</i> / <i>M. maris</i>	100%	100%
<i>M. rosea</i> / <i>M. maris</i>	52%	98,73%
<i>M. corallina</i> / <i>M. maris</i>	53%	97,89%
<i>M. siamensis</i> / <i>M. maris</i>	50%	97,19%
<i>M. hainanensis</i> / <i>M. maris</i>	56%	98,95%
<i>M. bryophytorum</i> / <i>M. maris</i>	51%	98,10%
<i>M. triticiradicis</i> / <i>M. maris</i>	52%	97,40%
<i>M. camponoti</i> / <i>M. maris</i>	61%	97,96%
<i>M. soli</i> / <i>M. maris</i>	50%	96,91%
<i>M. sitophila</i> / <i>M. maris</i>	59%	97,89%
<i>M. catharanthi</i> / <i>M. maris</i>	63%	97,96%
<i>M. clausenae</i> / <i>M. maris</i>	60%	98,03%
<i>M. oryzae</i> / <i>M. maris</i>	51%	98,43%
Ordre de similarité	MAR/MAR-CAT-CAM-CLA-SIT-HAI-COR-(TRI-BRY-ROS)-ORY-SIA-SOL.	MAR/MAR-ROS-HAI-ORY-BRY-CLA-CAM-CAT-SIT-COR-TRI-SIA-SOL.

MAR : *M. maris*; **CAT** : *M. catharanthi*; **CAM** : *M. camponoti*; **CLA** : *M. clausenae*; **SIT** : *M. sitophila*; **HAI** : *M. hainanensis*; **COR** : *M. corallina*; **TRI** : *M. triticiradicis*; **BRY** : *M. bryophytorum*; **ROS** : *M. rosea*; **ORY** : *M. oryzae*; **SIA** : *M. siamensis*; **SOL** : *M. soli*.

Tableau 25. Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude moléculaire basé sur l'indice *Ochiai*.

Relation par rapport à l'espèce <i>M. maris</i>	Etude chimiotaxonomique (par indice d' <i>Ochiai</i>)	Etude moléculaire
<i>M. maris</i> / <i>M. maris</i>	100%	100%
<i>M. rosea</i> / <i>M. maris</i>	52%	98,73%
<i>M. corallina</i> / <i>M. maris</i>	53%	97,89%
<i>M. siamensis</i> / <i>M. maris</i>	50%	97,19%
<i>M. hainanensis</i> / <i>M. maris</i>	56%	98,95%
<i>M. bryophytorum</i> / <i>M. maris</i>	51%	98,10%
<i>M. triticiradicis</i> / <i>M. maris</i>	52%	97,40%
<i>M. camponoti</i> / <i>M. maris</i>	61%	97,96%
<i>M. soli</i> / <i>M. maris</i>	50%	96,91%
<i>M. sitophila</i> / <i>M. maris</i>	59%	97,89%
<i>M. catharanthi</i> / <i>M. maris</i>	63%	97,96%
<i>M. clausenae</i> / <i>M. maris</i>	60%	98,03%
<i>M. oryzae</i> / <i>M. maris</i>	51%	98,43%
Ordre de similarité	MAR/MAR-CAT-CAM-CLA-SIT-HAI-COR-(ROS-TRI)-ORY-BRY-SIA-SOL.	MAR/MAR-ROS-HAI-ORY-BRY-CLA-CAM-CAT-SIT-COR-TRI-SIA-SOL.

MAR : *M. maris*; **CAT** : *M. catharanthi*; **CAM** : *M. camponoti*; **CLA** : *M. clausenae*; **SIT** : *M. sitophila*; **HAI** : *M. hainanensis*; **COR** : *M. corallina*; **TRI** : *M. triticiradicis*; **BRY** : *M. bryophytorum*; **ROS** : *M. rosea*; **ORY** : *M. oryzae*; **SIA** : *M. siamensis*; **SOL** : *M. soli*.

La comparaison entre les résultats statistiques des deux méthodes (l'étude chimiotaxonomique et moléculaire), montre que l'ordre de similitude n'est pas le même.

D'abord, l'ordre de similarité obtenue à partir les deux indices (*Dice* et *Ochiai*), montre une légère différence dans l'arrangement des espèces suivant : *M. triticiradicis*, *M. bryophytorum*, *M. rosea*, *M. oryzae*. Mais l'ordre reste le même pour les autre espèces c'est comme suit :

L'indice de *Dice* : *M. catharanthi*, *M. camponoti*, *M. clausenae*, *M. sitophila*, *M. hainanensis*, *M. corallina*, *M. triticiradicis*, *M. bryophytorum*, *M. rosea*, *M. oryzae*, *M. siamensis* et *M. soli*.

L'indice d'*Ochiai* : *M. catharanthi*, *M. camponoti*, *M. clausenae*, *M. sitophila*, *M. hainanensis*, *M. corallina*, *M. rosea*, *M. triticiradicis*, *M. oryzae*, *M. bryophytorum*, *M. siamensis* et *M. soli*.

Alors que la comparaison avec les résultats de l'étude moléculaire a montré une différence nette dans l'ordre des espèces par rapport à l'espèce de référence (*Microbispora maris*), c'est comme suit : *M. rosea*, *M. hainanensis*, *M. oryzae*, *M. bryophytorum*, *M. clausenae*, *M. camponoti*, *M. sitophila*, *M. corallina*, *M. triticiradicis*, *M. siamensis* et *M. soli*.

En effet l'étude chimiotaxonomique a confirmé que l'espèce de *M. catharanthi* présente une similarité (63%) avec l'espèce de *M. maris*, en revanche l'espèce de *M. rosea* est la plus proche par rapport l'espèce de référence avec un pourcentage de 100% selon l'étude moléculaire.

La classification et l'identification bactérienne est l'un des rôles essentiel de la comparaison entre les deux méthodes chimiotaxonomique et moléculaire, et cela par l'intégration de leur marqueurs biochimiques aux données phylogénétiques.

De plus, un autre avantage de cette comparaison, est la distinction de la différence entre les espèces et les souches, Par La détermination des différences les plus importantes entre la famille, le genre et l'espèce qui constitue l'un des rôles principaux de l'approche chimiotaxonomique dans le cadre d'une étude polyphasique, et cela par l'examination des marqueurs biochimiques notamment : les acides aminée, les peptides (peptidoglycane), les acides gras et les sucres complètes et d'autre composé polymère complexe. Afin de déterminer

la répartition des membres au sein de différents taxons, et la connaissance complète et parfaite des relation entre les taxons (Gokdemir *et al.*, 2019).

La détermination des espèces les plus proches par rapport à une espèce donnée (espèce de référence), il s'avère que c'est possible grâce à les résultats de *Dice* et *Ochiai*. De plus, il est important de reconnaître que les résultats des deux méthodes (l'ordre de similitude) ne sont pas identiques à 100%, et cela est dû à la différence dans le principe de chaque étude.

La classification des espèces selon l'étude chimiotaxonomique, basée essentiellement sur les caractéristiques chimiques de leur paroi cellulaire notamment : les sucres, les acides gras, les phospholipides, le ménaquinones et les acides aminées; alors que l'étude moléculaire basée sur les outils d'analyses génomiques (le séquençage du gène qui code pour l'ARNr16S), et cela pour le but de prédire les marqueurs chimiotaxonomique et d'améliorer la systématique des procaryotes en générales (Fang *et al.*, 2024).

Ensuite, À partir de l'étude chimiotaxonomique, c'est-à-dire l'analyse des caractéristiques chimiques de la paroi cellulaire, les résultats suivants ont été obtenus :

Tous les espèces de *Microbispora* caractérisent par la présence de les composants suivants : MK-9(H₂), MK-9 (H₄), acide *méso*-DAP avec un pourcentage de 100%, c'est-à-dire que ces derniers peuvent être inclus comme des (marqueurs biologiques) qui caractérisent les espèces de *Microbispora*.

Sachant que les d'autres composés cellulaires notamment : le glucose, le madurose, MK-9(H₀), phosphatidylinositol, phosphatidylinositolmannosides, diphosphatidylglycérol, phosphatidylinositolmannosides, C_{15:0}, 10-Methyl C_{17:0}, C_{17:0}, de phosphatidyléthanolamine, C_{16:0}, Anteiso - C_{17:0}, ont été détecté chez la majorité des espèces avec une pourcentage de présence compris entre 61,53 à 92,30%.

