

Faculté des sciences de la nature et
de la vie et sciences de la terre

جامعة غرداية

كلية علوم الطبيعة والحياة
وعلوم الأرض

Département de Biologie



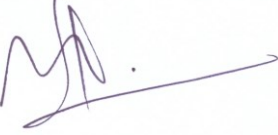


قسم البيولوجيا

Université de Ghardaïa

Ghardaïa le : 28/06/2026

Rapport : Correction du mémoire

Enseignant (e) (s) Chargé (e) de la correction :

Nom et prénom de l'encadreur et Signature	Nom et prénom de l'examineur et Signature	Nom et prénom de président et Signature
BOURAS Noureddine 	DJELLID Youssef 	BELGHIT Said 

Thème :

Étude comparative du genre *Kineosporia* fondée sur des approches moléculaires et chimiotaxonomiques utilisant les coefficients de Jaccard et d'Ochiai

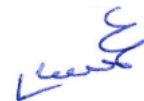
Après les corrections apportées au mémoire, L (es) 'étudiant (s) (es) :

BEHISSA Dounia

BELKACEM Meriem

Est (sont) autorisé (es) à déposer le manuscrit au niveau du département.

Président du jury



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: BEHISSA Dounia
BELKACEM Meriem

Thème

Étude comparative du genre *Kineosporia* fondée sur des approches moléculaires et chimiotaxonomiques utilisant les coefficients de *Jaccard* et d'*Ochiai*

Soutenu publiquement, le
Devant le jury composé de:

M. BELGHIT Said	MCA	Univ. de Ghardaïa	Président
M. DJELLID Youssef	MAA	Univ. de Ghardaïa	Examineur
M. BOURAS Noureddine	Professeur	Univ. de Ghardaïa	Promoteur

Année universitaire: 2025/2026

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 Noureddine, 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; et M. DJELLID Youssef, nous vous remercions vivement pour votre rôle en tant qu'examineur.

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 modeste travail,
À la mémoire de mon cher père, que Dieu ait son âme. Ton amour et tes sacrifices resteront à jamais gravés dans mon cœur.
À ma très chère mère, pour son amour, sa patience, ses sacrifices et son soutien inconditionnel.
À mes chers frères *Abdelghani* et *Zakaria*, et à mes chères sœurs *Wahiba* et *Zahra*, qui ont toujours été à mes cotés dans les bons comme les mauvais moments. Merci pour votre soutien , vos encouragements et votre affection .
À mes chères nièces *Éline*, *Touline*, *Alaa Wissem*, qui apportent joie et bonheur à notre famille.
À ma chère binôme *Dounia*, pour sa collaboration, son soutien et les efforts partagés tout au long de ce parcours.
À tous ceux qui m'ont enseigné et accompagné durant mon parcours éducatif, chacun par son nom et son rang.
À tous mes proches, de près ou de loin.

Meriem



Dédicace

Je dédie ce modeste travail avec toute ma gratitude et mon affection.

À mes très chers parents, mes héros, pour leur amour, leurs sacrifices, leurs prières et leur soutien sans limite.

À mon frère *Abdelkader*, mon véritable soutien dans chaque étape de ma vie.

À ma sœur *Soumia* ainsi qu'à ses adorables enfants, pour leur affection et leurs encouragements.

À mes oncles et ma tante, pour leurs précieux conseils, leur motivation et leurs douces prières qui m'ont toujours accompagnée.

À ma binôme *Meriem*, ma partenaire de cette aventure, merci d'avoir partagé avec moi chaque instant, les rires, le stress, les difficultés et les réussites. Sans toi, ce parcours n'aurait pas été le même.

À mon encadreur, Pr. *Bouras Noureddine*, pour sa patience, ses précieux conseils et son accompagnement tout au long de ce travail.

Enfin, À tous mes amis, proches ou lointains, merci pour votre présence, votre soutien et tous les souvenirs inoubliables.

Dounia

ملخص

يعتمد هذا البحث على منهج مزدوج يعتمد إلى دراسة ثمانية أنواع من جنس *Kineosporia* (شعبة Actinomycetota): *K. rhammosa*، *K. mikuniensis*، *K. rhizophila*، *K. succinea*، *K. aurantiaca*، *K. corallincola* و *K. mesophila*، *K. babensis* معاملات التشابه *Ochiai* و *Jaccard* على بيانات التركيب الكيميائي للجدران الخلوية. ومن ناحية أخرى، أُجريت دراسة جزيئية استنادًا إلى تسلسل مورثة ARNr 16S، مقترنة بخوارزميات المعلوماتية الحيوية لمحاذاة التسلسلات وتقدير المسافات الجينية. كان الهدف الرئيسي هو تحديد الأنواع الأقرب إلى *Kineosporia corallincola* (التي اتخذت كمرجع للدراسة) ومقارنة النتائج التي تم الحصول عليها من خلال هاتين الطريقتين. أظهرت النتائج تباينًا جزيئيًا: حيث تشير الدراسة الكيميائية التصنيفية إلى *K. aurantiaca* باعتبارها أقرب الأنواع إلى *K. corallincola*، في حين تحدد التحليل الجزيئي أن النوع *K. babensis* باعتبارها الأقرب. وبذلك تسلط هذه الدراسة الضوء على التكامل بين الطريقتين الكيميائية التصنيفية والجزيئية من أجل تصنيف دقيق وموثوق.

الكلمات المفتاحية: *Kineosporia*، الدراسة التصنيفية الكيميائية، مؤشر *Jaccard* و *Ochiai*، التشابه، *Kineosporia corallincola*.

Résumé

Ce travail de recherche visant à étudier huit espèces du genre *Kineosporia* (phylum *Actinomycetota*) ainsi moléculaire représente: *K. aurantiaca*, *K. succinea*, *K. rhizophila*, *K. mikuniensis*, *K. rhammosa*, *K. babensis*, *K. mesophila* et *K. corallincola*. D'une part, une analyse chimiotauxonomique a été menée en appliquant les coefficients de similarité de *Jaccard* et d'*Ochiai* aux données de composition chimique des parois cellulaires. D'autre part, une étude moléculaire a été réalisée sur la base des séquences ARNr 16S, couplée à des algorithmes bioinformatiques estimer les distances génétiques. L'objectif principal était d'identifier les espèces les plus proches de *Kineosporia corallincola* (prise comme référence) et de confronter les résultats obtenus par ces deux méthodes. Les résultats ont montré une divergence partielle: l'approche chimiotauxonomique désigne *K. aurantiaca* comme l'espèce la plus proche de *K. corallincola*. En revanche, l'analyse moléculaire identifie *K. babensis* comme étant la plus apparentée. Cette étude souligne ainsi la complémentarité des méthodes chimiotauxonomiques et moléculaires pour une classification taxonomique fiable.

Mots clés: *Kineosporia*, chimiotauxonomique, coefficient de *Jaccard et Ochiai*, similarité, *Kineosporia corallincola*.

Abstract

This research is based on a two-pronged methodological approach aimed at studying eight species of the genus *Kineosporia* (phylum *Actinomycetota*): *K. aurantiaca*, *K. succinea*, *K. rhizophila*, *K. mikuniensis*, *K. rhammosa*, *K. babensis*, *K. mesophila*, and *K. corallincola*. On the one hand, a chemotaxonomic analysis was conducted by applying *Jaccard* and *Ochiai* similarity coefficients to the chemical composition data of the cell walls. On the other hand, a molecular study was conducted based on 16S rRNA gene sequencing, coupled with bioinformatics algorithms for sequence alignment and genetic distance estimation. The main objective was to identify the most closely related species to *Kineosporia corallincola* (used as a reference) and to compare the results obtained by these two methods. The results revealed a partial divergence: the chemotaxonomic approach identifies *K. aurantiaca* as the species closest to *K. corallincola*, while the molecular analysis identifies *K. babensis* as the most closely related. This study thus highlights the complementary nature of chemotaxonomic and molecular approaches for reliable taxonomic classification.

Key words: *Kineosporia*, chemotaxonomic, *Jaccard* and *Ochiai* coefficients, similarity, *Kineosporia corallincola*.

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.....	4
I.1.3.1.Critères morphologiques	4
I.1.3.2.Caractéristiques macromorphologiques.....	4
I.1.3.2.Caractéristiques micromorphologiques	5
I.1.3.3. Caractéristiques culturelles et physiologiques:	5
I.1.3.4. Chimiotaxonomie (critères chimiques).....	6
I.1.3.4.1. Sucres.....	6
I.1.3.4.2. Acides aminés.....	6
I.1.3.4.3. Lipides membranaires	7
I.1.3.4.4. Phospholipides.....	7
I.1.3.4.5. Acides gras	8
I.1.3.4.6. Ménaquinones	8
I.1.4. Critères identification des espèces	10
I.1.4.1. Critères physiologiques et biochimique dans la Taxonomie numérique	10
I.1.4.1.1. Critères physiologiques et biochimiques	10
I.1.4.1.2. Taxonomie numérique	10
I.1.4.2. Critères moléculaire.....	10
I.1.4.2.1. Etude de l'ARN ribosomique (ARNr 16S).....	11
I.1.4.2.2. Détermination du pourcentage de guanine-cytosine.....	12
II. ECOLOGIE DES <i>ACTINOMYCETOTA</i>	12
II.1. Distribution générale des <i>Actinomycetota</i>	12
II.1.1. Environnement terrestre	12
II.1.2. Environnement aquatique	13
II.1.3. Les milieux extrêmes	13

III. GENRE <i>KINEOSPORIA</i>	14
Chapitre II: Matériel et méthodes	
II.1. Espèces étudiées.....	15
II.2. Etude chimiotaxonomique.....	16
II.2.1. Mesure de similarité	16
II.2.1.2. Indice d' <i>Ochiai</i>	17
II.2.2. PAST3 (<i>PA</i> leontological <i>S</i> Tatistics3).....	17
II.3. Etude moléculaires	18
II.3.1. MEGA 12 (<i>M</i> olecular <i>E</i> volutionary <i>G</i> enetics <i>A</i> nalysis 12).....	19
II.3.1.1. Création d'alignements de séquences multiples	19
II.3.2. EZBioCloud	20
Chapitre III: Résultats et discussion	
III.1. Etude chimiotaxonomique.....	26
III.2. Résultats de calculs de similarité basé sur le coefficient de <i>Jaccard</i>	33
III.3. Résultats de calculs de similarité basé sur le coefficient d' <i>Ochiai</i>	33
III.4. Etude moléculaire	36
Conclusion et perspectives	41
Références bibliographique	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 Désoxyribosenucléique.

ARNr: Acide Ribonucléique.

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.

PIDM: Phosphatidylinositol di-mannoside.

PME: Phosphatidyl-Méthyl-Ethanolamine.

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> . -----	7
Tableau 3. Les profils phospholipidiques présents chez les <i>Actinomycetota</i> . -----	8
Tableau 4. Les profils d'acides gras chez les <i>Actinomycetota</i> (Nakajima <i>et al.</i> , 1999).-----	8
Tableau 5. Les types des ménaquinones retrouvés chez les <i>Actinomycetota</i> . -----	9
Tableau 6. Les habitats naturel de certains genres d' <i>Actinomycetota</i> . -----	14
Tableau 7. Les Matrices de distances -----	17
Tableau 8. Tableau des exemples pratiques de la similarité-----	17
Tableau 9. Sucres spécifiques présents dans la paroi cellulaire des différentes espèces de <i>Kineosporia</i> -----	26
Tableau 10. Les ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire des espèces de <i>Kineosporia</i> (présence/absence). -----	27
Tableau 11. Phospholipides caractéristiques de la membrane des espèces étudiées.-----	28
Tableau 12. Acides aminés caractéristiques de la paroi des espèces de <i>Kineosporia</i> . -----	29
Tableau 13. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées. -	30
Tableau 14. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées (suite). -----	31
Tableau 15. Acides gras caractéristiques de la composition cellulaires des espèces étudiées (suite). -----	32
Tableau 16. Pourcentages de similarité obtenus par l'indice de <i>Jaccard</i> . -----	33
Tableau 17. Pourcentages de similarité obtenus par l'indice d' <i>Ochiai</i> -----	33
Tableau 18. Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude moléculaire basé sur l'indice <i>Jaccard</i> . -----	37
Tableau 19. Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude moléculaire basé sur l'indice <i>Ochiai</i> . -----	38

Liste des figures

Figure 1. Micromorphologie de deux genre d' <i>Actinomycetota</i> (Bouras <i>et al.</i> , 2014; Bouzanda <i>et al.</i> , 2016).....	5
Figure 2. Structure chimique de ménaquinones (Meklat, 2012).....	8
Figure 3. Diversité des habitats des <i>Actinomycetota</i> (Helmi, 2025).	13
Figure 4. Logo du logiciel PAST3.	18
Figure 5. Logiciel MEGA 12 (<i>Molecular Evolutionary Genetics Analysis 12</i>).	19
Figure 6. Logo de base de données LPSN (<i>List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature</i>).	20
Figure 7. Logo de la plateforme EZBiocloud.....	20
Figure 8. Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de <i>Kineosporia</i> (à la base d'indice de <i>Jacarrd</i>) en fonction des caractères chimiotaxonomique (présence/absence).	34
Figure 9. Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de <i>Kineosporia</i> (à la base d'indice d' <i>Ochiai</i>) en fonction des caractères chimiotaxonomique (présence/absence).	35
Figure 10. Dendrogramme montrant les distances évolutives entre les espèces par l'utilisation d'ogiciel de MEGA12.....	36
Figure 11. Le niveau de similarité entre <i>K. corallincola</i> et les autres espèces du genre <i>Kineosporia</i>	37



INTRODUCTION

Introduction

La chimiotaxonomie s'impose comme un pilier incontournable de la systématique bactérienne contemporaine, particulièrement pour les lignées présentant une complexité phénotypique marquée, à l'instar du phylum *Actinomycetota*. Fondée sur l'analyse comparative de marqueurs structuraux stables (acides aminés pariétaux, oses cellulaires totaux, ménaquinones, lipides polaires et profils d'acides gras). Cette discipline permet de définir des signatures chimiotaxonomiques robustes, exploitables aux niveaux générique et spécifique. À l'inverse des caractères morphologiques ou physiologiques, fréquemment modulés par les conditions de culture, ces biomarqueurs traduisent des déterminants génétiques stables et évolutivement conservés, ce qui en fait des critères discriminants essentiels pour la taxonomie et l'identification des *Actinomycetota* (Wang et Jiang, 2016).

Classés historiquement sous la dénomination d'*Actinobacteria*, les *Actinomycetota* constituent l'un des phylums procaryotes les plus diversifiés sur le plan métabolique et se distinguent par leur capacité remarquable à synthétiser des métabolites secondaires bioactifs. Leur pertinence écologique, biotechnologique et pharmaceutique est largement documentée, puisqu'ils sont à l'origine de plus des deux tiers des antibiotiques en usage clinique, ainsi que d'une multitude d'agents antifongiques, antitumoraux et immunomodulateurs (Barka *et al.*, 2016). Cette diversité métabolique s'articule autour d'une hétérogénéité chimiotaxonomique structurante qui, dès les travaux pionniers du canadien Lechevalier (depuis les années 1970), a permis l'établissement de « chimiotypes » distincts, aujourd'hui intégrés comme critères fondamentaux dans la délimitation des familles et des genres au sein de ce phylum.

Dans cette perspective taxonomique, le genre *Kineosporia*, initialement décrit par Pagani et Parenti (1978) et amendé par Itoh *et al.* (1989), illustre une organisation particulière au sein des *Actinomycetota*. Il se caractérise par la production de spores mobiles, l'absence de mycélium aérien différencié et une paroi cellulaire riche en glycine et en acide LL-diaminopimélique. Son profil chimiotaxonomique singulier se distingue par la coexistence des isomères d'acides aminés LL- et *méso*-diaminopimélique, l'absence d'oses pariétaux caractéristiques, la prédominance de la ménaquinone MK-9(H₄), ainsi que la présence récurrente de phosphatidylcholine, un phospholipide rarement observé parmi les *Actinomycetales* (Labeda et Lechevalier, 1989; Kudo *et al.*, 1998).