En ce concernant les autres composés, ont été identifié chez quelques espèces, par un pourcentage compris entre 7,69 à 53,84%.

Enfin, dans ce contexte, on peut dire que l'identification et la caractérisation des micro-organismes, il est considéré comme l'un des rôles essentiels des études chimiotaxonomique et moléculaire, puisqu'elle met en évidence leurs différence biochimiques et leurs relations phylogénétiques. Elle assuré aussi une identification et reclassification taxonomiques fiable, exact et surtout pas ambiguës (Gokdemir et Aras, 2019).



*Conclusion et
perspectives*

Cette recherche a été menée pour établir la similarité entre les espèces du genre *Microbispora* en se basant sur deux études distinctes. La première étude vise à la déterminer de la composition chimique cellulaire (chimiotaxonomique), permettant ainsi d'identifier divers composants biochimiques tels que les sucres, les acides aminés, les ménaquinones, les phospholipides et les acides gras. Ceci est effectué en utilisant deux indices de similarité : le coefficient de *Dice* et *Ochiai*. Cette étude représente une analyse moléculaire qui porte sur le patrimoine génétique, plus précisément les séquences de l'ARNr 16S, employant des méthodes bioinformatiques comme l'alignement multiple des séquences à travers divers algorithmes et logiciels notamment (Clustalw, Muscle, etc).

À partir des deux études, il ressort que les résultats obtenus sont partiellement concordants. Les analyses ont permis d'estimer les distances évolutives entre les espèces, de construire des arbres phylogénétiques, et en particulier de déterminer l'espèce la plus étroitement apparentée à *M. maris*, à savoir *M. catharanthi* selon l'analyse chimiotaxonomique, et *M. rosea* selon l'étude moléculaire. Le degré de similarité est de 63% pour l'étude chimiotaxonomique et de 98,73% pour l'étude moléculaire, les espèces identifiées comme étant les plus éloignées sont *M. siamensis* et *M. soli* pour les deux méthodes (chimiotaxonomique et moléculaire).

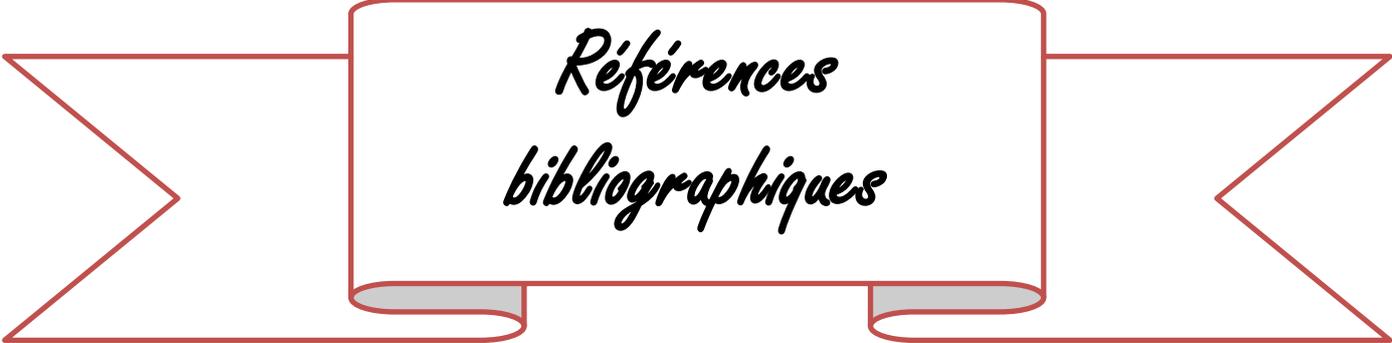
De plus, la première approche, dite chimiotaxonomique, permet de différencier les espèces et les souches à partir de leurs marqueurs biochimiques. En revanche, la seconde méthode, de nature moléculaire, fournit des données phylogénétiques essentielles à la classification des différentes espèces microbiennes.

En fin de compte, l'utilisation combinée de ces deux approches permet d'établir une taxonomie microbienne fiable et claire, tout en dépassant les limites de la taxonomie traditionnelle grâce à la mise en évidence des relations intertaxonomiques (Gokdemir & Aras, 2019).

À la fin de cette étude, des perspectives sous forme de recommandations sont proposés afin d'améliorer les résultats obtenus :

- Maîtriser l'ensemble des caractéristiques chimiotaxonomiques en testant différentes combinaisons, telles que: les sucres seuls, les phospholipides seuls, les combinaisons sucres + phospholipides, ainsi que phospholipides + ménaquinones etc.

- Élargie le champ de l'étude vers d'autre genre de la famille *Streptosporongiaceae*.
- Utiliser d'autre indices de similarité telle que l'indice de *Jaccard*, etc.



*Références
bibliographiques*

Adegboye, M. F., & Babalola, O. O. (2012). *Taxonomy and ecology of antibiotic producing actinomycetes. African Journal of Agricultural Research*, 7(15), 2255–2261.

Aftab, U., Qureshi, Z.-A., & Sajid, I. (2016). *In-vitro Antitumor Activity and Metabolic Finger Printing of the Actinomycetes Isolated from Various Ecological Niches in Pakistan. Pakistan Journal of Zoology*, 48(5).

Aguilar, C., Alwali, A., Mair, M., Rodriguez-Orduña, L., Contreras-Peruyero, H., Modi, R., ... & Parkinson, E. I. (2024). *Actinomycetota bioprospecting from ore-forming environments. Microbial Genomics*, 10(5), 001253.

Bishop, C. T., & Blank, F. (1958). *The chemical composition of the Actinomycetales: isolation of a polysaccharide containing D-arabinose and D-galactose from Nocardia asteroides. Canadian Journal of Microbiology*, 4(1), 35–42.

Bishop, M. J., & Friday, A. E. (1985). *Evolutionary trees from nucleic acid and protein sequences. Proceedings of the Royal society of London. Series B. Biological sciences*, 226(1244), 271-302.

Bolton, H. (1991). *On the Mathematical Significance of the Similarity Index of Ochiai as a Measure for Biogeographical Habitats. Australian Journal of Zoology*, 39(2), 143–156.

Boondaeng, A., Ishida, Y., Tamura, T., Tokuyama, S., & Kitpreechavanich, V. (2009). *Microbispora siamensis sp. nov., a thermotolerant actinomycete isolated from soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 59(12), 3136–3139.

Boudjelal-bencheikh, F. (2012). *Taxonomie et antagonisme des actinomycètes halophiles d'origine saharienne et caractérisation des composés bioactifs sécrétés par Actinoalloteichus sp. AH97. Ecole Nationale Supérieure Agronomique, Alger, Algérie.*

Boufridi, A., Brinkmann, C. M., Risdian, C., Wink, J., & Kurtböke, D. İ. (2023). *Sponge Symbiotic Actinomycetes as Sources of Novel Bioactive Compounds Atlantic and Pacific Ocean Examples (pp. 1–26).*

Bouras, N., Machado, R. A. R. (2024). *Whole genome-based reclassification of several species of the genus Microbispora. PLOS ONE*. 19(8),e 0307299.

Bredholdt, H., Galatenko, O. A., Engelhardt, K., Fjærvik, E., Terekhova, L. P., & Zotchev, S. B. (2007). *Rare actinomycete bacteria from the shallow water sediments of the Trondheim fjord, Norway: isolation, diversity and biological activity. Environmental Microbiology*, 9(11), 2756–2764.

Chauhan, R., & Nallanchakravarthula, S. (2018). *Actinomycetes : a general review. International Journal for Research in Applied Science and Engineering Technology*, 6(3), 1267–1273.

- Chinnathambi, A., Salmen, S. H., Al-Garadi, M. A., Wainwright, M., & Alharbi, S. A. (2023).** *Marine actinomycetes: An endless source of potentially therapeutic novel secondary metabolites and other bioactive compounds. Journal of King Saud University-Science, 35(9), 102931.*
- Chung, J., Kim, H. H., Shin, J. H., Lee, H. C., Lee, Z. H., & Oh, J. S. (2001).** *Identification of mutanase-producing *Microbispora rosea* from the soil of Chonnam Province. Journal of microbiology and biotechnology, 11(4), 677-684.*
- Collins, M. D., Goodfellow, M., Minnikin, D. E., & Alderson, G. (1985).** *Menaquinone composition of mycolic acid-containing actinomycetes and some sporoactinomycetes. Journal of Applied Microbiology, 58(1), 77-86.*
- Coque, J. J., Liras, P. A. L. O. M. A., Laiz, L. E. O. N. I. L. A., & Martín, J. F. (1991).** *A gene encoding lysine 6-aminotransferase, which forms the beta-lactam precursor alpha-amino adipic acid, is located in the cluster of cephamycin biosynthetic genes in *Nocardia lactamdurans*. Journal of bacteriology, 173(19), 6258-6264.*
- Chalita, M., Kim, Y. O., Park, S. H., Oh, H., Cho, J. H., Moon, J., Baek, N., Moon, C.-S., Lee, K., Yang, J., Nam, G. G., Jung, Y. J., Na, S.-I., Bailey, M. J., & Chun, J. (2024).** *EzBioCloud: a genome-driven database and platform for microbiome identification and discovery. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 74(6).*
- Dairi, T. (2010).** *Isoprenoid in Actinomycetes. Comprehensive Natural Products II, 789-814.*
- Dairi, T. (2012).** *Biosynthetic Genes and Enzymes of Isoprenoids Produced by Actinomycetes (pp. 29-49).* Springer, New York, NY.
- Davail S., Gretry J., Lenzini M. (s.d.). 2003.** *Les Actinomycètes, source de biomolécules d'intérêt industriel. Poster scientifique, Haute École de la Province de Liège, en collaboration avec l'Université de Pau et des Pays de l'Adour.*
- Fang, B., Jiao, J., Wang, S., & Li, W. (2024).** *Chemotaxonomy and Genomes (pp. 113-132).*
- Fernández-Martínez, L. T., Gomez-Escribano, J. P., & Bibb, M. J. (2015).** *A relA-dependent regulatory cascade for auto-induction of microbisporicin production in *Microbispora corallina*. Molecular Microbiology, 97(3), 502-514.*
- Foulston, L., & Bibb, M. J. (2011).** *Feed-forward regulation of microbisporicin biosynthesis in *Microbispora corallina*. Journal of Bacteriology, 193(12), 3064-3071.*
- Ganju, P. L., & Iyengar, M. R. S. (1974).** *Micromorphology of Some Sclerotial Actinomycetes and Development of Their Sclerotia. Microbiology, 82(1), 35-48.*

George, M., Anjumol, A., George, G., & Hatha, A. A. M. (2012). *Distribution and bioactive potential of soil actinomycetes from different ecological habitats. African Journal of Microbiology Research*, 6(10), 2265–2271.

Ghorbani-Nasrabadi, R., Greiner, R., Alikhani, H. A., Hamed, J., & Yakhchali, B. (2013). *Distribution of actinomycetes in different soil ecosystems and effect of media composition on extracellular phosphatase activity. Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 13(1), 223–236.

Girish, S., Ravi, L., & Krishnan, K. (2022). *Bioprospecting of actinomycetes for anti-bacterial potential: A Review. Research Journal of Biotechnology*, 17(10), 133–142.

Gokdemir, F. S., & Aras, S. (2019). *Chemotaxonomy in bacterial systematics. Communications Faculty of Sciences University of Ankara Series C Biology*, 28(1), 78-90.

Gokdemir, F. S., & Aras, S. (2019). *Chemotaxonomy in bacterial systematics. 28(1), 78–90.*

Groth, I., Schumann, P., Martin, K., Schuetze, B., Augsten, K., Kramer, I., & Stackebrandt, E. (1999). *Ornithinococcus hortensis gen. nov., sp. nov., a soil actinomycete which contains L-ornithine. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 49(4), 1717-1724.

Han, C., Liu, C., Zhao, J., Guo, L., Lu, C., Li, J., Jia, F., Wang, X., & Xiang, W. (2016). *Microbispora camponoti sp. nov., a novel actinomycete isolated from the cuticle of Camponotus japonicus Mayr. Antonie Van Leeuwenhoek International Journal of General and Molecular Microbiology*, 109(2), 215–223.

Han, C., Tian, Y., Zhao, J., Yu, Z., Jiang, S., Guo, X., Xiang, W., & Wang, X. (2018). *Microbispora triticiradicis sp. nov., a novel actinomycete isolated from the root of wheat (Triticum aestivum L.). International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 68(11), 3600–3605.

Han, C., Zhao, J., Yu, B., Shi, H., Zhang, C., Guo, X., Xiang, W., & Wang, X. (2019). *Microbispora tritici sp. nov., a novel actinomycete isolated from a root of wheat (Triticum aestivum L.). Antonie Van Leeuwenhoek International Journal of General and Molecular Microbiology*, 112(8), 1137–1145.

Holzappel, W., Scardovi, V., & Kandler, O. (1969). *Die Aminosäuresequenz des Ornithin und Lysin enthaltenden Mureins einiger Stämme von Lactobacillus bifidus aus dem Pansen /The amino acid sequence of the ornithine and lysine containing mureins of some strains of Lactobacillus bifidus isolated from rumen. Zeitschrift Für Naturforschung B*, 24(12), 1524–1528.

Kaale, S., Machang'u, R. S., & Lyimo, T. J. (2024). *Phylogenetic Diversity of Actinomycetota species isolated from waters of Lake Natron, Arusha, Tanzania.* *African Journal of Aquatic Science*, 1–11.

Kaewkla, O., Kaewkla, O., Koomsiri, W., Thamchaipenet, A., & Franco, C. M. M. (2020). *Microbispora clausenae* sp. nov., an endophytic actinobacterium isolated from the surface-sterilized stem of a Thai medicinal plant, *Clausena excavala* Burm. f. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70(12), 6213–6219.

Kaewkla, O., Kaewkla, O., Koomsiri, W., Thamchaipenet, A., & Franco, C. M. M. (2020). *Microbispora clausenae* sp. nov., an endophytic actinobacterium isolated from the surface-sterilized stem of a Thai medicinal plant, *Clausena excavala* Burm. f. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70(12), 6213–6219.

Kaewkla, O., Koomsiri, W., Thamchaipenet, A., & Franco, C. M. M. (2020). *Microbispora clausenae* sp. nov. an endophytic actinobacterium isolated from the surface-sterilized stem of a Thai medicinal plant, *Clausena excavala* Burm. f. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70(12), 6213–6219.

Khan, S., Dehsorkhi, S., Gul, A., Jehan, S., Khan, Z., Saeed, J., Shirazi, R., Raziq, A., Khan, M. W., & Ullah, H. (2023). *Biodiversity of Actinomycetes and Their Secondary Metabolites: A Comprehensive Review.* *Journal of Advanced Biomedical and Pharmaceutical Sciences*, 6(1), 36–48.

Kim M, Oh HS, Park SC, Chun J. Towards a taxonomic coherence between average nucleotide identity and 16S rRNA gene sequence similarity for species demarcation of prokaryotes. *Int J Syst Evol Microbiol* 2014; 64:346–351.

Kittisrisopit, S., Pittayakhajonwut, P., Tadtong, S., & Thawai, C. (2018). *Microbispora soli* sp. nov., isolated from soil of a hot spring. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 68(12), 3863–3868.

Klykleung, N., Yuki, M., Kudo, T., Ohkuma, M., Phongsopitanun, W., Pittayakhajonwut, P., & Tanasupawat, S. (2020). *Microbispora catharanthi* sp. nov., a novel endophytic actinomycete isolated from the root of *Catharanthus roseus*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70(2), 964–970.

Kosman, E., & Leonard, K. J. (2005). *Similarity coefficients for molecular markers in studies of genetic relationships between individuals for haploid, diploid, and polyploid species.* *Molecular Ecology*, 14(2), 415–424. (Barth et al. 2002; Belaj et al. 2003; Cordeiro et al. 2003; Dearborn et al. 2003).

L., Li, Z., Xu, X., Pang, Q., & Zhao, J. (2019). *Microbispora sitophila* sp. nov., a novel actinobacterium isolated from rhizosphere soil of wheat (*Triticum aestivum* L.). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 71(3).

Labeda, D. P., Testa, R. T., Lechevalier, M. P., & Lechevalier, H. A. (1985). *Glycomyces, a New Genus of the Actinomycetales. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 35(4), 417–421.

Lattu, I. Y. M. (2023). *Actinomycetes* (pp. 457–464).

Lechevalier, H.A. (1989). The taxonomy of the genus *Actinoplanes* and related genera. In: Okami Y., Beppu T., Ogawara H. (eds) *Actinomycetes: The Boundary Microorganisms*. Japan Scientific Societies Press, Tokyo, pp. 37–49.