Depuis sa caractérisation initiale, le genre *Kineosporia* a vu la validation de plusieurs espèces, dont *K. succinea*, *K. rhizophila*, *K. mikuniensis* et *K. rhamnosa*, isolées de niches végétales, suivies ultérieurement par *K. babensis*, obtenue à partir de litière forestière au Vietnam (Kudo *et al.*, 1998; Sakiyama *et al.*, 2009). La délimitation de ces entités taxonomiques s'appuie sur une approche polyphasique combinant l'analyse morphoculturelle, les marqueurs chimiotaxonomiques stables (acides aminés pariétaux, oses cellulaires, phospholipides, profils d'acides gras et ménaquinones), ainsi que les données phylogénétiques issues du gène de l'ARNr 16S et les taux d'hybridation ADN-ADN. Ces investigations ont révélé une diversité spécifique substantielle au sein du genre, matérialisée par des signatures chimiotaxonomiques différenciées et des valeurs d'hybridation génomique systématiquement inférieures au seuil conventionnel de 70%, critère de référence établi pour la discrimination interspécifique chez les procaryotes (Wayne *et al.*, 1987).

L'objectif de ce travail est de comparer les huit espèces validées du genre *Kineosporia* d'un point de vue chimiotaxonomique (indices de *Jaccard* et d'*Ochiai*) et moléculaire. Cette étude vise à évaluer le degré de similarité entre ces espèces par des dendrogrammes chimiotaxonomiques numériques et phylogénétiques générés à l'aide de logiciels et plateformes bioinformatiques (PAST3, MEGA12 et EzbioCloud). Le but de cette comparaison est de déterminer si l'étude chimiotaxonomique fournit des données aussi fiables que l'étude moléculaire, afin de déterminer quelle souche type est la plus proche de la souche type référence.



Revue bibliographique

I.1. TAXONOMIE DES *ACTINOMYCETOTA*

I.1.1 Définition

L'identification des bactéries appartenant au phylum *Actinomycetota* s'est révélée essentielle grâce à leur aptitude à synthétiser des molécules bioactives aux propriétés remarquables. Ces micro-organismes occupent une place prépondérante tant dans le secteur agricole, où ils participent activement aux processus de minéralisation et de la dégradation de la matière organique, que dans le domaine biotechnologique grâce à leur capacité à sécréter des antibiotiques (Ventura *et al.*, 2007; Goodfellow *et al.*, 2012).

Les *Actinomycetota* représentent un groupe bactérien important de bactéries à Gram positif, se distinguant par une proportion élevée de guanine et cytosine (G+C) dans leur matériel génétique. Ces bactéries présentent généralement une organisation filamenteuse (un développement mycélien), affichant une apparence morphologique rappelant celle des champignons. Leur répartition est très large, puisqu'on les retrouve principalement dans les sols, les écosystèmes aquatiques, ainsi que dans le microbiote des animaux et des humains (Barka *et al.*, 2016; Nouioui *et al.*, 2018).

I.1.2 Taxonomie générale des *Actinomycetota*

La classification phylogénétique des *Actinomycetota* repose sur une approche polyphasique intégrant à la fois des critères phénotypiques et génotypiques. Parmi les marqueurs chimiotaxonomiques essentiels figurent la composition en acides gras de la membrane cellulaire, la teneur en acide diaminopimélique (DAP) dans la paroi bactérienne, la nature des quinones respiratoires ainsi que le profil des sucres pariétaux. La classe Actinomycetia, qui regroupe des ordres majeurs tels que les *Actinomycetales*, les *Streptomycetales* et les *Micromonosporales*, a vu sa taxonomie profondément bouleversée par l'avènement du séquençage génomique à haut débit. Ces outils moléculaires ont non seulement affiné les relations phylogénétiques au sein de ce phylum, mais ont également conduit à la découverte de nombreux genres et espèces nouveaux, révélant ainsi une diversité insoupçonnée. Cette richesse taxonomique est le reflet d'une étonnante capacité d'adaptation à des écosystèmes variés, et elle ouvre des perspectives prometteuses dans les domaines de la biotechnologie et de la pharmacologie, notamment pour la production de molécules bioactives (Nouioui *et al.*, 2007).

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 filamenteuses, le mycélium de substrat et aérien, ainsi les formation des sporanges sont considérées comme des caractéristiques morphologiques des *Actinomycetota*. Les conditions de culture sont considérées comme un facteur influençant ces caractéristiques phénotypiques (Meklat, 2012; Li *et al.*, 2016).

I.1.3.2. Caractéristiques macromorphologiques

L'identification taxonomique préliminaire des genres d'*Actinomycetota* repose essentiellement sur l'observation de certains traits morphologiques visibles à l'œil nu (caractères cultureux), on distingue notamment:

- **Structures filamenteuse:** Les *Actinomycetota* se caractérisent par une croissance mycélienne ramifiée qui rappelle celle des champignons filamenteux (Lattu *et al.*, 2023).
- **Organisation du mycélium (aérien et végétatif):** le développement de structures complexes est un critère clé. Le mycélium aérien est souvent le siège de la sporulation, produisant des chaînes de spores ou des sporanges. La morphologie de ces structures, ainsi que la coloration du mycélium, varient considérablement en fonction du milieu nutritif utilisé et des conditions de culture (Li *et al.*, 2016).
- **Propriétés culturelles:** La différenciation des espèces dépend fortement de l'aspect des colonies sur divers milieux (Li *et al.*, 2016). La classification s'appuie sur des facteurs phénotypiques tels que la production de pigments (solubles ou non), la texture et la forme des colonies, ainsi que les conditions physico-chimiques optimales de croissance comme la température, le pH, et la salinité (Subbaiya *et al.*, 2015). Bien qu'utiles, ces données macromorphologiques doivent idéalement être complétées par des analyses moléculaires pour garantir une identification fiable (Nurkanto et Agusta, 2016).

I.1.3.2. Caractéristiques micromorphologiques

La combinaison de ces caractéristiques avec les données moléculaires devient utile (Nurcanto et Agusta, 2016), Dans le but de déterminer la classification des *Actinomycetota* et d'étudier leur rôle dans les domaines agronomiques, biotechnologiques, les caractéristiques suivantes sont importantes:

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

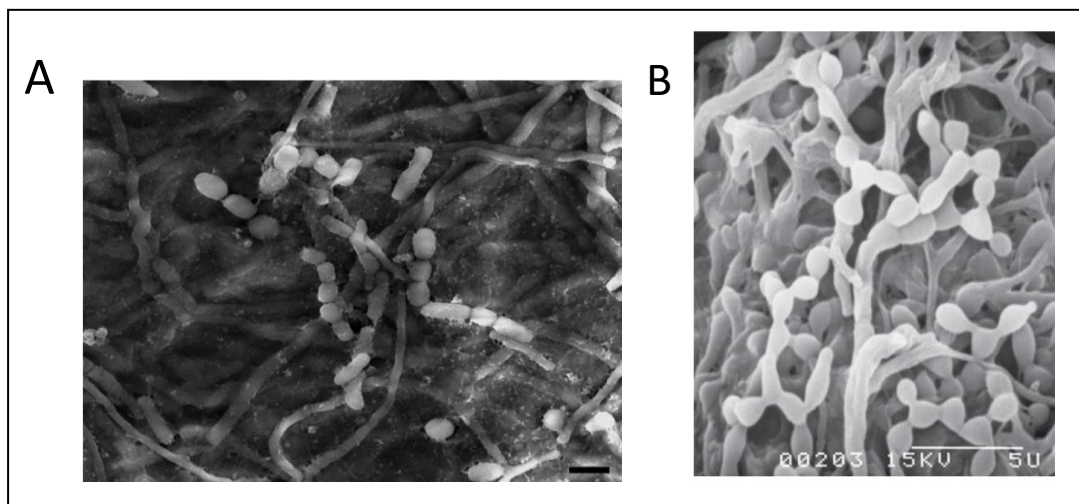


Figure 1. Micromorphologie de deux genre d'*Actinomycetota* (Bouras *et al.*, 2014 ; Bouznada *et al.*, 2016).

- **Développement des sclérotés:** la formation des sclérotés et la formation des hyphes large est l'une des caractéristiques de certains genres 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 différents (Li *et al.*, 2016).

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

I.1.3.4. Chimiotaxonomie (critères chimiques)

La combinaison des critères morphologiques et chimiques est nécessaire pour garantir une identification 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 (Zitouni *et al.*, 2005).

I.1.3.4.1. Sucres

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

Le tableau 01 présente les cinq chimiotypes des sucres chez les *Actinomycetota*.

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

Sucres	Exemple
Arabinose-galactose (Groupe A)	<i>Actinopolyspora mzabensis</i> (Meklat <i>et al.</i> , 2013)
Madurose (Groupe B)	<i>Actinomadura libanotica</i> (Mokrane <i>et al.</i> , 2013)
Xylose-arabinose (Groupe D)	<i>Micromonospora</i> (Labeda <i>et al.</i> , 2009)
Rhamnose-galactose (Groupe E)	<i>Saccharothrix tamanrassentis</i> (Boubtera <i>et al.</i> , 2015)
Absence de sucres caractéristiques (Groupe C)	<i>Streptomyces</i> (Kawamoto <i>et al.</i> , 1981)

I.1.3.4.2. Acides aminés

L'un des constituants majeurs des *Actinomycetota* sont 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). À partir de ces composés, on distingue différents chimiotypes (Meklat, 2012).

Le tableau 02 présente les chimiotypes des acides aminés chez les *Actinomycetota*.

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>Microbacterium liquefaciens</i> (Takeuchi <i>et al.</i> , 1998)
Type II D	Arabinose + xylose + DL DAP + glycine	<i>Micromonospora palythoicola</i> (Kanchannasin <i>et al.</i> , 2024).
Type III B	Madurose + DL DAP	<i>Actinomadura madurae</i> (Lavrova <i>et al.</i> , 1975)
Type III C	DL DAP et absence de sucres	<i>Streptomyces coelicolor</i> (Singh <i>et al.</i> , 2014)
Type III E	Rhamnose + galactose + DL DAP	<i>Saccharothrix saharensis</i> (Boubtera <i>et al.</i> , 2013)
Type IV A	Arabinose + galactose + DL DAP	<i>Prauserlla isguenensis</i> (Saker <i>et al.</i> , 2015)
Type V	Ornithine + lysine	<i>Beutenbergia cavernae</i> (Groth <i>et al.</i> , 1999)
Type VI	Lysine	<i>Phytohabitans maris</i> (Zhang <i>et al.</i> , 2024)
Type VII	Acide diaminobutyrique + glycine (lysine variablement présente)	<i>Rathayibacter toxicus</i> (Sasaki <i>et al.</i> , 1998)
Type VIII	Ornithine	<i>Ornithinimicrobium</i> (Guo <i>et al.</i> , 2020)

I.1.3.4.3. Lipides membranaires

L'un des moyens les plus importants pour l'identification des différents genres d'*Actinomycetota*, est la détermination des lipides caractéristiques comme les lipides polaires (phospholipides), les ménaquinones et les acides gras.

I.1.3.4.4. Phospholipides

Des phospholipides ont été mis en évidence par l'analyse des membranes cellulaires. Cinq profils distincts ont été décrits (Lechevalier *et al.* 1977), comprenant quatre phospholipides suivants: la phosphatidyléthanolamine, un phosphatidyl contenant de la glucosamine, la phosphatidylcholine et la phosphatidylglycérol (Tableau 3).

Le tableau 03 présente les profils phospholipidiques présents chez les *Actinomycetota*.

Tableau 3. Les profils phospholipidiques présents chez les *Actinomycetota*.

Types de phospholipides	PC	PE	PCG	PG	Exemples
PI	–	–	–	v	<i>Microbacterium</i> (He <i>et al.</i> , 2025)
PII	–	+	–	–	<i>Actinoplanes</i> (Wannawong <i>et al.</i> , 2024)
PIII	+	–	–	v	<i>Rhodococcus</i> (Tangjtaroenjunt <i>et al.</i> , 2025)
PIV	–	+	+	–	<i>Amycolatopsis</i> (Xu <i>et al.</i> , 2024)
PV	–	–	+	+	<i>Nocardia</i> (Sripreechask <i>et al.</i> , 2025)

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

+: présent; –: absent; v: variable.

I.1.3.4.5. Acides gras

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

Le tableau 04 présente les profils d'acides gras présents chez les *Actinomycetota*.

Tableau 4. Les 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.1.3.4.6. Ménaquinones

Les ménaquinones (ou vitamine K2) sont des composés lipidiques solubles intégrés à la membrane cellulaire. Leur structure moléculaire repose sur un noyau naphtoquinone substitué par un groupement méthyle et une chaîne latérale aliphatique composée d'unités isopréniques répétées (Figure 2).

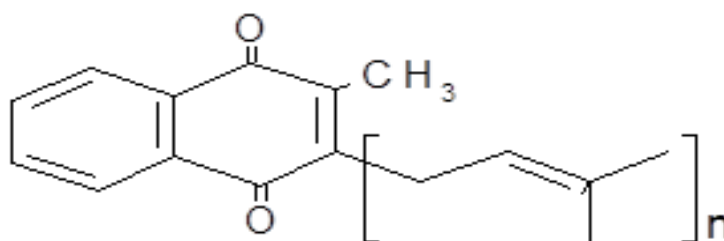


Figure 2. La structure chimique de ménaquinones (Meklat, 2012).

L'identification et la classification taxonomique de ces molécules s'appuient sur deux paramètres principaux: le nombre total d'unités isoprènes dans la chaîne latérale et leur état de saturation (Meklat, 2012).

Le tableau 05 présente les types des ménaquinones retrouvés chez les *Actinomycetota*.

Tableau 5. Les types des ménaquinones retrouvés chez les *Actinomycetota*.

Type	Description	Principaux ménaquinones	Genres
1a	Absence d'unités isoprènes hydrogénées	MK-7	<i>Friedmanniella</i> (Maszenan <i>et al.</i> , 1997)
1b		MK-9	<i>Actinoalloteichus</i> (Boudjelal <i>et al.</i> , 2015)
2a	Présence d'un seul type de ménaquinones souvent dihydrogénées ou tétrahydrogénées (avec 8 ou 9 unités isoprènes)	MK-8(H ₂)	<i>Nocardiodes</i> (Kim <i>et al.</i> , 2020)
2b		MK-8(H ₄)	<i>Kribbella</i> (Everest et Meyers, 2012)
2c		MK-9(H ₂)	<i>Rhodococcus</i> (Goodfellow et Maldonado 2012)
2d		MK-9(H ₄)	<i>Microbispora</i> (Li <i>et al.</i> , 2024)
3a	Présence de ménaquinones tétrahydrogénées	MK-8(H ₄), MK-9(H ₄)	<i>Pseudonocardia</i> (Wawick <i>et al.</i> , 1994)
3b		MK-9(H ₄), MK-10(H ₄)	<i>Saccharothrix</i> (Labeda <i>et al.</i> , 1984)
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>Streptosporangium</i> (Chaabane Chaouch <i>et al.</i> , 2016)
4b		MK-9(H ₄), MK-9(H ₆), MK-9(H ₈)	<i>Nonomuraea</i> (Klykleung <i>et al.</i> , 2019)
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 types de critères sont utilisés pour différencier et identifier les espèces bactériennes, notamment les approches physiologiques, biochimiques et moléculaires.

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

I.1.4.1.1. Critères physiologiques et biochimiques

L'évaluation du potentiel métabolique repose sur divers tests biochimiques comme la capacité de fixation de l'azote. Les tests physiologiques permettent d'apprécier l'aptitude de à métaboliser les substrats carbonés et azotés, fournissant ainsi des critères discriminants pour leur identification (Goodfellow *et al.*, 2012; Barka *et al.*, 2016).

I.1.4.1.2. Taxonomie numérique

L'approche numérique en taxonomie évalue le niveau de ressemblance phénotypique existant entre différentes souches (ou espèces bactériennes), à partir d'une série de caractères biochimiques et physiologiques. Dans cette méthode, on attribue la valeur 1 à un caractère présent et la valeur 0 à un caractère absent (Sneath et Sokal, 1973).

Pour analyser les données collectées via des logiciels spécialisés, on utilise fréquemment différents coefficients de similarité, notamment ceux de *Dice*, *Ochiai*, *Jaccard* et *Sokal*, etc. Les dendrogrammes générés par ces analyses permettent de visualiser le classement hiérarchique des souches en fonction de leur proximité phénotypique (Gordon *et al.*, 1974; Goodfellow, 1989).