Lechevalier M. P. and Lechevalier H. A. (1970). - *Composition of whole-cell hydrolysates as a criterion in the classification of aerobic actinomycetes. In: The Actinomycetales*. Prauser H. (Eds.) G. Fisher Verlag, Jena. pp. 311-316.

Labeda D. P. and Lechevalier M. P. (1989). - *Amendment of the genus Saccharothrix Labeda et al. 1984 and descriptions of Saccharothrix espanaensis sp. nov., Saccharothrix cryophilis sp. nov., and Saccharothrix mutabilis comb. nov. Int. J. Syst. Bacteriol.*, 39 (4): 420-423.

Lechevalier, M. P., De Bievre, C., & Lechevalier, H. (1977). *Chemotaxonomy of aerobic actinomycetes : phospholipid composition. Biochemical Systematics and Ecology*, 5(4), 249-260.

Lechevalier, M.P. (1981). Lipids in the taxonomy of microorganisms. *Annual Review of Microbiology*, 35, 373–390.

Lee, R. T. (2022). *Nocardia, Rhodococcus, Streptomyces and Other Aerobic Actinomycetes* (pp. 589–613). Elsevier eBooks.

Li, C., Jin, P., Liu, C., Ma, Z., Zhao, J., Li, J., & Xiang, W. (2016). *Streptomyces bryophytorum sp. nov. an endophytic actinomycete isolated from moss (Bryophyta). Antonie Van Leeuwenhoek*, 109, 1209-1215.

Li, C., Zhang, Y., Liu, C., Wang, H., Zhao, J., Li, L., Zhang, Z., Wang, X., & Xiang, W. (2015). *Microbispora bryophytorum sp. nov., an actinomycete isolated from moss (Bryophyta). International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 65(4), 1274–1279.

Li, Q.-Y., Chen, X., Jiang, Y., & Jiang, C. (2016). *Morphological Identification of Actinobacteria*. IntechOpen.

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

Marcotorchino, F. (2008). *Essai de Typologie Structurale des Indices de Similarité Vectoriels par Unification Relationnelle*. In *AAFD* (pp. 203-319).

Meklat, F., (2012). *Taxonomie et potentiel antagoniste des actinomycètes halophiles des sols sahariens et mise en évidence de nouvelles espèces d'actinopolyspora.* Thèse de doctorat. École normale supérieure de kouba-Alger, 130 p.

Miyadoh, S., Amano, S., Tohyama, H., & Shomura, T. (1990). *A taxonomic review of the genus *Microbispora* and a proposal to transfer two species to the genus *Actinomadura* and to combine ten species into *Microbispora rosea*.* *Microbiology*, 136(9), 1905–1913.

Muangham, S., & Duangmal, K. (2021). *Microbispora oryzae sp. nov., isolated from leaves of rice plant (*Oryza sativa* L.).* *The Journal of Antibiotics*, 74(12), 856–862.

Nakajima, Y., Kitpreechavanich, V., Suzuki, K., & Kudo, T. (1999). *Microbispora corallina sp. nov., a new species of the genus *Microbispora* isolated from Thai soil.* *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 49(4), 1761–1767.

Ngamcharungchit, C., Chaimusik, N., Panbangred, W., Euanorasetr, J., & Intra, B. (2023). *Bioactive metabolites from terrestrial and marine actinomycetes.* *Molecules*, 28(15), 5915.

Nonomura, H., and Ohara, Y. (1957). *Distribution of Actinomycetes in the soil. II. *Microbispora*, a new genus of the Streptomycetaceae.* *J. Ferment. Technol.* 35,307–3011.

Nouioui, I et al., (2018). *Genome-Based Taxonomic Classification of the Phylum Actinobacteria.* *Front. Microbiol.* 9. 2007 DOI.

Nurkanto, A., & Agusta, A. (2016). *Identifikasi Molekular dan Karakterisasi Morfo-Fisiologi Actinomycetes Penghasil Senyawa Antimikroba.* 11(2), 81546.

Salam, N., Jiao, J. Y., Zhang, X. T., & Li, W. J. (2020). *Update on the classification of higher ranks in the phylum Actinobacteria.* *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 70(2), 1331-1355.

Savi, D. C., Aluizio, R., Galli-Terasawa, L. V., Kava, V., & Glienke, C. (2016). *16S-gyrB-rpoB multilocus sequence analysis for species identification in the genus *Microbispora*.* *Antonie Van Leeuwenhoek International Journal of General and Molecular Microbiology*, 109(6), 801–815.

Shiburaj, S., Shiburaj, S., & Preethi, S. (2012). *Phylogenetic Analysis of Few Actinobacteria with Potential Antimicrobial Properties, Isolated from the Forest Soils of Western Ghats of Kerala* (pp. 159–167).

Stackebrandt E. and Goebel B. M. (1994). - *Taxonomic note: a place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology. Int. J. Syst. Bacteriol.*, 44 (4): 846-849.

Subbaiya, R., Gopinath, M., Angrasan, J. M., & Kabilan, T. (2015). *An Investigation On Morphological Characterization Of Actinomycetes Isolated From Marine Sediments.*

Sud, I. J., & Tyler, M. E. (1964). *Cell-wall composition and osmotic fragility of selected marine bacteria. Journal of Bacteriology*, 87(3), 696–700.

Sun, H.-M., Zhang, T., Yu, L.-Y., Lu, X., Mou, X., Zhang, Y.-Q., & Zhang, Y.-Q. (2014). *Actinophytocola gilvus sp. nov. isolated from desert soil crusts, and emended description of the genus Actinophytocola Indananda et al. 2010. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 64(9), 3120–3125.

Sutcliffe, I.C. (1998). Cell envelope structure and the classification of actinobacteria. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 48(3), 1037–1040.

Takeuchi, M., Nishii, T., & Yokota, A. (1992). Taxonomic Significance of Arabinose in *The Family Pseudonocardiaceae. Actinomycetologica*, 6(2), 79–90.

Tamura K, Stecher G, Kumar S. (2021) MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Mol Biol Evol*; 38:3022–3027.

Tamura, T., Hayakawa, M., & Hatano, K. (2001). *A new genus of the order Actinomycetales, Virgosporangium gen. nov., with descriptions of Virgosporangium ochraceum sp. nov. and Virgosporangium aurantiacum sp. nov. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 51(5), 1809–1816.

Uzcátegui-Negrón, M., Serrano, J. A., Boiron, P., Rodriguez-Nava, V., Couble, A., Moniée, D., Sánchez Herrera, K., Sandoval, H., Reviakina, V., Panizo, M., & Mendoza, M. (2009). *Classification and identification of Actinomyces species: A comparative phenotype study. 29(2)*, 91–97.

Van Bergeijk, D. A., Augustijn, H. E., Elsayed, S. S., Willemse, J., Carrión, V. J., Du, C., ... & van Wezel, G. P. (2024). *Taxonomic and metabolic diversity of Actinomycetota isolated from faeces of a 28,000-year-old mammoth. Environmental Microbiology*, 26(2), e16589.

Xi, L., Zhang, L., Ruan, J., & Huang, Y. (2011). *Nonomuraea maritima sp. nov., isolated from coastal sediment. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 61(11), 2740-2744.

Xie, H., Xie, Q., Ma, Q., Yang, L., Dai, H., Zhao, Y., & Hao, Y.-E. (2024). *Microbispora maris sp. nov., a novel actinobacterium isolated from the gill of the leopard coral grouper*

(*Plectropomus leopardus*). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 74(11).

Xu, X. X., Wang, H.-L., Lin, H. P., Wang, C., Qu, Z., Xie, Q. Y., Ruan, J. S., Hong, K., & Hong, K. (2012). *Microbispora hainanensis* sp. nov., isolated from rhizosphere soil of *Excoecaria agallocha* in a mangrove. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62(10), 2430–2434.

Yamada, Y., Yamashita, M., Tahara, Y., & Kondo, K. (1977). *The menaquinone system in the classification of the genus actinomadura*. *Journal of General and Applied Microbiology*, 23(6), 331–335.

Yassin, A. F., Brzezinka, H., Schaal, K. P., Trüper, H. G., & Pulverer, G. (1988). *Menaquinone composition in the classification and identification of aerobic actinomycetes*. *Zentralblatt Für Bakteriologie, Mikrobiologie, Und Hygiene*, 267(3), 339–356.