En pratique, lorsque le taux de similarité entre deux souches est supérieur à un seuil fixé (généralement 70 %), on les rattache à la même espèce. De ce fait, la taxonomie numérique représente une méthode complémentaire fiable, assurant une identification précise et reproductible des *Actinomycetota* (Meklat *et al.*, 2013; Bouras *et al.*, 2015).

I.1.4.2. Critères moléculaires

Grâce aux progrès de la biologie moléculaire contemporaine, l'étude des acides nucléiques constitue une avancée considérable. Le recours au séquençage du gène de l'ARN ribosomal 16S, associé à l'hybridation ADN-ADN, représentent des outils moléculaires essentiels qui permettent d'identifier avec précision et fiabilité les genres et les espèces, en particulier au sein du phylum des *Actinomycetota* (Woese, 1987; Stackebrandt et Goebel, 1994).

En outre, la description de nouveaux genres implique la mesure du pourcentage de paires de bases guanine-cytosine (G+C) composant l'ADN génomique (Boudjelal *et al.*, 2015; Saker *et al.*, 2015). Les caractères morphologiques, physiologiques et biochimiques restent indispensables pour confirmer une classification taxonomique. La combinaison des données moléculaires avec ces critères phénotypiques assure une taxonomie solide et plus fiable et précise (Meklat *et al.*, 2013; Boubetra *et al.*, 2016).

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

Afin de reconstituer les liens phylogénétiques entre les divers genres d'*Actinomycetota* et les micro-organismes qui leur sont apparentés, les chercheurs ont eu recours à une stratégie de séquençage basée sur l'étude des oligonucléotides du gène codant pour l'ARN ribosomal 16S. Cette approche a permis de surmonter certaines des limitations propres aux méthodes d'identification conventionnelles, en apportant des données précieuses sur les relations évolutives qui existent entre ces micro-organismes (Stackebrandt et Woese, 1981; Woese, 1987).

Cette technique assure une classification taxonomique fiable et précise des différentes espèces. Pour y parvenir, deux stratégies complémentaires ont été développées: le séquençage direct et l'amplification du gène d'intérêt via la PCR (Polymerase Chain Reaction), qui utilise une ADN polymérase résistante à la chaleur (Taq polymérase) (Mullis *et al.*, 1986; Rainey *et al.*, 1996).

Pour situer correctement les séquences obtenues par rapport aux souches types de référence et pour identifier leur position taxonomique, des comparaisons ont été réalisées à l'aide de bases de données génomiques spécialisées telles que GenBank et EzTaxon-e (Pruesse *et al.*, 2007; Kim *et al.*, 2012). Les outils bioinformatiques employés incluent le reverse complément des séquences, la conversion entre différents formats de fichiers (notamment FASTA), ainsi que les algorithmes d'alignement multiple. Ces procédés, intégrés au sein de logiciels spécialisés, garantissent des résultats à la fois fiables et reproductibles lors des analyses phylogénétiques (Boudjelal *et al.*, 2015; Saker *et al.*, 2015).

Différentes approches de reconstruction phylogénétique ont été utilisées, parmi lesquelles figure le modèle de substitution nucléotidique de Jukes et Cantor (Jukes et Cantor, 1969). Ce modèle, qui constitue une base essentielle de l'évolution moléculaire contemporaine, permet d'appréhender les mécanismes de remplacement des nucléotides et d'estimer les distances évolutives entre les espèces à partir de leurs séquences d'ADN. L'examen des séquences

complètes ou partielles du gène de l'ARNr 16S a pour objectif d'évaluer les distances génétiques entre les souches analysées et de déterminer leur rattachement à un genre ou à une espèce particulière.

Ce marqueur moléculaire se révèle particulièrement adapté à l'identification des bactéries, car il est présent de manière universelle chez l'ensemble des espèces bactériennes et comporte des zones hypervariables propres à chaque taxon (Lane, 1991; Clarridge, 2004). En règle générale, lorsque le pourcentage de similarité entre les séquences d'ARNr 16S dépasse 98,65 %, on considère que les souches appartiennent à la même espèce. Inversement, un taux de similarité inférieur ou égal à ce seuil indique qu'il s'agit d'espèces distinctes (Kim *et al.*, 2014; Yarza *et al.*, 2014).

I.1.4.2.2. Détermination du pourcentage de guanine-cytosine

Les bactéries appartenant au phylum *Actinomycetota* se distinguent par un pourcentage élevé de paires de bases guanine-cytosine dans leur ADN, avec des valeurs documentées variant de 57% à 75% (Shiburaj *et al.*, 2012). Cette richesse en contenu (G+C) a été mise en relation avec leur capacité à synthétiser une diversité importante de composés secondaires, notamment des substances antibiotiques utilisées en thérapeutique (Aftab *et al.*, 2016; Girish *et al.*, 2022).

II. ECOLOGIE DES ACTINOMYCETOTA

II.1. Distribution générale des *Actinomycetota*

Les bactéries du phylum *Actinomycetota* colonisent une grande variété d'écosystèmes, notamment les sols terrestres et les milieux aquatiques marins et non-marins. Leur ubiquité dans ces différents espèces naturels fait d'elles une ressource majeure de métabolites secondaires aux propriétés biologiques variées, présentant un intérêt considérable pour les applications industrielles et thérapeutiques (Barka *et al.*, 2016; Nouioui *et al.*, 2018).

II.1.1. Environnement terrestre

Les écosystèmes terrestres à composante pédologique (forêts, pâturages, terres cultivées) constituent des espèces de prédilection pour les *Actinomycetota*. Leur répartition dans le sol est influencée par des facteurs tels que les propriétés physico-chimiques du sol, le climat et les conditions semi-arides. Des travaux récents menés dans les sols arides du Botswana montrent que les *Actinomycetota* dominent ces milieux, représentant jusqu'à 21,1 % des communautés bactériennes, avec le pH du sol et les précipitations annuelles comme principaux facteurs déterminants (Tidimalo *et al.*, 2024).

II.1.2. Environnement aquatique

Les écosystèmes marins représentent l'un des espaces les plus favorables à la prolifération des *Actinomycetota* et d'autres bactéries. Les caractéristiques environnementales spécifiques de ces milieux aquatiques permettent à ces micro-organismes de synthétiser une diversité de métabolites secondaires aux propriétés biologiques remarquables, incluant des activités antifongiques, antibactériennes, anticancéreuses, insecticides et inhibitrices d'enzymes, outre d'autres applications thérapeutiques prometteuses (Bull et Stach, 2007; Manivasagan *et al.*, 2014).

II.1.3. Les milieux extrêmes

Les *Actinomycetota* démontrent une capacité d'adaptation remarquable aux conditions environnementales extrêmes, comme en témoignent les souches isolées des lacs sodiques d'Afrique de l'Est, notamment le lac Natron en Tanzanie. Ces écosystèmes hostiles, caractérisés par des conditions alcalines et salines extrêmes, abritent une diversité microbienne exceptionnelle qui stimule la biosynthèse de composés bioactifs. Ces métabolites présentent un intérêt considérable pour les applications biotechnologiques et constituent une source prometteuse pour la découverte de nouvelles molécules innovantes (Ventura *et al.*, 2007; Barka *et al.*, 2016).

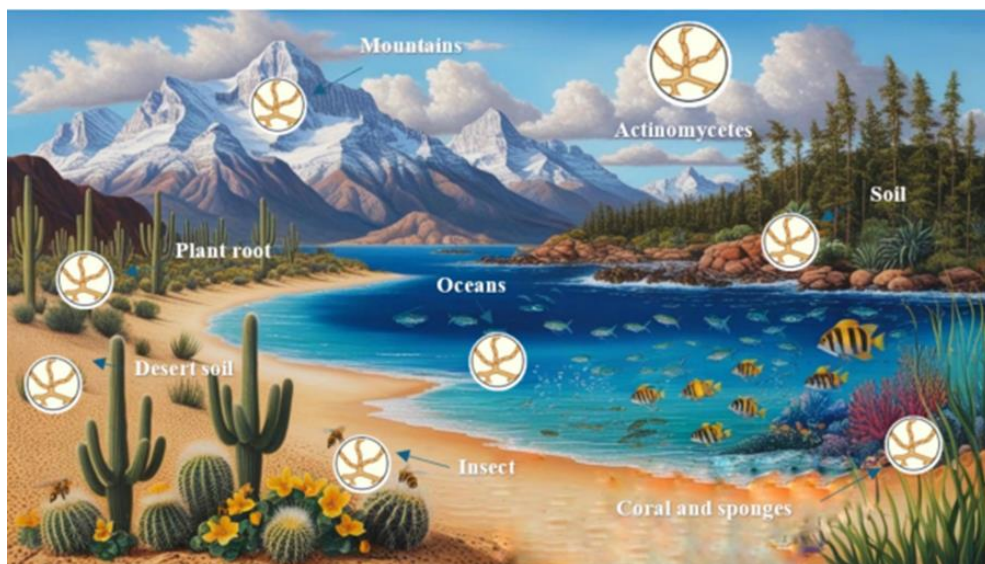


Figure 3. Schéma représente la diversité des habitats des *Actinomycetota* (Helmi, 2025).

Les *Actinomycetota* constituent un groupe bactérien essentiel dans les processus de biodégradation de la matière organique, notamment la cellulose, l'hémicellulose, la lignine et la kératine présentes dans les sols et les composts (Zermane *et al.*, 2007; Boubetra *et al.*,

2016). Ces micro-organismes occupent des niches écologiques variées, comme l'illustre le tableau 6 qui recense les habitats naturels de certains genres d'*Actinomycetota* (Boudjelal *et al.*, 2015; Saker *et al.*, 2015; Chaabane Chaouch *et al.*, 2016).

Le tableau 06 présente les Habitats naturel de certains genres d' *Actinomycetota*.

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

<i>Actinomycetota</i>	Habitat
<i>Salinispora</i> et <i>Miarinispora</i> (Mincer <i>et al.</i> , 2005)	Sédiments marins tropicaux et subtropicaux
<i>Frankia</i> (Presson <i>et al.</i> , 2011)	Sols (symbiose avec les racines de plantes)
<i>Nocardia</i> et <i>Streptomyces</i> (George <i>et al.</i> , 2012)	Le sol (les zones humides et les régions montagneuses
<i>Kineosporia</i> (Pagani et Parenti, 1978)	Sols, litière végétale et environnements associés aux plantes

III. GENRE *KINEOSPORIA*

Le genre *Kineosporia* (Pagani et Parenti, 1978) rassemble des bactéries aérobies, à Gram positif, non acido-alcoolrésistantes et mésophiles. La teneur en guanine + cytosine (G+C) de leur ADN génomique est élevée, comprise entre 68 % et 71 %. Ces micro-organismes appartiennent à l'ordre des *Actinomycetales*. L'espèce type du genre est *Kineosporia aurantiaca*.

Une particularité physiologique importante de *Kineosporia* est l'absence de mycélium aérien. À la place, des structures sporogènes en forme de dôme (spore domes) se forment à la surface des colonies et produisent des zoospores mobiles dotées de flagelles polaires. Les spores sont sphériques à ovoïdes, mesurant entre 1,0 et 2,0 µm de diamètre. Les colonies présentent généralement une coloration allant de l'orange au brun clair, avec un aspect brillant et humide. La sporulation complète s'achève en 2 à 4 semaines (Itoh *et al.*, 1989).

Les espèces de *Kineosporia* sont le plus souvent isolées à partir de litières végétales, de racines et de sphaignes, dans des environnements terrestres ou aquatiques. Certaines souches ont également été trouvées dans des habitats particuliers comme les sédiments marins et les zones humides (Kudo *et al.*, 1998).

Sur le plan taxonomique, *Kineosporia* suscite un intérêt croissant car plusieurs de ses espèces sont capables de produire des métabolites secondaires bioactifs. Le genre se distingue par la présence d'acide méso-diaminopimélique dans le peptidoglycane, d'une ménaquinone majoritaire de type MK-9(H₄), et d'une prédominance des acides gras C_{18:1} et C_{16:0} (Goodfellow *et al.*, 2012).

À ce jour, huit espèces valides ont été décrites au sein du genre *Kineosporia*. Leur classification taxonomique est la suivante: <https://lpsn.dsmz.de>

Règne: *Bacillati*

Phylum: *Actinomycetota*

Classe: *Actinomycetes*

Ordre: *Kineosporiales*

Famille: *Kineosporiaceae*

Genre: *Kineosporia*



*Matériel et
Méthodes*

Chapitre II: Matériel et méthodes

II.1. Espèces étudiées

Dans le cadre de cette étude, huit espèces composant au genre *Kineosporia* ont été sélectionnées afin d'effectuer une comparaison entre l'approche chimiotaxonomique (basée sur les coefficients de *Jaccard* et d'*Ochiai*) et l'approche moléculaire. Les huit espèces retenues sont présentées ci-dessous selon leur date de découverte croissante:

1- *Kineosporia aurantiaca*: est une espèce aérobie, à Gram positif et non acido-alcool-résistante, caractérisée par l'absence de mycélium aérien et la production de sporanges terminaux contenant une seule spore motile (1-2 μm), sphérique à pyriforme, munie de flagelles polaires. Cette espèce a été isolée d'un sol de Saint-Raphaël (France). Les colonies, de couleur orange caractéristique sur milieux gélosés, se développent optimalement à 30°C et pH 7 (Parenti et Pagani, 1978).

2- *Kineosporia succinea*: Cette espèce a été isolée à partir de litière végétale récoltée à Saitama, au Japon. Ses colonies, de couleur allant de l'orange au brun clair, génèrent des spores mobiles de forme sphérique ou ovoïde, à surface lisse. La teneur en G+C de son ADN est comprise entre 70 et 71 mol% (Kudo *et al.*, 1998)

3- *Kineosporia rhizophila*: est une espèce isolée de racines de souchet *Cyperus microiria* à Saitama, au Japon. Les colonies orange à brun clair produisent de faibles pigments diffusibles rougeâtres, avec une teneur en G+C de 70 mol% (Kudo *et al.*, 1998)

4- *Kineosporia mikuniensis*: est une espèce isolée de sphaignes au mont Mikuni, préfecture de Gunma, au Japon. Les colonies orange à brun clair produisent de faibles pigments diffusibles jaunâtres. avec une teneur en G+C de 69 mol%; elle ne tolère pas 1% de NaCl (Kudo *et al.*, 1998)

5- *Kineosporia rhamnosa*: est une espèce isolée de feuilles de massette (*Typha latifolia*) à Saitama, au Japon. Les colonies orange à brun clair ne produisent aucun pigment diffusible. La teneur en G+C de 68–69 mol%; elle ne tolère pas 2% de NaCl (Kudo *et al.*, 1998).

6- *Kineosporia babensis*: est une espèce isolée de litière végétale dans le parc national de Ba Be, au Vietnam. Les colonies orange produisent des spores motiles, sphériques ou ovoïdes (1,0–2,0 μm), à surface lisse, contenues dans des structures en forme de dôme sporogène. La teneur en G+C de son ADN varie entre 69 et 70 mol% (Sakiyama *et al.*, 2009)

7- *Kineosporia mesophila*: Il s'agit d'une espèce endophyte isolée à partir de tiges stérilisées en surface de *Tripterygium wilfordii*, dans la province du Yunnan (Chine). Les colonies présentent une coloration orange-jaune et sont dépourvues de mycélium aérien. Les spores,

uniques, de forme sphérique à ovoïde ou piriforme, sont portées à l'extrémité des hyphes du substrat. La paroi cellulaire contient principalement de l'acide méso-diaminopimélique, et la teneur en G+C de son ADN génomique atteint 70,3 % (Li *et al.*, 2009).

8- *Kineosporia corallincola*: est une bactérie marine isolée à partir du corail *Favites pentagona*, Thaïlande. La teneur en G+C de l'ADN génomique est d'environ 70,87%. L'analyse phylogénétique du gène de l'ARNr 16S révèle une parenté étroite avec *Kineosporia babensis*, *Kineosporia mesophila* et *Kineosporia rhizophila*, tout en confirmant qu'il s'agit d'une espèce distincte (Buangrab *et al.*, 2022).

II.2. Etude chimiotaxonomique

L'analyse chimiotaxonomique porte sur les constituants cellulaires de huit espèces rattachées au genre *Kineosporia*, à savoir les oses, les acides aminés, les phospholipides, les acides gras et les ménaquinones. Ces différents composés ont été examinés selon un codage binaire (présence/absence) dans le but de comparer la composition des parois cellulaires. Ainsi, une espèce se voit attribuer la valeur 1 lorsqu'elle possède un caractère donné, et la valeur 0 dans le cas contraire. Les données issues de cette analyse sont organisées dans un tableau où chaque ligne représente l'une des huit espèces étudiées et chaque colonne correspond à un constituant biochimique spécifique (sucres, acides aminés, ménaquinones, etc.).

II.2.1. Mesure de similarité

L'évaluation du degré de similarité entre les espèces repose sur plusieurs paramètres permettant de mettre en évidence leurs ressemblances et leurs différences. Dans le cadre de cette étude, deux indices de similarité ont été retenus: l'indice de *Jaccard* et l'indice d'*Ochiai*.

II.2.1.1. Indice de *Jaccard*

L'indice de *Jaccard* constitue un coefficient quantitatif utilisé pour déterminer le pourcentage de similitude existant entre deux espèces. Il est également désigné sous le nom de « coefficient de communauté » dans la publication originale (Jaccard, 1901).

Cet indice est calculé par la relation suivante:

$$J = \frac{a}{a + b + c}$$

Tableau 7. Les matrices de distances.

	1	0
1	a	b
0	c	d

$$\mathbf{a} = (1, 1); \mathbf{b} = (0, 1); \mathbf{c} = (1, 0); \mathbf{d} = (0, 0).$$

$$\mathbf{J} = (2) / (2 + 0 + 2) = 0,5 \rightarrow 50\%.$$

- Ainsi, le niveau de ressemblance entre les deux entités M1 et M2 atteint 50 %.

II.2.1.2. Indice d'Ochiai

L'indice d'Ochiai mesure la similarité entre deux habitats en s'appuyant sur les espèces prises en considération. Sa valeur est obtenue à partir d'une matrice de données relatives aux espèces étudiées.

La formule suivante est utilisée pour calculer cet indice:

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

Tableau 8. Tableau des exemples pratiques de la similarité.

Caractère Espèce	A1	A2	A3	A4	A5
E1	1	0	0	1	1
E2	1	0	0	0	0
E3	1	0	0	0	1
E4	1	0	0	0	0

- La similitude entre E1 et E2:

$$\mathbf{a} (1, 1) = 1; \mathbf{b} (0, 1) = 0; \mathbf{c} (1, 0) = 2; \mathbf{d} (0, 0) = 2.$$

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

- Le degré de similitude entre E1 et E2 est de 57%.

PAST3 a été utilisé pour l'exploitation des bases de données.

II.2.2. PAST3 (Paleontological Statistics3)

L'analyse chimiotaxonomique des espèces du genre *Kineosporia* a été effectuée au moyen du logiciel PAST version 3 (Paleontological Statistics). Ce logiciel, librement accessible et compatible avec les environnements informatiques standards, offre une interface

intégrant les fonctions d'un tableur (matrice de données binaires codées 0/1) associées à des outils statistiques variés.

Parmi ses nombreuses fonctionnalités, PAST3 permet de réaliser des statistiques univariées et multivariées, des ajustements de courbes, des analyses de séries chronologiques, des représentations graphiques ainsi que des analyses phylogénétiques simples (Hammer *et al.*, 2001). Bien que développé à l'origine pour les besoins de la paléontologie et de l'écologie, ce logiciel s'avère parfaitement adapté à la microbiologie.

Dans notre travail, PAST3 a servi à exploiter les données sur la paroi cellulaire des espèces du genre *Kineosporia*. À partir d'un tableau Excel où chaque marqueur biochimique (sucres, acides aminés, ménaquinones, lipides polaires, acides gras) est noté 1 (présent) ou 0 (absent), le logiciel a produit des dendrogrammes de similarité en utilisant les coefficients de *Jaccard* et d'*Ochiai*.



Figure 4. Logo du logiciel PAST3.

II.3. Etude moléculaire

L'étude des relations phylogénétiques s'appuie sur l'analyse des séquences nucléotidiques du gène de l'ARNr 16S. Cette approche a été mise en œuvre pour explorer les affinités entre les différentes espèces appartenant au genre *Kineosporia* et pour mieux cerner leur histoire évolutive grâce aux données de séquençage (Lopez *et al.*, 2002). Le principe fondamental de cette méthode consiste à comparer les caractéristiques propres à chaque espèce afin de savoir si elles dérivent ou non d'un ancêtre commun.

L'approche moléculaire repose sur des logiciels performants traitant les données (séquences, matrices de distances, etc.). Ces outils fournissent des classifications taxonomiques traduites sous forme d'arbres phylogénétiques ou de dendrogrammes, ce qui permet de visualiser clairement les liens évolutifs entre les taxons étudiés.

Au cours de notre travail, l'étude phylogénétique a été effectuée à l'aide du logiciel MEGA 12 (Kumar *et al.*, 2024), en utilisant la méthode du Neighbor-Joining associée au modèle de distance de Kimura (K2P). Les similarités entre séquences se sont trouvées validées par la base de données EZBioCloud, tandis que la nomenclature des espèces a été vérifiée via la base LPSN (Meier-Kolthoff et Göker, 2022).

II.3.1. MEGA 12 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis 12*)

MEGA 12 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis* version 12) est un logiciel intégré moderne pour l'analyse comparative de séquences en phylogénie moléculaire (Kumar *et al.*, 2024). Grâce à l'intégration de méthodes phylogénétiques telles que les distances, la parcimonie maximale, la vraisemblance maximale et les approches bayésiennes, il génère des arbres phylogénétiques (Kumar *et al.*, 1994; Tamura *et al.*, 2011). Le logiciel propose également des outils pour la sélection des modèles de substitution, l'évaluation des distances phylogénétiques et le repérage des mutations. MEGA 12 dispose d'une interface graphique multiplateforme, ce qui en fait un outil bioinformatique performant pour l'analyse phylogénétique des souches ou espèces bactériennes (Kumar *et al.*, 2024).

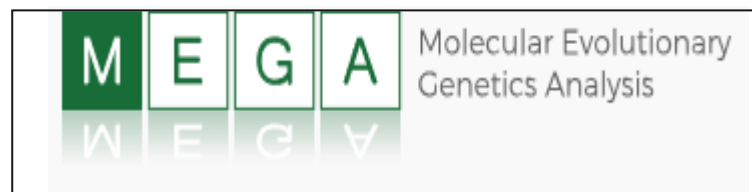


Figure 5. Logo du logiciel MEGA 12 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis 12*).

II.3.1.1. Création d'alignements de séquences multiples

Les séquences nucléotidiques de l'ARNr 16S de huit espèces ont été extraites de la base LPSN (List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature) et sauvegardées au format FASTA. Une analyse comparative a ensuite été réalisée en prenant *K. corallincola* comme espèce de référence. Ces séquences sont consultables à l'adresse suivante: <https://bacterio.net/>.



Figure 6. Logo de la base de données LPSN (*List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature*).

II.3.2. EZBioCloud

Afin de calculer les similitudes en pourcentage entre les espèces du genre *Kineosporia*, Nous avons eu recours à la plateforme EZBioCloud (anciennement EzTaxon). Celle-ci se présente comme un portail analytique et informationnel comprenant la hiérarchie taxonomique complète des bactéries et des archées, représentée par des séquences d'ARNr 16S (géniques et génomiques). Elle offre également des données relatives à l'écologie, la génomique, la métagénomique et le microbiome de ces micro-organismes (Yoon *et al.*, 2017).

Selon Yoon *et al.* (2017), la base de données EZBioCloud contient 61700 espèces/phylotypes, comprenant 13 132 noms officiellement enregistrés et 62 362 séquences génomiques totales situées aux échelons du genre, de l'espèce et de la sous-espèce.



Figure 7. Logo de la plateforme EZBioCloud

L'identification de l'espèce de référence *K. corallincola* à partir de sa séquence d'ARNr 16S (extraite au format FASTA de la base LPSN) a été réalisée en soumettant la séquence nucléotidique à l'outil "16S-based ID" de la plateforme EZBioCloud (Yoon *et al.*, 2017). Les résultats ont ensuite été classés selon un classement décroissant de similarité vis-à-vis de la séquence de référence, puis présentés sous la forme d'un tableau de similarité illustrant les pourcentages de similarité entre les huit espèces du genre *Kineosporia* incluses dans cette étude.



Résultats et discussion

III.1. Etude chimiotaxonomique

L'étude chimiotaxonomique s'est appuyée sur une analyse détaillée des publications consacrées aux huit espèces du genre *Kineosporia*, y compris celles parues dans l'*International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (IJSEM)* ainsi que dans d'autres revues spécialisées en microbiologie. Ces travaux, réalisés selon des approches polyphasiques, apportent des données précises sur la composition pariétale, les acides aminés, les sucres, les phospholipides et les profils de ménaquinones, ce qui permet une classification rigoureuse des espèces de ce genre.

III.1.1. Sucres

Le tableau 9 présente les sucres signalés dans la paroi cellulaire des espèces de *Kineosporia*.

Tableau 9. Les sucres spécifiques présents dans la paroi cellulaire des différentes espèces de *Kineosporia*

Espèce	Glu	Man	Gala	Rham	Rib	Mad	Ara	Xyl
<i>Kineosporia aurantiaca</i> (Pagani et Parenti, 1978) (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(+)/+	(+)/+	+/+	(+)/(+)	(+)/+	(+)/(+)	+/(+)	+/(+)
<i>Kineosporia succinea</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+	+	+	-	+	(-)	-	-
<i>Kineosporia rhizophila</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+	+	+	-	+	(-)	-	-
<i>Kineosporia mikuniensis</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+	+	+	-	+	(-)	-	-
<i>Kineosporia rhamnosa</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+	+	+	+	+	(-)	-	-
<i>Kineosporia babensis</i> (Sakiyama <i>et al.</i> , 2009)	+	+	+	-	+	(-)	-	-
<i>Kineosporia mesophila</i> (Li <i>et al.</i> , 2009)	+	+	+	(-)	+	(-)	(-)	(-)

<i>Kineosporia corallincola</i> (Buangrab <i>et al.</i> , 2022)	(+)	(+)	+	(-)	(+)	+	+	+
Fréquence	8/8	8/8	8/8	1/8	8/8	2/8	2/8	2/8
	100%	100%	100%	12,5%	100%	25%	25%	25%

(-): absente présumée; (+): présente présumée; +: présente; -: absente.

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

L'analyse des articles publiés montre que Le glucose, le mannose, le galactose et le ribose constituent les sucres majoritairement retrouvés chez les espèces étudiées de *Kineosporia* analysées (100%), tandis que la madurose, l'arabinose et le xylose ne sont détectés que chez 25% des espèces (principalement *K. aurantiaca* et *K. corallincola*). Le rhamnose, quant à lui, est presque absent (12,5%), détecté uniquement chez *K. rhamnosa*.

III.1.2. Ménaquinones

Le tableau 10 présente les principales ménaquinones retrouvées dans la membrane des espèces étudiées.

Tableau 10. Les ménaquinones caractéristiques de la composition cellulaire des espèces de *Kineosporia* (présence/absence et les quantités en pourcentages).

Espèce	MK-9(H ₀)	MK-9(H ₂)	MK-9 (H ₄)	MK-9(H ₆)
<i>Kineosporia aurantiaca</i> (Pagani et Parenti, 1978) (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	++(2%)	++(2)	++(92%)	++(3%)
<i>Kineosporia succinea</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+(2%)	-	+(92%)	+(1%)
<i>Kineosporia rhizophila</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+(1%)	+(2%)	+(97%)	-
<i>Kineosporia mikuniensis</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+(3)	-	+(92%)	+(1%)
<i>Kineosporia rhamnosa</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+(6%)	+(8%)	+(85%)	+(1%)
<i>Kineosporia babensis</i> (Sakiyama <i>et al.</i> , 2009)	-	-	+	-
<i>Kineosporia mesophila</i> (Li <i>et al.</i> , 2009)	-	+(5,2%)	+(94,8%)	-
<i>Kineosporia corallincola</i> (Buangrab <i>et al.</i> , 2022)	-	-	+	-
Fréquence	5/8	4/8	8/8	4/8

	62,5%	50%	100%	50%
--	-------	-----	------	-----

+: présente; -: absente.

L'analyse des articles publiés révèle que la ménaquinone MK-9(H₄) est présente chez toutes les espèces étudiées (100%), ce qui en fait un biomarqueur majeur du genre *Kineosporia*. En revanche, les autres ménaquinones (MK-9(H₀), MK-9(H₂), MK-9(H₆)) montrent une présence variable, avec des fréquences respectives de 62,5%, 50% et 50%.

III.1.3. Phospholipides

Le tableau 11 illustre la composition en phospholipides de la membrane des espèces examinées.

Tableau 11. Phospholipides caractéristiques de la membrane des espèces étudiées.

Espèce	PI	PC	PG	PIM	DPG	PIMs	GPL	PME	PIDM
<i>Kineosporia aurantiaca</i> (Pagani et Parenti, 1978) (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(+)/+	(+)/+	(+)/+	(+)/(+)	(+)/+	(+)/(+)	(+)/+	(+)/(+)	(+)/(+)
<i>Kineosporia succinea</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+	+	+	(-)	+	(-)	+	(-)	(-)
<i>Kineosporia rhizophila</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+	+	+	(-)	+	(-)	+	(-)	(-)
<i>Kineosporia m mikuniensis</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+	+	+	(-)	+	-	+	(-)	(-)
<i>Kineosporia rhamnosa</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+	+	+	(-)	+	(-)	+	(-)	(-)
<i>Kineosporia babensis</i> (Sakiyama <i>et al.</i> , 2009)	+	+	+	(-)	+	(-)	+	-	(-)
<i>Kineosporia mesophila</i> (Li <i>et al.</i> , 2009)	+	+	+	(-)	+	+	+	(-)	+
<i>Kineosporia corallincola</i> (Buangrab <i>et al.</i> , 2022)	+	+	+	+	+	+	(-)	(-)	+

Fréquence	8/8	8/8	8/8	2/8	8/8	3/8	7/8	1/8	3/8
	100%	100%	100%	25%	100%	37,5%	87,5%	12,5%	37,5%

(-): absente présumée; (+): présente présumée; +: présente; -: absente.

PI: Phosphatidylinositol; **PC:** Phosphatidylcholine; **PG:** Phosphatidylglycérol; **PIM:** Phosphatidylinositol-mannoside; **DPG:** diphosphatidylglycerol; **PIMs:** Phosphatidylinositolmannosides; **GPL:** Glycophospholipides; **PME:** Phosphatidylmethylethanolamine; **PIDM:** Phosphatidylinositol di-mannoside.

L'analyse du profil phospholipidique des espèces du genre *Kineosporia* révèle que le phosphatidylinositol (PI), la phosphatidylcholine (PC), le phosphatidylglycérol (PG) et le diphosphatidylglycérol (DPG) sont présents chez toutes les espèces étudiées (100%).

En revanche, les phosphatidylinositolmannosides (PIM) ne sont détectés que chez deux espèces (*K. aurantiaca* et *K. corallincola*), soit une fréquence de 25%. Les PIMs (forme non spécifiée) sont présents chez 37,5% des espèces (*K. aurantiaca*, *K. mesophila*, *K. corallincola*). Le GPL (glycolipide non identifié) est présent chez 87,5% des espèces, tandis que la PME n'est détectée que chez *K. aurantiaca* (12,5%) et le PIDM chez 37,5% des espèces (*K. aurantiaca*, *K. mesophila*, *K. corallincola*).

III.1.4. Acides aminés

Le tableau 12 illustre les acides aminés présents dans la membrane plasmique des espèces examinées.

Tableau 12. Les acides aminés caractéristiques de la paroi des espèces de *Kineosporia*.