Yassin, A. F., Schaal, K. P., Brzezinka, H., Goodfellow, M., & Pulverer, G. (1991). *Menaquinone patterns of Amycolatopsis species*. *Zentralblatt Fur Bakteriologie-International Journal of Medical Microbiology Virology Parasitology and Infectious Diseases*, 274(4), 465–470.

Yi KX, Xie QY, Ma QY, Yang L, Dai HF, Hao YE, Zhao YX. *Phytohabitans maris* sp. nov., isolated from marine sediment. *Int J Syst Evol Microbiol*. 2024 May; 74(5).

Yokota, A., Nakagaito, Y., & Hasegawa, T. (1989). *Streptomyces species with madurose (3-O-methyl-D-galactose) as a whole-cell sugar*. *Archives of Microbiology*, 152(4), 317–321.

Zaychikov, V. A., Potekhina, N. V., Dmitrenok, A. S., Fan, D., Tul'skaya, E. M., Dorofeeva, L. V., & Evtushenko, L. I. (2021). *Cell Wall Rhamnan in Actinobacteria of the Genus Curtobacterium*. *Microbiology*, 90(3), 343–348.
[https : www.ezbiocloud.net/](https://www.ezbiocloud.net/).

<https://actinobase.org/index.php/Microbispora>.

<https://fr.dreamstime.com/formule-squelettique-vectoriels-menaquinone-m%C3%B4leculaire-vitamine-k-squelette-mol%C3%A9culaire-image202536179>).

<https://fr.statisticseasily.com/glossaire/quel-est-le-mod%C3%A8le-de-Jukes-Cantor/>.



Annexes

Annexe I

Séquences d'ARNr 16S des treize espèces de *Microbispora* étudiées**Name:** "*Microbispora rosea*" Miyadoh *et al.*, 1999>*Microbispora rosea*_IFO_14044__D86936

GACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGNNCTTCGGGGTACT
 CGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTGACTCTGGGATAAGCCTG
 GGAAACCGGGTCTAATACCGGATATGACACTCCTCCGCATGGTGTGGGTGTGGAAAGTTTT
 TTCGGTTGGGGATGGACTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGTGGCCTACCAAGGC
 GACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCA
 GACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAGCG
 ACGCCGCGTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGACGAATTGAC
 GTGTACCTGTAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTAGGG
 CGGANCNGTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGTGGCTTGTTCGCTCTGCC
 GTGAAAGCCCGTGGCTTAACACTACGGGTCTGCGGTGGATACGGGCAGGCTAGAGGCTGGTA
 GGGCAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGT
 GGCGAAGCGGCTTGTGGGCCAGTTCTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAAC
 AGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAACGTTGGGCGCTAGGTNTGGGGATCTTCC
 ACGATCTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGG
 CTAAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGTTGCTTAATTTCG
 ACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTACATAACCCGAAACACTCAGAGATGGGTG
 CCTCCTTTGGACTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTT
 GGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCATGTTGCCAGCAAGCCCTTTGGGGTG
 GTGGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGT
 CATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAACATGCTACAATGGCCGGTACAGAGGGTTGCG
 ATACCGCGAGGTGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACT
 CGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGT
 TCCCCGGCCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCCGTG
 GCCCAACCATTTGTGGGGGAGCGCTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAA
 CAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGC

Name : "*Microbispora corallina* Nakajima" *et al.*, 1999>*Microbispora corallina*_DF-32__AB018046

GACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTAC
 TCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTGACTCTGGGATAAGCCT
 GGGAAACCGGGTCTAATACCGGATATGACACATGGTCGCATGAGCGGTGTGTGGAAAGTT
 TTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGTGGCCTACCAAG
 GCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCC
 AGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGGAAGCCTGACGCAGC
 GACGCCGCGTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGACGAAGTT
 GACGTGTACCTGTAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCCGGTAATACGTA
 GGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGTGGCTTGTTCGCTCT
 GCCGTGAAAGCCCGTGGCTTAACACTACGGGTCTGCGGTGGATACGGGCAGGCTAGAGGCTG
 GTAGGGGCAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACC
 GGTGGCGAAGGCGGCTTGTGGGCCAGTTCTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCG
 AACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGGTCT
 TCCACGATTCCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAA
 GGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGTTGCTTAATT
 CGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTACATAACCCGAAACCTTTNGAGACGGA
 GGCCTCCTTTGGACTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTCTGAGATG
 TTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCATGTTGCCAGCAGCCTTCGGGTG
 GTGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGCTCAAGT
 CATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAACATGCTACAATGGTTCGGTACAGAGGGTTGCG
 ATGCCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACT
 CGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGT
 TCCCCGGCCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCCGTG
 GCCCAACCACTTGTGGGGGAGCGGTGCAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGGACG

Name: "*Microbispora siamensis*" Boondaeng et al., 2009>*Microbispora siamensis*_DMKUA_245_FJ199993

GTTTAAAGTAGTGAGTTTGTATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATG
 CAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGA
 GTAACCTGCCCCGACTCTGGGATAAGCCTGGGAAACCGGGTCTAATACCGGATATGACCC
 TTTGTGCGATGGTATGGTGTGTGGAAAGTTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATC
 AGCTTGTGGTGGGGTGTGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCG
 ACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAAT
 ATTGCGCAATGGGCGGAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCGTGGGGGATGACGGGCTTCGGG
 TTGTAACCTCTTTCGGCAGGGACGAAGTTGACGTGTACCTGTAGAAGAAGCGCCGGCTAA
 CTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGT
 AAAGAGTCTCGTAGGTGGCTTGTGCGCTCTGCCGTGAAAGCCCGTGGCTTAACACTACGGGTC
 TGCGGTGGATACGGGCAGGCTAGAGGCTGGTAGGGGCAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCGG
 TGAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGCTGGGCCAGTTCT
 GACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCTTGATTAGTCCACGC
 TGTAACCGTTAGGCGTCTAGGAGGTGTGGGGTCTTCCACGATTCTGTGCCGTAGCTAAC
 GCATTAAGCGCCCCGCTGGGAGTACGGCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGG
 GGGCCCGCACAAGCGGCGGAGCATGTTGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCA
 AGTTTTGACATACACCGGAAAGCTCTGGAGACAGGGCCCTCTTTGGACTGGTGTACAGGT
 GGTGCATGGCTGTCGTACGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCA
 ACCCTTGTTCATGTTGCCAGCACGCCCTTGGGGTGGTGGGGACTCATGGGAGACTGCCG
 GGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCT
 GCAAACCTTGCTACAATGGTCGGTACAGAGGGTTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCC
 TAAAAGCCGGTCTCATTTTCGGATTGGTGTCTGCAACTCGACCCCGTGAATTCGGAGTGCCT
 AGTAATCGCAGATCTGCAACGCTGCGGTGAATACTTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCC
 TCACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCCGTGGCCCAACCACTTGTGGGGGGAGCG
 GTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAG

Name: "*Microbispora hainanensis*" Xiong et al., 2012>*Microbispora hainanensis*_211020_FJ261972

AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGC
 GGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCC
 CCTGACTCTGGGATAAGCCTGGGAAACCGGGTCTAATACCGGATATGACACTCCTCCGCAT
 GGTGTGGGTGTGGAAAGTTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGT
 GGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCCGGCCACAC
 TGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATG
 GCGGAAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTC
 TTTACAGAGGGACGAAGTTGACGTGTACCTGTAGAAGAAGCGCCGGTAACTACGTGCCA
 GCAGCCGCGTAATAACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTC
 GTAGTGGCTTGTGCGTCTGCCGTGAAAGCCCGTGGCTTAACTACGGGTCTGCGGTGGAT
 ACCGGCAGGCTAGAGGCTGGTAGGGGCAAGCGGAATTCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGC
 AGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGTGGGCCAGTTCTGACGCTGAGG
 AGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTG
 GCGCTAGGTGTGGGGTCTTCCACGATTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCG
 CCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCG
 GCGGAGCATGTTGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTGACATACACC
 GGAAAGCTCTGGAGACAGAGCCCTCTTTGGACTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGT
 CAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCATGTT
 GCCAGCACGCCCTTGGGGTGGTGGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGG
 AAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAACATGCTACAA
 TGGTTCGGTACAGAGGGTTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCA
 GTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAG
 CAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTC
 GGCAACACCCGAAGCCCGTGGCCCAACCACTTGTGGGGGGAGCGGTGCAAGGTGGGGCGG
 CGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAACC

Name: "*Microbispora bryophytorum*" Li *et al.*, 2015>*Microbispora_bryophytorum*_NEAU_TX2-2__KF886293

AGAGTTTGCATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGC
 GGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCC
 CCTGACTCTGGGATAAGCCTGGGAAACTGGGTCTAATACCGGATACGACCATTCTCGCAT
 GGGATGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGT
 GGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACAC
 TGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATG
 GCGGAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTC
 TTTCAGCAGGGACGAAGTTGACGTGTACCTGTAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCA
 GCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTC
 GTAGGTGGCTTGTGCGTCTGCCGTGAAAGCCCGTGGCTTAACTACGGGTCTGCGGTGGAT
 ACGGGCAGGCTAGAGGCTGGTAGGGGCAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGC
 AGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGCTGGGCCAGTTCTGACGCTGAGG
 AGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTG
 GCGCTAGGTGTGGGGTCTTCCACGATCTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCC
 CCTGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTAAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGC
 GCGGAGCATGTTGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTGACATACACC
 GGAAACACTCAGAGATGGGTGCCTCCTTTGGACTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGT
 CAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCATGTT
 GCCAGCACGCCCTTTGGGGTGGTGGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGG
 AAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAACATGCTACAA
 TGGCCGGTACAGAGGGTTGCGATGCCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCA
 GTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCA
 GCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGT
 CGGCAACACCCGAAGCCCGTGGCCCAACCACTTGTGGGGGGAGCGGTGCAAGGTGGGGCT
 GGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAGGGTGC GGCTGGATCACCTC
 CTT

Name : "*Microbispora triticiradicis*" Han *et al.*, 2015>*Microbispora_triticiradicis*_NEAU_HRDP2-9__MF969266

AGAGTTTGCATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGC
 GGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCC
 CCTGACTCTGGGATAAGCCTGGGAAACCGGGTCTAATACCGGATACGACCATTCTCGCAT
 GTGATGGTGGTGGAAAGTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGT
 GGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACAC
 TGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATG
 GCGGAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTC
 TTTCAGCAGGGACGAAGTTGACGTGTACCTGTAGAAGGAGCGCCGGCTAACTACGTGCCA
 GCAGCCGCGGTAGTACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTC
 GTAGGTGGCTTGTGCGTCTGCCGTGAAAGCCCGTGGCTTAACTACGGGTCTGCGGTGGAT
 ACGGGCAGGCTAGAGGCTGGTAGGGGCAAGCGGGATTCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGC
 AGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGCTGGGCCAGTTCTGACGCTGAGG
 AGCGAAAGCGTGGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTT
 GGGCGCTAGGTGTGGGGTCTTCCACGATCTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCC
 GCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTAAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGC
 GGCGGAGCATGTTGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTGACATACAC
 CGGAAAGCTCTGGAGACAGAGCCCTCCTTTGGACTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCG
 TCAGCTCGTGTGCTGGGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCATGT
 TGCCAGCACGCCCTTTGGGGTGGTGGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAG
 GAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGCTGAAAACATGTCTACA
 ATGGCCGCTACAGAGGGTTGCGATACCGTGGAGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTC
 AGTTCGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATC
 AGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAG
 TCGGCAACACCCGAAGCCCGTGGCACAACCACTTGTGGGGGGAGCGGTGCAAGGTGGGGC
 TGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGC GGCTGGATCACCT
 CCTTA

Name : "*Microbispora camponoti*" Han *et al.*, 2015>*Microbispora_camponoti_2C-HV3__KR261651*

AGAGTTTGTATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGC
 GGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCC
 CCTGACTCTGGGATAAGCCTGGGAAACTGGGTCTAATACCGGATACGACCATTTCTCGCAT
 GGGATGGTGGTGGAAAGTTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGT
 GGGGTGATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACAC
 TGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATG
 GCGAAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTC
 TTTCAGCAGGGACGAAGTTGACGTGTACCTGTAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCA
 GCAGCCGTGGTAATACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTC
 GTAGGTGGCTTGTGCGTCTGCCGTGAAAGCCCGTGGCTTAACTACGGGTCTGCGGTGGAT
 ACGGGCAGGCTAGAGGCTGGTAGGGGCAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGC
 AGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGTGGGCCAGTTCTGACGCTGAGG
 AGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTG
 GCGCTAGGTGTGGGGTCTTCCACGATCTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCG
 CCTGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCG
 GCGGAGCATGTTGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTGACATAACCC
 GGAAACACTCAGAGATGGGTGCCTCCTTTGGACTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGT
 CAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCATGTT
 GCCAGCACGCCCTTTGGGGTGGTGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGG
 AAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAACATGCTACAA
 TGGCCGGTACAGAGGGTTGCGATGCCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCA
 GTTCGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCA
 GCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGT
 CGGCAACACCCGAAGCCCGTGGCCCAACCACTTGTGGGGGGAGCGGTGCAAGGTGGGGCT
 GGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTC
 CTT

Name : "*Microbispora soli*" kittisrisopit *et al.*, 2018>*Microbispora_soli_RTBAU4-9_LC333392*

CTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCGC
 TTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTGACTCTG
 GGATAAGCCTGGGAAACCGGGTCTAATACCGGATATGACACATGGCCGCATGGTCTGTGT
 GTGGAAAGTTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATG
 GCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGA
 GACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGGAAGC
 CTGACGCAGCGACGCCGCTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGG
 GACGAAGTTGACGTGTACCTGTAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGG
 TAATACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGTGGCTT
 GTCGCGTCTGCCGTGAAAGCTCGTGGCTTAACTACGGGTCTGCGGTGGATACGGGCAGGCT
 GGAGGCTGGTAGGGGCAAGTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGA
 GGAACACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGTGGGCCAGTTCTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGT
 GGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGGGCGCTAGGTG
 TGGGGGTCTTCCACGATTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGAGTA
 CGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGT
 TGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTACATGCACCGGAAAGCTCTG
 GAGACAGAGCCCTCCTTTTGGACTGGTGTGCAGGTGGTGCATGGCTGTGCTCAGCTCGTGT
 CGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTGTCCATGTTGCCAGCATGC
 CCGTTTGGGTTGGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGA
 TGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGCTTGGGCTGCAAACATGCTACAATGGTTCGGTAC
 AGAGGGTTGCGATGCCGTGAGGCGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCAGTTTCGATTG
 GGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCCGAGATCAGCAATGCTGC
 GGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGCAACACC
 CGAAGCCCGTGGCCTAACCCGTTTGGGGGGAGCGGTGCAAGGTGGGGCTGGCGATTGGG
 ACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGG

Name : " *Microbispora sitophila* " Guo *et al.*, 2019

>Microbispora_sitophila_NEAU_D428_MW001208

AGAGATTAGAGTTTGTATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAA
 GTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTA
 ACCTGCCCCTGACTCTGGGATAAGCCTGGGAAACCGGGTCTAATACCGGATACGACCATT
 CTCGCATGGGATGGTGGTGGAAAGTTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCT
 TGTTGGTGGGGTATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCG
 GCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTG
 CGCAATGGGCGGAAGCCTGGCGCAGCGACGCCGCTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGT
 AAACCTCTTTCAGCAGGGACAAAGTTGACGTGTACCTGTAGAAGAAGCGCCGGCTAACTA
 CGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAA
 AGAGCTCGTAGGTGGCTTGTTCGCTCTGCCGTGAAAGCCCGTGGCTTAACTACGGGTCTGC
 GGTGGATACGGGCAGGCTAGAGGCTGGTAGGGGCAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGA
 AATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGTGGGCCAGTTCTGAC
 GCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTA
 AACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGTCTTCCACGATTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAG
 CC CCCCGCTGGGAGTACGGCCGAAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGC
 ACAACGCGCGGAGCATGTTGCTTAATTCGACTGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTGA
 CATACTCGGAAACTCAGAGATGGGTGCCTCCTTTGGACTGGTGTACAGGTGGTGCATG
 GCTGTCGTACGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGT
 TCCATGTTGCCAGCACGCCCTTTGGGGTGGTGGGGACTCGTGGGAGACTGCCGGGGTCAAC
 TCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAACAT
 GCTACAATGGTTCGGTACAGAGGGTTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTAAAAGCC
 GGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCG
 CAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCA
 CGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCCGTGGCCCAACCACTTTGTGGGGGGAGCGGTCTAAG
 GTGGGGCTGGCGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGG
 ATCACCTCCTT