Espèce	Glu	Ala	Gly	Acide LL-DAP	Acide méso-DAP	Lysine
<i>Kineosporia aurantiaca</i> (Pagani et Parenti, 1978) (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(+)/(+)	(+)/(+)	(+)/(+)	+/+	(+)/+	(+)/(+)
<i>Kineosporia succinea</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(-)	+	(-)	+	+	(-)
<i>Kineosporia rhizophila</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(-)	+	(-)	(-)	+	(-)
<i>Kineosporia mikuniensis</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(-)	+	(-)	(-)	+	(-)
<i>Kineosporia rhamnosa</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(-)	+	(-)	(-)	+	(-)
<i>Kineosporia babensis</i> (Sakiyama <i>et al.</i> , 2009)	(-)	+	(-)	(-)	(-)	(-)
<i>Kineosporia mesophila</i> (Li <i>et al.</i> , 2009)	+	+	+	(-)	(-)	+

<i>Kineosporia corallincola</i> (Buangrab <i>et al.</i> , 2022)	(-)	(-)	(-)	+	+	(-)
Fréquence	2/8	7/8	2/8	3/8	6/8	2/8
	25%	87,5%	25%	37,5%	75%	25%

(-): absente présumée; (+): présente présumée; +: présente; -: absente.

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

L'analyse des articles publiés montre que le genre *Kineosporia* ne présente pas un profil unique et constant pour l'ensemble des acides aminés pariétaux. L'acide méso-diaminopimélique (*méso-DAP*) est détecté chez 6 espèces sur 8 (75%), tandis que l'acide LL-diaminopimélique (LL-DAP) n'est présent que chez 3 espèces (37,5%): *K. aurantiaca*, *K. succinea* et *K. corallincola*. L'alanine (Ala) est présente chez la majorité des espèces (7/8; 87,5%), absente uniquement chez *K. corallincola*. En revanche, l'acide glutamique (Glu) et la glycine (Gly) ne sont détectés que chez 2 espèces chacune (25%): *K. aurantiaca* et *K. mesophila* pour Glu; *K. aurantiaca* et *K. mesophila* pour Gly. La lysine est également rare (2/8; 25%), présente uniquement chez *K. aurantiaca* et *K. mesophila*.

III.1.5. Acides gras

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

Tableau 13. Les acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées (présence/absence et les quantités en pourcentages).

Espèce	C _{14:0}	C _{15:0}	C _{16:0}	C _{16:1}	C _{17:0}	C _{17:1}	C _{18:0}
<i>Kineosporia aurantiaca</i> (Pagani et Parenti, 1978) (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(+)/[+]	(+)/+(2%)	(+)/+(28%)	(+)/+(10%)	(+)/+(1%)	(+)/[+]	(+)/+(4%)
<i>Kineosporia succinea</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	[+]	[+]	+(28%)	+(5%)	+(2%)	[+]	+(6%)
<i>Kineosporia rhizophila</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	[+]	[+]	+(26%)	+(5%)	+(1%)	[+]	+(10%)
<i>Kineosporia mikuniensis</i>	[+]	[+]	+(22%)	+(4%)	+(11%)	+(7%)	+(5%)

(Kudo <i>et al.</i> , 1998)								
<i>Kineosporia rhamnosa</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+(3%)	+(1%)	+(17%)	+(1%)	+(10%)	+(4%)	+(20%)	
<i>Kineosporia babensis</i> (Sakiyama <i>et al.</i> , 2009)	(-)	(-)	+	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)
<i>Kineosporia mesophila</i> (Li <i>et al.</i> , 2009)	(-)	(-)	+(27,98%)	(-)	+	(-)	(-)	(-)
<i>Kineosporia corallincola</i> (Buangrab <i>et al.</i> , 2022)	(-)	(-)	+(33,9%)	(-)	+(5,6%)	(-)	+(8,9%)	
Fréquence	5/8	5/8	8/8	5/8	7/8	5/8	6/8	
	62,5%	62,5%	100%	62,5%	87,5%	62,5%	75%	

Tableau 14. Les 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}
<i>Kineosporia aurantiaca</i> (Pagani et Parenti, 1978) (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(+)/+ (21%)	(+)/+ (1%)	(+)/(+)	(+)/(+)	(+)/(+)	(+)/(+)	(+)/(+)	(+)/(+)	(+)/(+)
<i>Kineosporia succinea</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+(43%)	+(1%)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)
<i>Kineosporia rhizophila</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+(57%)	[+]	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)
<i>Kineosporia mikuniensis</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+(38%)	[+]	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)
<i>Kineosporia rhamnosa</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	+(33%)	+(1%)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)
<i>Kineosporia babensis</i>	+	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)

(Sakiyama <i>et al.</i> , 2009)									
<i>Kineosporia mesophila</i> (Li <i>et al.</i> , 2009)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)
<i>Kineosporia corallincola</i> (Buangrab <i>et al.</i> , 2022)	(-)	(-)	+	+	+	(-)	+	+	(-)
Fréquence	6/8	5/8	2/8	2/8	2/8	1/8	2/8	2/8	1/8
	75%	62,5%	25%	25%	25%	12,5%	25%	25%	12,5%

Tableau 15. Les acides gras caractéristiques de la composition cellulaires des espèces étudiées (suite).

Espèce	Anteiso - C _{14:0}	Anteiso - C _{15:0}	Anteiso - C _{17:0}	10-Methyl C _{17:0}	10-Methyl C _{18:0}	C _{18:1 w9c}	2-OH C _{16:0}
<i>Kineosporia aurantiaca</i> (Pagani et Parenti, 1978) (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(+)/(+)	(+)/(+)	(+)/(+)	(+)/[+]	(+)/+(28%)	(+)/(+)	(+)/+(4%)
<i>Kineosporia succinea</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(-)	(-)	(-)	[+]	+(12%)	(-)	+(2%)
<i>Kineosporia rhizophila</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(-)	(-)	(-)	-	-	(-)	-
<i>Kineosporia mikuniensis</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(-)	(-)	(-)	+(1%)	+(11%)	(-)	[+]
<i>Kineosporia rhamnosa</i> (Kudo <i>et al.</i> , 1998)	(-)	(-)	(-)	+(1%)	+(8%)	(-)	-
<i>Kineosporia babensis</i> (Sakiyama <i>et al.</i> , 2009)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)	(-)
<i>Kineosporia mesophila</i> (Li <i>et al.</i> , 2009)	(-)	(-)	(-)	(-)	+(18,6%)	(-)	(-)
<i>Kineosporia corallincola</i> (Buangrab <i>et al.</i> , 2022)	+	+	+	(-)	+(19,1%)	+(20,6%)	(-)
Fréquence	2/8	2/8	2/8	4/8	6/8	2/8	3/8
	25%	25%	25%	50%	75%	25%	37,5%

(-): absente présumée; (+): présente présumée; +: présente; -: absente; [+]: trace.

L'analyse des acides gras montre que C_{16:0} est universel (100%). Les acides C_{17:0} (87,5%) et C_{18:0} (75%) sont très fréquents. Les acides iso, anteiso et C_{18:1 w9c} sont rares (12,5-25%), présents uniquement chez *K. aurantiaca* et *K. corallincola*. Le 10-Methyl C_{18:0} est détecté chez 75% des espèces. Ainsi, le genre *Kineosporia* ne possède pas un profil unique d'acides gras, mais plutôt une variabilité spécifique.

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

Suite à des calculs basés sur l'usage du coefficient de *Jaccard*, le tableau 16 a été produit.

Tableau 16. Pourcentages de similarité obtenus par l'indice de *Jaccard*.

Paire des séquences	M ₁₁	M ₀₁	M ₁₀	M ₀₀	Coefficient (Similarité) de <i>Jaccard</i> $J = M_{11} / (M_{11} + M_{01} + M_{10})$	Pourcentage
<i>K. corallincola</i> / <i>K. corallincola</i>	30	00	00	20	$30/(30+00+00)=1$	100%
<i>K. aurantiaca</i> / <i>K. corallincola</i>	30	00	20	00	$30/(30+00+20)=0,6$	60%
<i>K. succinea</i> / <i>K. corallincola</i>	15	12	15	08	$15/(15+12+15)=0,375$	35,7%
<i>K. rhizophila</i> / <i>K. corallincola</i>	14	16	11	09	$14/(14+16+11)=0,341$	34,1%
<i>K. mikuniensis</i> / <i>K. corallincola</i>	14	16	11	09	$14/(14+16+11)=0,341$	34,1%
<i>K. rhamnosa</i> / <i>K. corallincola</i>	12	15	13	10	$12/(12+15+13)=0,325$	32,5%
<i>K. babensis</i> / <i>K. corallincola</i>	10	20	03	17	$10/(10+20+03)=0,303$	30,3%
<i>K. mesophila</i> / <i>K. corallincola</i>	14	06	16	14	$14/(14+06+16)=0,338$	33,9%

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 17 a été obtenu.

Tableau 17. 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>K. corallincola</i> / <i>K. corallincola</i>	30	00	00	20	$2(30)/\sqrt{(30+00)(30+00)}=1$	100%
<i>K. aurantiaca</i> / <i>K. corallincola</i>	30	00	20	00	$2(30)/\sqrt{(30+00)(30+20)} 0,774$	77,4%
<i>K. succinea</i> / <i>K. corallincola</i>	15	12	15	08	$2(15)/\sqrt{(15+12)(15+15)}=0,527$	52,7%

<i>K. rhizophila</i> / <i>K. corallincola</i>	14	16	11	09	$2(14) / \sqrt{(14+16)(14+11)}=0,511$	51,1%
<i>K. mikuniensis</i> / <i>K. corallincola</i>	14	16	11	09	$2(14) / \sqrt{(14+16)(14+11)}=0,511$	51,1%
<i>K. rhamnosa</i> / <i>K. corallincola</i>	12	15	13	07	$2(12) / \sqrt{(12+15)(12+13)}=0,491$	49,1%
<i>K. babensis</i> / <i>K. corallincola</i>	10	20	03	17	$2(10) / \sqrt{(10+20)(10+03)}=0,506$	50,6%
<i>K. mesophila</i> / <i>K. corallincola</i>	14	06	16	12	$2(14) / \sqrt{(14+06)(14+16)}=0,571$	57,1%

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

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

Sur la base de l'indice de *Jaccard* et en tenant compte de la présence/absence des caractères chimiotaxonomiques, une classification ascendante hiérarchique (CAH) des espèces du genre *Kineosporia* a été réalisée à l'aide du logiciel PAST3. Les résultats obtenus sont présentés dans la figure 8.

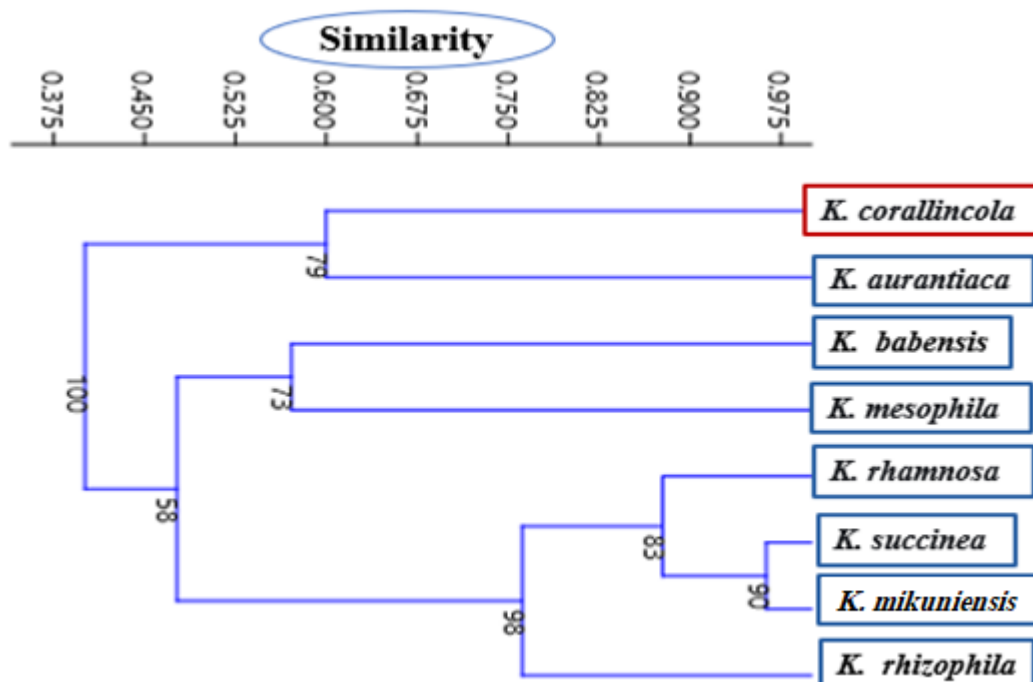


Figure 8. Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de *Kineosporia* (à la base d'indice de *Jaccard*) en fonction des caractères chimiotaxonomiques (présence/absence).

Les résultats de similarité calculés à l'aide de l'indice de *Jaccard* (Tableau 16) et visualisés par le dendrogramme de classification ascendante hiérarchique montrent que *K. aurantiaca* est l'espèce la plus proche de *K. corallincola* avec un pourcentage de similarité de 60%. Viennent ensuite *K. mesophila* (38,9%), *K. succinea* (35,7%), *K. rhizophila* et *K. mkuniensis* (34,1%), *K. babensis* (30,3%) et enfin *K. rhamnosa* (30%).

À partir de l'indice d'*Ochiai* et en tenant compte de la présence/absence des caractères chimiotaxonomiques, un dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) des espèces du genre *Kineosporia* a été réalisé à l'aide du logiciel PAST3. Le résultat est présenté dans la figure 9:

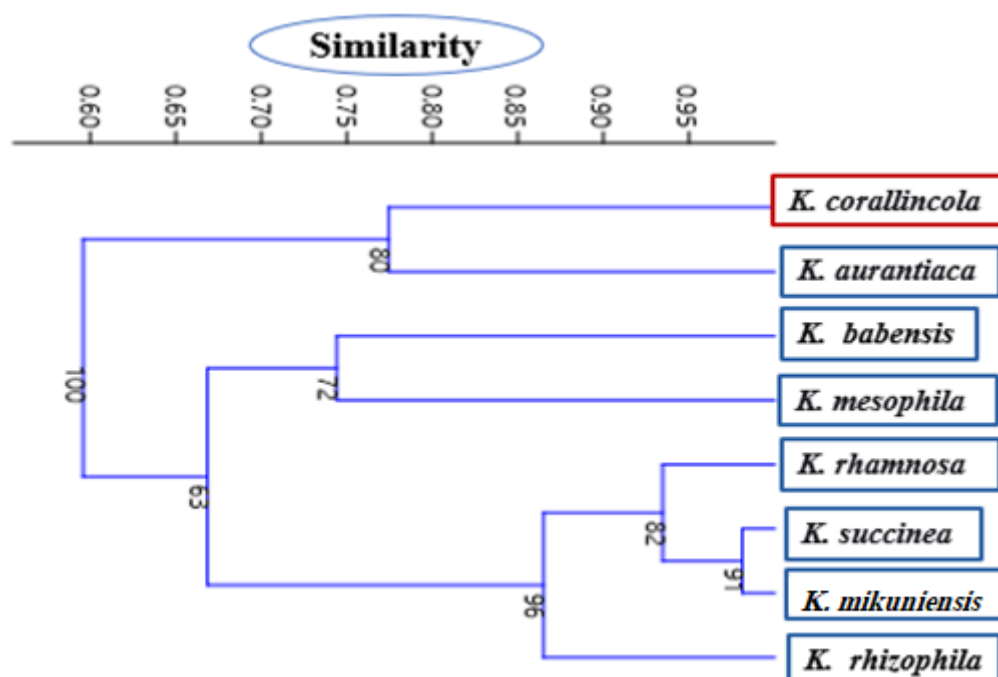


Figure 9. Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de *Kineosporia* (à la base d'indice d'*Ochiai*) en fonction des caractères chimiotaxonomique (présence/absence).

Les similarités obtenues par l'indice d'*Ochiai* (Tableau 17) et visualisés par le dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (Figure 9) montrent que *K. aurantiaca* est l'espèce la plus proche de *K. corallincola* avec un pourcentage de similarité de 77,4%. Viennent ensuite *K. mesophila* (57,1%), *K. succinea* (52,7%), *K. rhizophila* et *K. mikuniensis* (51,1% chacune), *K. babensis* (50,6%) et enfin *K. rhamnosa* (49,1%).