Name : " *Microbispora catharanthi* " Klykleung *et al.*, 2020

>Microbispora_catharanthi_CR1-09_LC082231

TGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTT
 CGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCCTGACTCTGGG
 ATAAGCCTGGGAAACCGGGTCTAATACCGGATACGACCATTTCTCGCATGGGATGGTGGT
 GAAAGTTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTATGGCC
 TACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACTGGGACTGAGAC
 ACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGGAAGCCTG
 ACGCAGCGACGCCGCTGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGA
 CGAAGTTGACGTGTACCTGTAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTA
 ATACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGTGGCTTGT
 CGGCTCTGCCGTGAAAGCCCGTGGCTTAACTACGGGTCTGCGGTGGATACGGGCAGGCTA
 GAGGCTGGTAGGGGCAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAG
 GAACACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGTGGGCCAGTTCTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTG
 GGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAACGTTGGGCGCTAGGTGT
 GGGGGTCTTCCACGACTTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTAC
 GGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGTT
 GCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTGACATACACCGGAAAGCTCTG
 GAGACAGAGCCCTCCTTTGGACTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTACGCTCGTGT
 GTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCATGTTGCCAGCACGCC
 CTTTGGGGTGGTGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGAT
 GACGTAAGTCATATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAACATGCTACAATGGTTCGTTACA
 GAGGGTTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGATCTCAGTTCGGATTGG
 GGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGC
 GGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGCAACCC
 CGAAGCCCGTGGCCCAACCACTTGTGGGGGGAGCGGTGCAAGGTGGGGCTGGCGATTGG
 ACGAAGTCGTAACAAGGTAGC

Name: "*Microbispora clausenae*" Kaewkla *et al.*, 2020

>Microbispora_clausenae_CLES2_KX394342

TGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTT
 CGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTGACTCTGGG
 ATAAGCCTGGGAAACCGGTCTAATACCGGATACGACCATTTCTCGCATGGGATGGTGGTG
 GAAAGTTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCC
 TACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGAC
 ACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGGAAGCCTG
 ACGCAGCGACGCCGCTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGA
 CGAAGTTGACGTGTACCTGTAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTA
 ATACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGTGGCTTGT
 CGCGTCTGCCGTGAAAGCCCCTGGCTTAACTACGGGTCTGCGGTGGATACGGGCAGGCTA
 GAGGCTGGTAGGGGCAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAG
 GAACACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGTGGGCCAGTTCTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTG
 GGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAACGTTGGGCGCTAGGTGT
 GGGGTCTTCCACGACTTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTAC
 GGGCGCAAGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGACAAGCGCGGAGCATGTT
 GCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTGACATACACCGGAAACACTCG
 GAGATGGATGCCTCCTTTGGACTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTACGCTCGTGT
 GTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCATGTTGCCAGCACGCC
 CTTTGGGGTGGTGGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGAT
 GACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAACATGCTACAATGGTCGGTACA
 GAGGGTTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGG
 GGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGC
 GGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGCAACACC
 CGAAGCCCGTGGCCCAACCACTTGTGGGGGGGAGCGGTGCAAGGTGGGGCTGGCGATGGG
 GACG

Name: "*Microbispora oryzae*" Muangham *et al.*, 2021

>Microbispora_oryzae_RL4-1S_MW559531

CAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCTTCGGGG
 TACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTGACCTGCCCTGACTCTGGGATAAG
 CCTGGGAAACCGGTCTAATACCGGATAGGACACTGCGCTGCATGGTGTGGTGTGGAAAG
 TTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCA
 AGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGG
 CCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGGAAGCCTGACGC
 AGCGACGCCGCTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGACGAA
 GTTGACGTGTACCTGTAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATAC
 GTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGTGGCTTGTGCG
 TCTGCCGTGAAAGCCCGTGGCTTAACTACGGGTCTGCGGTGGATACGGGCAGGCTAGAGG
 CTGGTAGGGGCAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAAC
 ACCGGTGGCGAAGGCGGCTTGTGGGCCAGTTCTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGA
 GCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGG
 GTCTTCCACGATTCTGTGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGAGTACGGCC
 GCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCGACAAGCGGCGGAGCATGTTGCTT
 AATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTGACATACACCGGAAACATCCAGAGA
 TGGGTGCCTCTTTTACTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTACGCTCGTGTGCTGAG
 ATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCATGTTGCCAGCACGCTCTTCG
 GGGTGGTGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGT
 CAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAACATGCTACAATGGTCGGTACAGAGGG
 TTGCGATGTCGTGAGGCGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTG
 CAACTCGACCCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAATGCTGCGGTGAA
 TACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGC
 CCGTGGCCCAACCACTTGTGGGGGGAGCG

Name : " *Microbispora maris* " Xie et al., 2024

> *Microbispora maris* PP078609 strain ZYX-F-249 16S ribosomal RNA gene, partial sequence
CCTTGGCGGGCGTGCTTACACATGCAGTCGAGCGGAAGGCCCTTCGGGGTACTCGA
GCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTGACTCTGGGATAAGCCTGGGA
AACTGGGTCTAATACCGGATATGACACTCCTCCGCATGGTGTGGGTGTGGAAAGTTTTTC
GGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTGATGGCCTACCAAGGCGAC
GACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACT
CCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGGAAGCCTGACGCAGCGACGC
CGCGTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGGACGAAGTTGACGTG
TACCTGTAGAAGAAGCGCCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGCGC
GAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGTGGCTTGTGCGCTCTGCCGTG
AAAGCCCGTGGCTTAACTACGGGTCTGCGGTGGATACGGGCAGGCTAGAGGCTGGTAGGG
GCAAGCGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGC
GAAGGCGGCTTGCTGGGCCAGTTCTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGG
ATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGGTCTTCCACG
ACTTCTGTCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAA
AACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGTTGCTTAATTCGACGC
AACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTGACATACACCGGAAACATTTCAGAGACGGGTCCCTC
CTTTGGACTGGTGTACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGT
TAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCCATGTTGCCAGCACGCCCTTCGGGGTGGTGG
GGACTCATGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATC
ATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAAACATGCTACAATGGTCGGTACAGAGGGTTGCGATAC
CGTGAGGTGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATTGGGGTCTGCAACTCGAC
CCCATGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCG
GGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCCGTGGCCC
AACCACTTGTGGGGGGAGCGTCGAAGGTGGAGGCCT

Annexe II

Pourcentages de similarité obtenus par deux indices (Dice).

Paire des séquences	M11	M01	M10	M00	Coefficient (Similarité) de Dice $D = 2a/2a+b+c$	Pourcentage
<i>M. maris</i> / <i>M. maris</i>	37	00	00	47	$(37)/2(37)= 1$	100%
<i>M. rosea</i> / <i>M. maris</i>	14	5	23	42	$(14)/2(14) +5+23= 0,5$	50%
<i>M. corallina</i> / <i>M. maris</i>	18	13	19	34	$(18)/2(18) + 13+25= 0,5294$	52%
<i>M. siamensis</i> / <i>M. maris</i>	12	3	25	44	$2(12)/2(12) +3+25= 0,4615$	46%
<i>M. hainanensis</i> / <i>M. maris</i>	18	9	19	38	$2(18) +9+19= 0,5625$	56%
<i>M. bryophytorum</i> / <i>M. maris</i>	15	8	22	39	$2(15) +8+22=0,5$	50%
<i>M. triticiradicis</i> / <i>M. maris</i>	14	5	23	42	$2(14) +5+23= 0,5$	50%
<i>M. camponoti</i> / <i>M. maris</i>	19	6	18	41	$2(19) +6+18= 0,60317$	60%
<i>M. soli</i> / <i>M. maris</i>	11	2	24	45	$2(11) +2+24= 0,44$	44%
<i>M. sitophila</i> / <i>M. maris</i>	17	5	20	42	$2(17) +5+20=0,5762$	57%
<i>M. catharanthi</i> / <i>M. maris</i>	22	9	15	38	$2(22) +9+15=0,6376$	63%
<i>M. clausenae</i> / <i>M. maris</i>	20	11	16	37	$2(20) +11+16= 0,5970$	59%
<i>M. oryzae</i> / <i>M. maris</i>	14	6	18	41	$2(14) +6+18= 0,4912$	49%

Pourcentages de similarité obtenus par deux indices (Ochiai).

Paire des séquences	M11	M01	M10	M00	Coefficient (Similarité) de Ochiai $O = \frac{2a}{\sqrt{(a+b)(a+c)}}$	Pourcentage
<i>M. maris</i> / <i>M. maris</i>	37	00	00	47	$\frac{37}{\sqrt{(37)(37)}} = 1$	100%
<i>M. rosea</i> / <i>M. maris</i>	14	5	23	42	$\frac{2(14)}{\sqrt{(14+5)(14+23)}} = 0,528$	52%
<i>M. corallina</i> / <i>M. maris</i>	18	13	19	34	$\frac{2(18)}{\sqrt{(18+13)(18+19)}} = 0,53$	53%
<i>M. siamensis</i> / <i>M. maris</i>	12	3	25	44	$\frac{2(12)}{\sqrt{(12+3)(12+25)}} = 0,4615$	50%
<i>M. hainanensis</i> / <i>M. maris</i>	18	9	19	38	$\frac{2(18)}{\sqrt{(18+9)(18+19)}} = 0,5694$	56%
<i>M. bryophytorum</i> / <i>M. maris</i>	15	8	22	39	$\frac{2(15)}{\sqrt{(15+8)(15+22)}} = 0,5141$	51%
<i>M. triticiradicis</i> / <i>M. maris</i>	14	5	23	42	$\frac{2(14)}{\sqrt{(14+5)(14+23)}} = 0,5280$	52%
<i>M. camponoti</i> / <i>M. maris</i>	19	6	18	41	$\frac{2(19)}{\sqrt{(19+6)(19+18)}} = 0,6125$	61%
<i>M. soli</i> / <i>M. maris</i>	11	2	24	45	$\frac{2(11)}{\sqrt{(11+2)(11+24)}} = 0,5015$	50%
<i>M. sitophila</i> / <i>M. maris</i>	17	5	20	42	$\frac{2(17)}{\sqrt{(17+5)(17+20)}} = 0,5958$	59%
<i>M. catharanthi</i> / <i>M. maris</i>	22	9	15	38	$\frac{2(22)}{\sqrt{(22+9)(22+15)}} = 0,6393$	63%
<i>M. clausenae</i> / <i>M. maris</i>	20	11	16	37	$\frac{2(20)}{\sqrt{(20+11)(20+16)}} = 0,6003$	60%
<i>M. oryzae</i> / <i>M. maris</i>	14	6	18	41	$\frac{2(14)}{\sqrt{(14+6)(14+18)}} = 0,5146$	51%

Annexe III

Mesures de similarités calculées par PAST 3 reposant sur le coefficient de Dice et Ochiai

Dice :

Similarity and distance indices													
	M. siamens	M. corallina	M. maris	M. sitophila	M. triticirac	M. oryzae	M. campon	M. bryophy	M. catharar	M. clausena	M. hainane	M. rosea	M. soli
M. siamens	1	0,43478261	0,46153846	0,64864865	0,64705882	0,62857143	0,48780488	0,52631579	0,46808511	0,44444444	0,47619048	0,47058824	0,57142857
M. corallina	0,43478261	1	0,52941176	0,64150943	0,52	0,47058824	0,63157895	0,59259259	0,57142857	0,62295082	0,55172414	0,56	0,45454545
M. maris	0,46153846	0,52941176	1	0,57627119	0,5	0,49122807	0,6031746	0,5	0,63768116	0,59701493	0,5625	0,5	0,44
M. sitophila	0,64864865	0,64150943	0,57627119	1	0,7804878	0,66666667	0,70833333	0,71111111	0,62962963	0,69230769	0,6122449	0,53658537	0,57142857
M. triticirac	0,64705882	0,52	0,5	0,7804878	1	0,56410256	0,62222222	0,52380952	0,54901961	0,57142857	0,65217391	0,42105263	0,625
M. oryzae	0,62857143	0,47058824	0,49122807	0,66666667	0,56410256	1	0,47826087	0,55813953	0,61538462	0,48	0,5106383	0,41025641	0,54545455
M. campon	0,48780488	0,63157895	0,6031746	0,70833333	0,62222222	0,47826087	1	0,65306122	0,62068966	0,71428571	0,64150943	0,53333333	0,41025641
M. bryophy	0,52631579	0,59259259	0,5	0,71111111	0,52380952	0,55813953	0,65306122	1	0,58181818	0,64150943	0,56	0,52380952	0,55555556
M. catharar	0,46808511	0,57142857	0,63768116	0,62962963	0,54901961	0,61538462	0,62068966	0,58181818	1	0,64516129	0,6440678	0,47058824	0,44444444
M. clausena	0,44444444	0,62295082	0,59701493	0,69230769	0,57142857	0,48	0,71428571	0,64150943	0,64516129	1	0,66666667	0,53061224	0,46511628
M. hainane	0,47619048	0,55172414	0,5625	0,6122449	0,65217391	0,5106383	0,64150943	0,56	0,6440678	0,66666667	1	0,52173913	0,5
M. rosea	0,47058824	0,56	0,5	0,53658537	0,42105263	0,41025641	0,53333333	0,52380952	0,47058824	0,53061224	0,52173913	1	0,375
M. soli	0,57142857	0,45454545	0,44	0,57142857	0,625	0,54545455	0,41025641	0,55555556	0,44444444	0,46511628	0,5	0,375	1

Ochiai :

Similarity and distance indices													
	M. siamens	M. corallina	M. maris	M. sitophila	M. triticirac	M. oryzae	M. campon	M. bryophy	M. catharar	M. clausena	M. hainane	M. rosea	M. soli
M. siamens	1	0,4637389	0,50937163	0,66057826	0,65158377	0,6350853	0,50636968	0,5383819	0,50207901	0,47140452	0,49690399	0,4738791	0,5728919
M. corallina	0,4637389	1	0,53148474	0,65096364	0,53565567	0,4819316	0,63402296	0,59920471	0,57150057	0,62303454	0,5530409	0,57685995	0,49813548
M. maris	0,50937163	0,53148474	1	0,59584969	0,52802	0,51465024	0,61258459	0,51419338	0,63936201	0,60030023	0,5694948	0,52802	0,50155683
M. sitophila	0,66057826	0,65096364	0,59584969	1	0,78258558	0,66742381	0,71080571	0,71128676	0,64071161	0,70064905	0,61545745	0,53802759	0,5913124
M. triticirac	0,65158377	0,53565567	0,52802	0,78258558	1	0,56428809	0,62988978	0,52620136	0,56777497	0,58639547	0,66226618	0,42105263	0,63628476
M. oryzae	0,6350853	0,4819316	0,51465024	0,66742381	0,56428809	1	0,48238191	0,55950288	0,63245553	0,48989795	0,51639778	0,41039134	0,55815631
M. campon	0,50636968	0,63402296	0,61258459	0,71080571	0,62988978	0,48238191	1	0,65428866	0,62403772	0,71611487	0,64162365	0,53990552	0,43514263
M. bryophy	0,5383819	0,59920471	0,51419338	0,71128676	0,52620136	0,55950288	0,65428866	1	0,58976782	0,64717894	0,56180065	0,52620136	0,57831493
M. catharar	0,50207901	0,57150057	0,63936201	0,64071161	0,56777497	0,63245553	0,62403772	0,58976782	1	0,64549722	0,64639313	0,48666426	0,49029034
M. clausena	0,47140452	0,62303454	0,60030023	0,70064905	0,58639547	0,48989795	0,71611487	0,64717894	0,64549722	1	0,66759195	0,54451008	0,50636968
M. hainane	0,49690399	0,5530409	0,5694948	0,61545745	0,66226618	0,51639778	0,64162365	0,56180065	0,64639313	0,66759195	1	0,52981294	0,53376051
M. rosea	0,4738791	0,57685995	0,52802	0,53802759	0,42105263	0,41039134	0,53990552	0,52620136	0,48666426	0,54451008	0,52981294	1	0,38177086
M. soli	0,5728919	0,49813548	0,50155683	0,5913124	0,63628476	0,55815631	0,43514263	0,57831493	0,49029034	0,50636968	0,53376051	0,38177086	1