D'après les résultats de similarité obtenus à partir des dendrogrammes chimiotaxonomiques construits à l'aide des indices de *Jaccard* et d'*Ochiai*, on observe une similitude remarquable dans l'ordre général des espèces de *Kineosporia* les plus proches de

l'espèce de référence *K. corallincola*, à savoir: *K. aurantiaca*, *K. mesophila*, *K. succinea*, *K. rhizophila*, *K. mkuniensis*, *K. babensis* et *K. rhamnosa*.

Cependant, une différence notable est observée concernant la position relative de certaines espèces, notamment *K. rhamnosa* est relativement proche de *K. corallincola* selon l'indice de *Jaccard*, mais elle est la plus éloignée selon l'indice d'*Ochiai*.

III.4. Etude moléculaire

Un dendrogramme des huit espèces *Kineosporia* a été réalisés par le logiciel MEGA12 (par les séquences d'ARNr 16S).

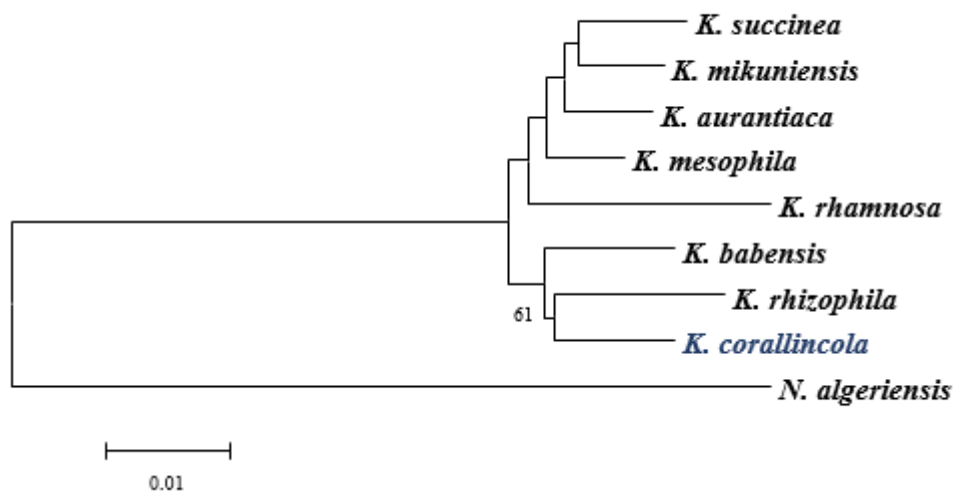


Figure 10. Dendrogramme montrant les distances évolutives entre les espèces par l'utilisation de logiciel de MEGA12.

Les espèces les plus apparentées à l'espèce de référence *K. corallincola*, qui ont été affichées par le dendrogramme de similarité (établi à partir des séquences d'ARNr 16S), se classent comme suit:

K. succinea, *K. mikuniensis*, *K. aurantiaca*, *K. mesophila*, *K. rhamnosa*, *K. babensis*, *K. rhizophila* et finalement *Nocardioopsis algeriensis* (groupe externe).

À partir de la plateforme EZBioCloud, les résultats obtenus sont présentés dans la Figure 11.

Select hits by database

All





















Valid names only

Excel

FASTA

EzEditor2



Tasks	Hit taxon name	Hit strain name	Accession	Similarity	Variation ratio	Hit taxonomy	Completeness (%)
 	Kineosporia corallincola	J2-2(T)	LC631947	100.00	0/1438	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Kineosporiales;Kineosporiaceae;Kineosporia	100.0
 	Kineosporia babensis	VN05A0415(T)	AB377116	98.08	26/1351	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Kineosporiales;Kineosporiaceae;Kineosporia	93.9
 	Kineosporia mesophila	YIM 65293(T)	FJ214362	98.01	28/1410	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Kineosporiales;Kineosporiaceae;Kineosporia	98.1
 	Kineosporia rhizophila	DSM 44389(T)	FR749986	97.84	31/1438	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Kineosporiales;Kineosporiaceae;Kineosporia	100.0
 	Kineosporia succinea	JCM 9957(T)	BBIE01000478	97.77	32/1438	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Kineosporiales;Kineosporiaceae;Kineosporia	100.0
 	Kineosporia mikuniensis	NBRC 16234(T)	AB377117	97.77	32/1438	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Kineosporiales;Kineosporiaceae;Kineosporia	100.0
 	Kineosporia rhamnosa	JCM 9954(T)	AB003935	96.65	48/1431	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Kineosporiales;Kineosporiaceae;Kineosporia	100.0
 	Kineosporia aurantiaca	JCM 3230(T)	AB003931	96.51	50/1431	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Kineosporiales;Kineosporiaceae;Kineosporia	100.0
 	EU132684_s	FFCH1107	EU132684	96.24	50/1330	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Kineosporiales;Kineosporiaceae;Kineosporia	92.5
 	Kineococcus rubinsiae	B12(T)	MN493040	94.85	74/1438	Bacteria;Actinomycetota;Actinomycetia;Kineosporiales;Kineosporiaceae;Kineococcus	100.0

Showing 1 to 10 of 50 rows rows per page


Figure 11. Le niveau de similarité entre *K. corallincola* et les autres espèces du genre *Kineosporia*

L'ordre de la similarité (degré de similitude) des espèces par rapport à l'espèce de *K. corallincola*, a été établi par la base de données EZBioCloud comme suit:

K. corallincola (100,00%), *K. babensis* (98,08%), *K. mesophila* (98,01%), *K. rhizophila* (97,84%), *K. succinea* (97,77%), *K. mikuniensis* (97,77%), *K. rhamnosa* (96,65%) et finalement *K. aurantiaca* (96,51%).

À partir de deux méthodes complémentaires, l'analyse chimiotaxonomique (dépendant de la présence/absence des caractéristiques chimiotaxonomiques) et l'analyse moléculaire (basée sur les séquences de l'ARNr 16S) une comparaison des similitudes entre les espèces du genre *Kineosporia* a été établie et est rapportée dans le Tableau 18.

Tableau 18. Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude moléculaire basé sur l'indice *Jaccard*.

Relation par rapport à l'espèce <i>K. corallincola</i>	Etude chimiotaxonomique (par indice de <i>Jaccard</i>)	Etude moléculaire
<i>K. corallincola</i> / <i>K. corallincola</i>	100%	100%

<i>K. aurantiaca</i> / <i>K. corallincola</i>	60%	96,51%
<i>K. succinea</i> / <i>K. corallincola</i>	35,7%	97,77%
<i>K. rhizophila</i> / <i>K. corallincola</i>	34,1%	97,84%
<i>K. mikuniensis</i> / <i>K. corallincola</i>	34,1%	97,77%
<i>K. rhamnosa</i> / <i>K. corallincola</i>	32,5%	96,65%
<i>K. babensis</i> / <i>K. corallincola</i>	30,3%	98,08%
<i>K. mesophila</i> / <i>K. corallincola</i>	33,9%	98,01%
Ordre de similarité	COR/COR- AUR-SUC-RHI- MIK-MES-RHA-BAB	COR/COR-BAB-MES- RHI-SUC-MIK-RHA- AUR

COR: *K. corallincola*; **AUR:** *K. aurantiaca*; **MES:** *K. mesophila*; **SUC:** *K. succinea*; **RHI:** *K. rhizophila*; **MIK:** *K. mikuniensis*; **BAB:** *K. babensis*; **RHA:** *K. rhamnosa*.

Tableau 19. Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude moléculaire basé sur l'indice *Ochiai*.

Relation par rapport à l'espèce <i>K. corallincola</i>	Etude chimiotaxonomique (par indice d'<i>Ochiai</i>)	Etude moléculaire
<i>K. corallincola</i> / <i>K. corallincola</i>	100%	100%
<i>K. aurantiaca</i> / <i>K. corallincola</i>	77,4%	96,51%
<i>K. succinea</i> / <i>K. corallincola</i>	52,7%	97,77%
<i>K. rhizophila</i> / <i>K. corallincola</i>	51,1%	97,84%
<i>K. mikuniensis</i> / <i>K. corallincola</i>	51,1%	97,77%
<i>K. rhamnosa</i> / <i>K. corallincola</i>	49,1%	96,65%
<i>K. babensis</i> / <i>K. corallincola</i>	50,6%	98,08%
<i>K. mesophila</i> / <i>K. corallincola</i>	57,1%	98,01%
Ordre de similarité	COR/COR-AUR-MES-SUC- RHI-MIK-BAB-RHA	COR/COR-BAB-MES- RHI-SUC-MIK-RHA- AUR

COR: *K. corallincola*; **AUR:** *K. aurantiaca*; **MES:** *K. mesophila*; **SUC:** *K. succinea*; **RHI:** *K. rhizophila*; **MIK:** *K. mikuniensis*; **BAB:** *K. babensis*; **RHA:** *K. rhamnosa*.

La comparaison des résultats statistiques issus des deux approches méthodologiques (l'étude chimiotaxonomique et l'étude moléculaire) montre que le classement des similitudes n'est pas le même.

Tout d'abord, l'ordre des similarités obtenu via les deux indices (*Jaccard* et *Ochiai*) présente une légère variation dans l'agencement des espèces concernant *K. rhamnosa*, *K. babensis* et *K. mesophila*. Cependant, l'ordre des espèces restantes demeure inchangé, comme suit:

L'indice de *Jaccard*: *K. corallincola*, *K. aurantiaca*, *K. mesophila*, *K. succinea*, *K. rhizophila*, *K. mikuniensis*, *K. babensis*, *K. rhamnosa*.

L'indice d'*Ochiai*: *K. corallincola*, *K. aurantiaca*, *K. mesophila*, *K. succinea*, *K. rhizophila*, *K. mikuniensis*, *K. babensis*, *K. rhamnosa*.

En revanche, les résultats moléculaires montrent un ordre des espèces nettement différent de celui de l'approche chimiotaxonomique concernant l'espèce de référence *K. corallincola*, lequel se présente comme suit: *K. corallincola*, *K. babensis*, *K. mesophila*, *K. rhizophila*, *K. succinea*, *K. mikuniensis*, *K. rhamnosa*, *K. aurantiaca*.

Effectivement, l'étude chimiotaxonomique a confirmé que l'espèce *K. aurantiaca* présente une similarité de 60% (indice de *Jaccard*) et de 77,4% (indice d'*Ochiai*) avec l'espèce de référence *K. corallincola*. Toutefois, selon l'étude moléculaire, l'espèce *K. babensis* (98,08%) est la plus proche de la souche de référence.

La classification et l'identification bactériennes constituent l'un des apports fondamentaux de la comparaison entre les deux approches méthodologiques chimiotaxonomique et moléculaire par l'intégration des marqueurs biochimiques aux données phylogénétiques (Vandamme *et al.*, 1996).

Par ailleurs, un autre intérêt de cette comparaison est la capacité à différencier les espèces des souches, en identifiant les écarts les plus marqués entre la famille, le genre et l'espèce. Cet aspect constitue l'une des fonctions essentielles de l'approche chimiotaxonomique dans le cadre d'une étude polyphasique. Il repose sur l'analyse des marqueurs biochimiques, notamment: les acides aminés, les peptides (peptidoglycane), les acides gras, les sucres totaux ainsi que d'autres composés polymères complexes. Ces analyses ont pour objectif de déterminer la distribution des membres au sein des différents taxons et d'aboutir à une compréhension exhaustive et fine des relations entre les taxons (Schumann et Pukall, 2017).

L'identification des espèces les plus apparentées d'une espèce de référence est possible grâce aux valeurs des indices de *Jaccard* et d'*Ochiai*. Par ailleurs, il est utile de

souligner que les classements des deux méthodes (l'ordre de similarité) ne sont pas totalement identiques, et cette disparité s'explique par la différence essentielle entre les fondements de chaque approche.

La catégorisation des espèces selon l'étude chimiotaxonomique se base principalement sur les constituants chimiques de la paroi cellulaire, à savoir: les sucres, les acides gras, les phospholipides, les ménaquinones et les acides aminés. En contrepartie, l'étude moléculaire s'appuie sur les méthodes d'analyse génomique (séquençage du gène de l'ARNr 16S), dans l'objectif de déterminer les marqueurs chimiotaxonomiques et d'affiner la systématique des procaryotes en général (Nouioui *et al.*, 2018; Barka *et al.*, 2016).

Ensuite, l'étude chimiotaxonomique, c'est-à-dire l'analyse des éléments chimiques de la paroi cellulaire, a permis d'obtenir les résultats suivants:

L'ensemble des espèces du genre *Kineosporia* se définit par l'existence des éléments chimiques suivants: MK-9(H₄), glucose, mannose, galactose, ribose, phosphatidylinositol (PI), phosphatidylcholine (PC), phosphatidylglycérol (PG) et diphosphatidylglycérol (DPG), avec un pourcentage de 100%. Autrement dit, ces éléments peuvent être considérés comme des marqueurs chimiotaxonomiques distinctifs du genre *Kineosporia*.

Il convient de noter que les autres composés cellulaires, notamment l'acide *méso*-diaminopimélique (75%), le C_{16:0} (100%), le C_{17:0} (87,5%), le C_{18:0} (75%) et le 10-Methyl C_{18:0} (75%), leur présence a été constatée chez la plupart des espèces, avec des taux variant de 75% et 100%.

En ce qui concerne les composés restants (rhamnose, madurose, arabinose, xylose, acides gras iso et anteiso, PIM, PME, PIDM), ils n'ont été identifiés que chez quelques espèces, avec un pourcentage variant entre 12,5% et 37,5%.


Enfin, dans ce contexte, il convient de souligner que l'identification et la description des micro-organismes représentent une des contributions principales de la chimiotaxonomie et de la biologie moléculaire. Ces approches mettent en évidence les différences biochimiques ainsi que les relations phylogénétiques entre les espèces. Elles garantissent également une identification et une reclassification taxonomiques fiables, précises et exemptes d'ambiguïté (Chun *et al.*, 2018).

En effet, la comparaison de nos résultats avec ceux des études antérieures révèle que la discordance entre les deux approches est la règle plutôt que l'exception. Dans notre étude sur *Kineosporia*, l'analyse chimiotaxonomique basée sur les coefficients de *Jaccard* et d'*Ochiai* a désigné *K. aurantiaca* comme l'espèce la plus proche de l'espèce de référence *K. corallincola* avec 60% (*Jaccard*) et 77,4% (*Ochiai*) de similarité, alors que l'étude moléculaire basée sur l'ARNr 16S a identifié *K. babensis* comme la plus proche avec 98,08% de similarité. Cette divergence est similaire à celle observée pour le genre *Microbispora* par Bennaceur et Djouane (2025), où *M. catharanthi* (63%) était la plus proche chimiotaxonomiquement tandis que *M. rosea* (98,73%) l'était moléculairement. Elle est également comparable aux résultats obtenus pour *Saccharomonospora* par Lahrèche, Mettas et Zaghloui (2023), où *S. oceani* (70,96%) était la plus proche chimiotaxonomiquement alors que *S. azurea* (98,27%) l'était moléculairement, ainsi qu'à ceux du genre *Kineococcus* par Abi Mhammed et Guerras (2024), où *K. endophyticus* et *K. indalonis* étaient les plus proches chimiotaxonomiquement tandis que *K. aurantiacus* (98,48%) l'était moléculairement. Seule l'étude sur *Salinispora* par Yagoub et Hamza (2022) a montré une concordance parfaite, *S. vitiensis* étant classée comme la plus proche de *S. goodfellowii* par les deux approches (83,33% en *Jaccard*, 91,66% en Kulczynski et 100% en ARNr 16S).

Cette tendance générale, observée dans quatre genres sur cinq, confirme les limites de l'approche chimiotaxonomique pour la discrimination fine des espèces au sein d'un même genre. En effet, la chimiotaxonomie, bien qu'elle permette d'identifier des biomarqueurs utiles pour la caractérisation générique (comme la ménaquinone MK-9(H₄), les sucres glucose, mannose, galactose et ribose, ainsi que les phospholipides PI, PC, PG et DPG dans le cas de *Kineosporia*), ne reflète pas toujours les relations phylogénétiques profondes. Cette limitation s'explique par le fait que les caractères chimiotaxonomiques résultent de l'expression de multiples gènes impliqués dans la biosynthèse des parois cellulaires, et peuvent être influencés par des convergences évolutives ou des adaptations écologiques (Vandamme *et al.*, 1996). En revanche, l'ARNr 16S, en tant que marqueur moléculaire universel et conservé, enregistre l'histoire évolutive réelle des espèces avec un taux de mutation lent et une standardisation internationale (Stackebrandt & Goebel, 1994; Woese, 1987).

Ainsi, l'ensemble de ces travaux démontre que l'étude chimiotaxonomique, bien qu'utile pour une caractérisation phénotypique préliminaire et l'identification de biomarqueurs potentiels, ne peut remplacer les analyses moléculaires pour une classification taxonomique

précise et non ambiguë. Comme l'ont recommandé les études antérieures (Bannaceur et Djouane, 2025; Lahèche *et al.*, 2023; Abi Mhammed et Guerras, 2024), une approche polyphasique intégrant à la fois les données phénotypiques (chimiotaxonomie) et génotypiques (ARNr 16S, génome complet, ANI, dDDH) demeure indispensable pour une délimitation taxonomique robuste. Notre étude sur *Kineosporia* constitue ainsi une contribution supplémentaire à cette démarche, et ouvre la voie à des investigations futures, notamment l'analyse phylogénomique complète du genre, qui permettrait de valider à plus haute résolution les relations phylogénétiques observées et de proposer une classification révisée des espèces de ce genre.



*Conclusion et
perspectives*

Notre travail s'inscrit dans une démarche de taxonomie bactérienne intégrative appliquée au genre *Kineosporia*, un taxon appartenant à l'embranchement des *Actinomycetota*, encore peu étudié malgré son intérêt écologique et biotechnologique potentiel. L'objectif principal était de comparer deux approches complémentaires: une approche chimiotaxonomique basée sur l'analyse des profils biochimiques pariétaux, et une approche moléculaire fondée sur l'étude des séquences du gène ARNr 16S, afin d'évaluer leur concordance et leur pouvoir discriminant pour délimiter les espèces de ce genre.

Pour ce faire, huit espèces du genre *Kineosporia* ont été analysées en prenant *K. corallincola* comme espèce de référence. L'étude chimiotaxonomique a analysé plusieurs marqueurs de la paroi cellulaire: sucres, acides aminés, ménaquinones, lipides polaires et acides gras. Les données ont été traitées avec PAST3 qui a permis de calculer deux indices de similarité: l'indice de *Jaccard* et l'indice d'*Ochiai*. Les dendrogrammes générés ont montré une forte compatibilité entre ces deux coefficients statistiques, attestant d'une bonne cohérence interne des données chimiotaxonomiques. Selon ces dendrogrammes, l'espèce *K. aurantiaca* apparaît comme la plus similaire à l'espèce de référence *K. corallincola*, avec un pourcentage de similarité de 77,4% selon l'indice d'*Ochiai* et de 60% selon l'indice de *Jaccard*.

Parallèlement, l'approche moléculaire a consisté en l'analyse comparative des séquences du gène ARNr 16S en utilisant le logiciel MEGA12. Les similarités entre espèces validées par la plateforme EZBioCloud. Les résultats moléculaires ont clairement indiqué que les espèces les plus apparentées de *K. corallincola* sont *K. succinea*, *K. mikuniensis* et *K. babensis*, avec des pourcentages de similarité atteignant 98,08% pour cette dernière. Ces valeurs correspondent aux seuils généralement admis pour l'appartenance au même genre chez les bactéries.

La confrontation directe des résultats obtenus par les deux approches a révélé une divergence notable: la chimiotaxonomie désigne *K. aurantiaca* comme l'espèce la plus apparentée à la référence, alors que l'étude moléculaire distingue un groupe différent composé de *K. succinea*, *K. mikuniensis* et *K. babensis*. Cette discordance, plutôt qu'une contradiction, met en évidence la différence fondamentale entre la nature des données exploitées. Les caractères chimiotaxonomiques reflètent l'expression phénotypique et métabolique de la cellule, potentiellement influencée par l'environnement ou les conditions de culture. En revanche, l'ARNr 16S constitue un marqueur génotypique conservé qui

enregistre l'histoire évolutive réelle des espèces, avec un taux de mutation lent et une standardisation internationale.

Ainsi, notre étude démontre que l'analyse moléculaire offre une vision taxonomique plus complète, plus précise et plus fiable que la seule analyse chimiotaxonomique pour le genre *Kineosporia*. Toutefois, cette dernière conserve son utilité comme outil complémentaire dans le cadre d'une stratégie de classification polyphasique, particulièrement pour la caractérisation phénotypique approfondie des souches.

En définitive, ce travail a permis de clarifier les relations phylogénétiques entre huit espèces du genre *Kineosporia*, de valider la position taxonomique de certaines d'entre elles, et d'apporter un éclairage méthodologique sur la complémentarité entre chimiotaxonomie et phylogénie moléculaire. Les résultats obtenus constituent une base solide pour de futures investigations.

À l'issue de cette étude, plusieurs perspectives sous forme de recommandations sont proposées afin d'améliorer et d'enrichir les résultats obtenus:

- Approfondir l'étude chimiotaxonomique en évaluant diverses associations de marqueurs, comme: les sucres seuls, les phospholipides seuls, les combinaisons « sucres + phospholipides », ainsi que « phospholipides + ménaquinones ». afin d'évaluer le pouvoir discriminant de chaque combinaison.
- Étendre le champ de l'étude à d'autres genres appartenant à la famille des *Kineosporiaceae* ou à l'ordre des *Kineosporiales*, afin de généraliser les marqueurs chimiotaxonomiques identifiés.
- Intégrer des données génomiques complètes (génomomes séquencés, ANI, dDDH) pour une validation à plus haute résolution des relations phylogénétiques observées.



*Références
bibliographiques*

Abi Mhammed, S., & Guerras, H. (2024). *Molecular and chemotaxonomic comparison study (based on Jaccard and Dice coefficients) of the genus Kineococcus* [Mémoire de master]. Université de Ghardaïa.

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., Zechel, D. L., & Sajid, I. (2016). *High G+C content actinobacteria from Pakistani soils: A rich source of bioactive secondary metabolites. Pakistan Journal of Pharmaceutical Sciences*, 29(5), 1657-1664.

Barka, E. A., Vatsa, P., Sanchez, L., Gaveau-Vaillant, N., Jacquard, C., Klenk, H.-P., Clément, C., Ouhdouch, Y., & van Wezel, G. P. (2016). *Taxonomy, physiology, and natural products of Actinobacteria. Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 80(1), 1-43.

Bennaceur, B., & Djouane, A. (2025). *Étude comparative chimiotaxonomique basée sur les coefficients de Dice et d'Ochiai et moléculaire du genre Microbispora* [Mémoire de master]. Université de Ghardaïa.

Boubetra, D., Zitouni, A., Meklat, A., Bouras, N., & Sabaou, N. (2016). *Polyphasic taxonomy of Saccharothrix species isolated from Algerian Saharan soils. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66(3), 1212-1218.

Boubtera, S., Meklat, A., Mokrane, S., Zitouni, A., Mathieu, F., Lebrihi, A., & Sabaou, N. (2013). *Saccharothrix saharensis sp. nov., an actinobacterium isolated from Saharan soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 63(11), 4164-4169.

Boubtera, S., Meklat, A., Mokrane, S., Zitouni, A., Mathieu, F., Lebrihi, A., & Sabaou, N. (2015). *Saccharothrix tamanrassetensis sp. nov., an actinobacterium isolated from Saharan soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 65(8), 2571-2576.

Boudjelal, F., Zitouni, A., Mathieu, F., Lebrihi, A., & Sabaou, N. (2015a). *Actinoalloteichus hoggarensis sp. nov., an actinobacterium isolated from*

Saharan soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology, 65(6), 2006-2011.

Boudjelal, F., Zitouni, A., Mathieu, F., Lebrihi, A., & Sabaou, N. (2015b). *Taxonomic characterization of actinobacteria isolated from Algerian Sahara soil. Journal of Pure and Applied Microbiology*, 9(2), 1123-1130.

Bouras, N., Meklat, A., Zitouni, A., Mathieu, F., Schumann, P., Spröer, C., Sabaou, N., & Klenk, H.-P. (2014). *Nocardiopsis algeriensis sp. nov., an alkalitolerant actinomycete isolated from Saharan soil. Antonie van Leeuwenhoek*, 106(4), 661-669.

Bouras, N., Meklat, A., Zitouni, A., Mathieu, F., Schumann, P., Spröer, C., & Sabaou, N. (2015). *Numerical taxonomy of halophilic actinobacteria isolated from Saharan soils. Annals of Microbiology*, 65(3), 1423-1430.

Bouznada, K., Bouras, N., Mokrane, S., Chaabane Chaouch, F., Zitouni, A., Pötter, G., Spröer, C., Klenk, H. P., & Sabaou, N. (2016). *Saccharothrix isguenensis sp. nov., an actinobacterium isolated from desert soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66(11), 4785-4790.

Buangrab, S., Kanchannasin, P., Suriyachadkun, C., Thawai, C., & Tanasupawat, S. (2022). *Kineosporia corallincola sp. nov., a marine actinobacterium isolated from coral Favites pentagona. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 72(5).

Bull, A. T., & Stach, J. E. M. (2007). *Marine actinobacteria: New opportunities for natural product search and discovery. Trends in Microbiology*, 15(11), 491-499.

Chaabane Chaouch, F., Bouras, N., Meklat, A., Zitouni, A., Sabaou, N. (2016a). *Streptosporangium becharensis sp. nov., an actinobacterium isolated from desert soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 66(10), 4154-4160.

Chaabane Chaouch, F., Bouras, N., Meklat, A., Zitouni, A., Sabaou, N. (2016b). *Taxonomic and ecological study of actinobacteria isolated from Algerian saline soils. Journal of Fundamental and Applied Sciences*, 8(3), 789-802.

Chun, J., Oren, A., Ventosa, A., Christensen, H., Arahal, D. R., da Costa, M. S., Rooney, A. P., Yi, H., Xu, X. W., De Meyer, S., & Trujillo, M. E. (2018). *Proposed minimal standards for the use of genome data for the taxonomy of prokaryotes. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 68(1), 461-466.

Clarridge, J. E. (2004). *Impact of 16S rRNA gene sequence analysis for identification of bacteria on clinical microbiology and infectious diseases. Clinical Microbiology Reviews*, 17(4), 840-862.

Everest, G. J., & Meyers, P. R. (2012). *Kribbella albertanoniae sp. nov., isolated from a soil sample, and emended description of the genus Kribbella. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62(8), 1911-1916.

EZBioCloud. (2024). *Chun Lab, Seoul National University.* <https://www.ezbiocloud.net>

Ganju, P. L., & Iyengar, M. R. S. (1974). *Development of sclerotia in Actinomycetes. Indian Journal of Microbiology*, 14(2), 57-61.

George, A. M., Karpagam, S., & Gopinath, K. P. (2012). *Nocardia and Streptomyces: Diversity and biotechnological applications. Journal of Applied Microbiology*, 113(4), 785-797.

Ghorbani-Nasrabadi, R., Greiner, R., Alikhani, H. A., & Hamed, J. (2013). *Distribution of actinobacteria in different soil ecosystems of Iran. Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 13(4), 907-920.

Girish, K. S., Sharath, R., & Kumar, V. (2022). *Actinobacteria with high G+C content: A potential source of novel antibiotics. Journal of Applied Microbiology*, 132(3), 1824-1840.

Goodfellow, M. (1989). *Numerical taxonomy of actinomycetes.* Dans S. T. Williams, M. E. Sharpe, & J. G. Holt (Éds.), *Bergey's manual of systematic bacteriology* (Vol. 4, pp. 2310-2313). Williams & Wilkins.

Goodfellow, M., & Maldonado, L. A. (2012). *The genus Rhodococcus.* Dans M. Goodfellow, P. Kämpfer, H.-J. Busse, M. E. Trujillo, K.-I. Suzuki, & W. Ludwig

(Éds.), *Bergey's manual of systematic bacteriology* (2e éd., Vol. 5, pp. 1397-1436). Springer.

Goodfellow, M., Kämpfer, P., Busse, H.-J., Trujillo, M. E., Suzuki, K.-I., & Ludwig, W. (Éds.). (2012). *Bergey's manual of systematic bacteriology* (2e éd., Vol. 5: The Actinobacteria). Springer.

Gordon, R. E., Barnett, D. A., Handerhan, J. E., & Pang, C. H. (1974). *Nocardia coeliaca, Nocardia autotrophica, and the nocardin strain. International Journal of Systematic Bacteriology*, 24(1), 54-63.

Groth, I., Schumann, P., Rainey, F. A., Martin, K., Schütze, B., & Augsten, K. (1999). *Beutenbergia cavernae* gen. nov., sp. nov., an L-lysine-containing actinomycete isolated from a cave. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 49(4), 1733-1740.

Guo, X., Liu, C., Wang, X., Zhao, J., & Xiang, W. (2020). *Ornithinimicrobium flavum* sp. nov., isolated from the rhizosphere of moss. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70(3), 1789-1794.

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

He, Y., Zhang, X., Li, J., Wang, L., & Chen, W. (2025). *Microbacterium soli* sp. nov., a novel actinobacterium isolated from rhizosphere soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 75(2).

Helmi, N. R. (2025). *Exploring the diversity and antimicrobial potential of actinomycetes isolated from different environments in Saudi Arabia: A systematic review. Frontiers in Microbiology*, 16.

Itoh, T., Kudo, T., Parenti, F., & Seino, A. (1989). *Amended description of the genus Kineosporia, based on chemotaxonomic and morphological studies. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 39(2), 168-173.

Jaccard, P. (1901). *Etude Comparative de la distribution florale dans une portion des Alpes et des Jura. Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles*, 7, 547-579.

Jukes, T. H., & Cantor, C. R. (1969). *Evolution of protein molecules.* Dans H. N. Munro (Éd.), *Mammalian protein metabolism* (Vol. 3, pp. 21-132). Academic Press.

Kanchannasin, P., Suriyachadkun, C., Duangmal, K., & Thawai, C. (2024). *Micromonospora palythoicola sp. nov., a novel actinobacterium isolated from a peat swamp forest soil. Scientific Reports*, 14(1), 22140.

Kawamoto, I., Oka, T., & Nara, T. (1981). *Cell wall composition of Micromonospora and related organisms. Journal of Bacteriology*, 146(2), 527-531.

Kim, M., Oh, H. S., Park, S. C., & Chun, J. (2014). *Towards a taxonomic coherence between average nucleotide identity and 16S rRNA gene sequence similarity for species demarcation of prokaryotes. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 64(2), 346-351.

Kim, O. S., Cho, Y. J., Lee, K., Yoon, S. H., Kim, M., Na, H., Park, S. C., Jeon, Y. S., Lee, J. H., Yi, H., Won, S., & Chun, J. (2012). *Introducing EzTaxon-e: A prokaryotic 16S rRNA gene sequence database with phylotypes that represent uncultured species. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 62(3), 716-721.

Kim, S. J., Lee, J. H., & Kim, S. B. (2020). *Nocardioides flavus sp. nov., an actinobacterium isolated from soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 70(2), 1023-1029.

Klykleung, N., Tanasupawat, S., Pittayakhajonwut, P., Ohkuma, M., & Kudo, T. (2019). *Nonomurea thailandensis sp. nov., isolated from Thai soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 69(7), 2108-2114.

Kudo, T., Matsushima, K., Itoh, T., & Suzuki, K. (1998). *Four new species of the genus Kineosporia: Kineosporia succinea sp. nov., Kineosporia rhizophila sp. nov., Kineosporia mikuniensis sp. nov. and Kineosporia rhamnosa sp. nov. International Journal of Systematic Bacteriology*, 48(4), 1235-1244.

Kumar, S., Tamura, K., & Nei, M. (1994). *MEGA: Molecular Evolutionary Genetics Analysis software for microcomputers. Computer Applications in the Biosciences*, 10(2), 189-191.

Kumar, S., Stecher, G., Suleski, M., Sanderford, M., Sharma, S., & Tamura, K. (2024). *MEGA12: Molecular Evolutionary Genetic Analysis version 12 for adaptive and green computing. Molecular Biology and Evolution*, 41(12), msae263.

Labeda, D. P., & Lechevalier, M. P. (1989). *Chemotaxonomy of actinomycetes*. Dans S. T. Williams, M. E. Sharpe, & J. G. Holt (Éds.), *Bergey's manual of systematic bacteriology* (Vol. 4, pp. 2350-2353). Williams & Wilkins.

Labeda, D. P., Kroppenstedt, R. M., & Stackebrandt, E. (2009). *Micromonospora aurantiaca sp. nov., Micromonospora citrea sp. nov. and Micromonospora viridifaciens sp. nov. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 59(6), 1375-1380.

Labeda, D. P., Testa, R. T., Lechevalier, M. P., & Lechevalier, H. A. (1984). *Saccharothrix: A new genus of the Actinomycetales related to Nocardiopsis. International Journal of Systematic Bacteriology*, 34(4), 426-431.

Lahreche, I., Mettas, H., & Zaghlou, D. A. (2023). *Étude de comparaison moléculaire et chimiotaxonomique (basée sur les coefficients de Dice et Ochiai) du genre Saccharomonospora* [Mémoire de master]. Université de Ghardaïa.

Lane, D. J. (1991). *16S/23S rRNA sequencing*. Dans E. Stackebrandt & M. Goodfellow (Éds.), *Nucleic acid techniques in bacterial systematics* (pp. 115-175). John Wiley & Sons.

Lattu, A., Singh, R., & Kumar, P. (2023). *Morphological characterization of filamentous Actinobacteria from clinical and environmental samples. Journal of Microbiological Methods*, 205, 106654.

Lavrova, N. V., Preobrazhenskaya, T. P., & Sveshnikova, M. A. (1975). *Actinomadura madurae (Vincent) comb. nov. and Actinomadura pelletieri (Laveran) comb. nov. Mikrobiologiya*, 44(4), 745-748.

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

Lechevalier, M. P., Stern, A. E., & Lechevalier, H. A. (1981). *Streptomyces*. Dans M. P. Starr, H. Stolp, H. G. Trüper, A. Balows, & H. G. Schlegel (Éds.), *The prokaryotes* (Vol. 2, pp. 2028-2055). Springer.

Li, J., Zhao, G. Z., Zhu, W. Y., Huang, H. Y., Xu, L. H., & Jiang, C. L. (2009). *Kineosporia mesophila* sp. nov., a novel actinomycete isolated from a stem of *Tripterygium wilfordii*. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 59(6), 1351-1355.

Li, Q., Chen, X., Jiang, Y., & Jiang, C. (2016). *Morphological development and secondary metabolism in Actinobacteria. Frontiers in Microbiology*, 7, 1272.

Li, Y., Wang, H., Zhang, X., & Chen, S. (2024). *Microbispora maritima* sp. nov., a novel actinobacterium isolated from marine sediment. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 74(2), 006245.

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

LPSN – List of Prokaryotic names with Standing in Nomenclature. (2024). *Leibniz Institute DSMZ*. <https://lpsn.dsmz.de>

Manivasagan, P., Venkatesan, J., Sivakumar, K., & Kim, S. K. (2014). *Marine actinobacterial metabolites: Current status and future perspectives. Microbiological Research*, 169(5-6), 311-327.

Maszenan, A. M., Seviour, R. J., Patel, B. K. C., Schumann, P., & Burghardt, J. (1997). *Friedmanniella spumicola* sp. nov. and *Friedmanniella capsulata* sp. nov., from activated sludge foam: Gram-positive coccobacilli belonging to the family *Intrasporangiaceae*. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 47(4), 1061-1067.

- Meklat, A. (2012).** *Étude taxonomique d'Actinobactéries extrêmophiles isolées de sols sahariens (Algérie) et caractérisation de leurs molécules bioactives* [Thèse de doctorat, Université des Frères Mentouri Constantine].
- Meklat, A., Bouras, N., Zitouni, A., Mathieu, F., Lebrihi, A., Schumann, P., & Sabaou, N. (2013a).** *Actinopolyspora mzabensis sp. nov., a halophilic actinomycete isolated from Saharan soil in Algeria. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 63(10), 3783-3788.
- Meklat, A., Bouras, N., Zitouni, A., Mathieu, F., Lebrihi, A., Schumann, P., & Sabaou, N. (2013b).** *Numerical taxonomy of halophilic actinomycetes from Algerian Saharan soil. Research in Microbiology*, 164(8), 790-799.
- Mincer, T. J., Fenical, W., & Jensen, P. R. (2005).** *Salinispora arenicola gen. nov., sp. nov. and Salinispora tropica sp. nov., obligate marine actinomycetes belonging to the family Micromonosporaceae. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 55(5), 1759-1766.
- Mokrane, S., Bouras, N., Meklat, A., Zitouni, A., Mathieu, F., Schumann, P., & Sabaou, N. (2013).** *Actinomadura libanotica sp. nov., a novel actinomycete isolated from Lebanese soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 63(8), 3019-3024.
- Mullis, K. B., Faloona, F. A., Scharf, S. J., Saiki, R. K., Horn, G. T., & Erlich, H. A. (1986).** *Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: The polymerase chain reaction. Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, 51, 263-273.
- Nakajima, Y., Kitpreechavanich, V., Suzuki, K., & Kudo, T. (1999).** *Fatty acid profiles of actinomycetes and their application for chemotaxonomy. Journal of General and Applied Microbiology*, 45(3), 111-118.
- Nouioui, I., Carro, L., García-López, M., Meier-Kolthoff, J. P., Woyke, T., Kyrpides, N. C., Pukall, R., Klenk, H.-P., Goodfellow, M., & Göker, M. (2018).** *Genome-based taxonomic classification of the phylum Actinobacteria. Frontiers in Microbiology*, 9, 2007.

- Nurkanto, A., & Agusta, A. (2016).** *Morphological and molecular characterization of actinomycetes isolated from rhizosphere of medicinal plants. Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 17(2), 437-443.
- Pagani, H., & Parenti, F. (1978).** *Kineosporia, a new genus of the order Actinomycetales. International Journal of Systematic Bacteriology*, 28(3), 401-406.
- Parenti, F., & Pagani, H. (1978).** *Kineosporia aurantiaca sp. nov., a new actinomycete. International Journal of Systematic Bacteriology*, 28(3), 407-411.
- Persson, T., Öberg, C., & Beermann, U. (2011).** *Frankia and its symbiotic relationship with actinorhizal plants. FEMS Microbiology Reviews*, 35(5), 855-875.
- Pruesse, E., Quast, C., Knittel, K., Fuchs, B. M., Ludwig, W., Peplies, J., & Glöckner, F. O. (2007).** *SILVA: A comprehensive online resource for quality checked and aligned ribosomal RNA sequence data compatible with ARB. Nucleic Acids Research*, 35(21), 7188-7196.
- Rainey, F. A., Ward-Rainey, N., Kroppenstedt, R. M., & Stackebrandt, E. (1996).** *The genus Nocardioopsis represents a phylogenetically coherent taxon and a distinct actinomycete lineage: Proposal of Nocardioopsaceae fam. nov. International Journal of Systematic Bacteriology*, 46(2), 355-360.
- Saker, R., Bouras, N., Meklat, A., Zitouni, A., Schumann, P., & Sabaou, N. (2015).** *Prauserella isguenensis sp. nov., a halophilic actinobacterium isolated from Saharan soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 65(7), 2295-2300.
- Sakiyama, Y., Thi, N. N., Giang, N. N., Miyadoh, S., & Kudo, T. (2009).** *Kineosporia babensis sp. nov., isolated from plant litter in Vietnam. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 59(8), 1933-1937.
- 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.

Sasaki, J., Chijimatsu, M., & Suzuki, K. (1998). *Taxonomic significance of 2,4-diaminobutyric acid isomers in the cell wall peptidoglycan of actinomycetes and reclassification of *Clavibacter toxicus* as *Rathayibacter toxicus* comb. nov.* *International Journal of Systematic Bacteriology*, 48(2), 403-410.

Shiburaj, S., Bala, N., & Anil Kumar, S. (2012). *High G+C content actinobacteria from diverse habitats: A source of bioactive compounds.* *Asian Journal of Pharmaceutical and Clinical Research*, 5(3), 1-5.

Singh, A. K., Singh, S., & Singh, P. K. (2014). *Streptomyces coelicolor: A model organism for studying actinomycetes.* *Journal of Scientific Research*, 58, 1-15.

Smith, P. F., Clark, J. E., & Brown, R. G. (1980). *Factors affecting the fatty acid composition of actinomycetes.* *Journal of Bacteriology*, 143(2), 689-696.

Sneath, P. H. A., & Sokal, R. R. (1973). *Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification.* W. H. Freeman and Company.

Sripreechasak, P., Phongsopitanun, W., Suwanborirux, K., & Tanasupawat, S. (2025). *Nocardia dendris sp. nov., a novel actinobacterium isolated from mangrove sediment.* *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 75(4).

Stackebrandt, E., & Goebel, B. M. (1994). *Taxonomic note: A place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology.* *International Journal of Systematic Bacteriology*, 44(4), 846-849.

Stackebrandt, E., & Woese, C. R. (1981). *The evolution of prokaryotes.* Dans M. J. Carlile, J. F. Collins, & B. E. B. Moseley (Éds.), *Molecular and cellular aspects of microbial evolution* (pp. 1-31). Cambridge University Press.

Stackebrandt, E., Kroppenstedt, R. M., Jahnke, K. D., Kemmerling, C., & Gurtler, H. (1994). *Transfer of *Streptosporangium viridogriseum*, *Streptosporangium viridogriseum* subsp. *kofuense*, and *Streptosporangium albidum* to the genus *Kutzneria* gen. nov. as *Kutzneria viridogrisea* comb. nov., *Kutzneria kofuensis* comb. nov., and *Kutzneria albida* comb. nov.* *Systematic and Applied Microbiology*, 17(2), 235-240.

- Subbaiya, R., Priya, M. S., Selvam, M. M., & Balagurunathan, R. (2015).** *Phenotypic and genotypic characterization of pigment producing actinomycetes from rhizosphere soil. Journal of Pure and Applied Microbiology*, 9(2), 1481-1488.
- Takeuchi, M., Hatano, K., & Yokota, A. (1998).** *Microbacterium liquefaciens sp. nov., isolated from soil. International Journal of Systematic Bacteriology*, 48(4), 1183-1187.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., & Kumar, S. (2011).** *MEGA5: Molecular Evolutionary Genetic Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. Molecular Biology and Evolution*, 28(10), 2731-2739.
- Tangjitjaroenkun, J., Suriyachadkun, C., Thawai, C., & Kanchannasin, P. (2025).** *Rhodococcus halotolerans sp. nov., a halotolerant actinobacterium isolated from salt-affected soil. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 75(1).
- Tidimalo, M., Lebogang, M., & Keotshepile, K. (2024).** *Microbial diversity in the arid and semi-arid soils of Botswana. Environmental Microbiology Reports*, 16(6).
- Vandamme, P., Pot, B., Gillis, M., De Vos, P., Kersters, K., & Swings, J. (1996).** *Polyphasic taxonomy, a consensus approach to bacterial systematics. Microbiological Reviews*, 60(2), 407-438.
- Ventura, M., Canchaya, C., Tauch, A., Chandra, G., Fitzgerald, G. F., Chater, K. F., & van Sinderen, D. (2007).** *Genomics of Actinobacteria: Tracing the evolutionary history of an ancient phylum. Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 71(3), 495-548.
- Wang, Y., & Jiang, Y. (2016).** *Chemotaxonomy of actinobacteria.* In D. Dhanasekaran & Y. Jiang (Eds.), *Actinobacteria: Basics and biotechnological applications* (pp. 114-139).

- Wannawong, T., Duangmal, K., Pathom-aree, W., & Lumyong, S. (2024).** *Actinoplanes oryzae* sp. nov., an endophytic actinobacterium isolated from rice root. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 74(8).
- Warwick, S., Bowen, T., McVeigh, H., & Embley, T. M. (1994).** *Pseudonocardia halophobica* sp. nov. and a proposal to change the type strain of *Pseudonocardia thermophila*. *International Journal of Systematic Bacteriology*, 44(3), 499-506.
- Wayne, L. G., Brenner, D. J., Colwell, R. R., Grimont, P. A. D., Kandler, O., Krichevsky, M. I., Moore, W. E. C., Murray, R. G. E., Stackebrandt, E., Starr, M. P., & Trüper, H. G. (1987).** Report of the ad hoc committee on reconciliation of approaches to bacterial systematics. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 37(4), 463-464.
- Woese, C. R. (1987).** Bacterial evolution. *Microbiological Reviews*, 51(2), 221-271.
- Xu, M., Li, Y., Zhao, J., Liu, C., & Xiang, W. (2024).** *Amycolatopsis deserti* sp. nov., a novel actinobacterium isolated from desert soil. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 74(11).
- Yagoub, M., & Hamza, I. (2022).** Étude de comparaison moléculaire et chimiotaxonomique (basée sur le coefficient de Jaccard et Kulczynski) du genre *Salinispora* [Mémoire de master]. Université de Ghardaïa.
- Yarza, P., Yilmaz, P., Pruesse, E., Glöckner, F. O., Ludwig, W., Schleifer, K. H., Whitman, W. B., Euzéby, J., Amann, R., & Rosselló-Móra, R. (2014).** Uniting the classification of cultured and uncultured bacteria and archaea using 16S rRNA gene sequences. *Nature Reviews Microbiology*, 12(9), 635-645.
- Yoon, S. H., Ha, S. M., Kwon, S., Lim, J., Kim, Y., Seo, H., & Chun, J. (2017).** Introducing EzBioCloud: a taxonomically united database of 16S rRNA gene sequences and whole-genome assemblies. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 67(5), 1613-1617.
- Zermane, N., Sabaou, N., & Boubetra, D. (2007).** Dégradation de la matière organique par les actinobactéries isolées de sols arides. *Canadian Journal of Microbiology*, 53(6), 712-720.

Zhang, Y., Li, J., Wang, H., & Chen, S. (2024). *Phytohabitans maris sp. nov., a marine actinobacterium isolated from coastal sediment. International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 74(3).

Zitouni, A., Boudjella, H., Mathieu, F., Sabaou, N., & Lebrihi, A. (2005). *Mutactimycin PR, a new anthracycline antibiotic from Saccharothrix sp. SA 103. Journal of Antibiotics*, 58(11), 698-702



Annexes

Annexe I

Séquences d'ARNr 16S des huit espèces de *Kineosporia* étudiées**Name: "Kineosporia aurantiaca" Pagani et Parenti., 1978**>*Kineosporia_aurantiaca__NRRL_B-16913__AF095336*

TGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCAACCGGTGAA
 GCCCTTCGGGGTGGATCAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAATCTGCCTCTGACTCTGGG
 ATAACCACGGGAAACGGTGGCTAATACCGGATATGACGTATGGCCGAGTGGTCTGTGCGTGGAAA
 GTTTTTCGGTTCAGAGATGAGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCG
 ACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCT
 ACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCGTGAG
 GGATGAAGGCCTTCGGGTCTGTAACCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAGAGTGACGGTACCTGCA
 GAAGAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGG
 AATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGGCTGTGTCGCGTCTGCTGTGAAAACCTAGGGCTTAACT
 CTGGGCGTGCAGTGGGTACGGGCGAGGCTAGAGTGCAGTGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGC
 GGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGTAACCTGAC
 GCTGAGGAGCGAAAGCATGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCATGCCGTAAACGT
 TGGGCGCTAGGTGTGGGGCTCATTCCACGAGTTCTGCGCCGACGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCC
 TGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAGCGGCGGAG
 CATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATGGGATGAAAACCTCGTA
 GAGATACGGGGTCCGCAAGGGCGTCTCACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGAGA
 TGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTCGTTCCATGTTGCCAGCACGTTATGGTGGGGAC
 TCATGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTT
 ATGTCTTGGGCTTACGCATGCTACAATGGCCAGTACAAAGGGCTGCGAGACCGTGAGGTGGAGC
 GAATCCCAAAAAGCTGGTCTCAGTTCGGATCGGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCCGGAGTCC
 CTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCA
 CGTCATGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGATGGCCTAACCCGTAAGGGAGGGAGTTCGTCGAAGG
 TGGGACTGGCGATTAGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGGCTGGATCACC
 TCCTTTCTA

Name: "Kineosporia succinea" Kudo et al., 1998>*Kineosporia_succinea_I-273_AB003932*

TAGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCAACCGGTGAACT
 CTTCCGAGGGGATCAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAATCTGCCTCTGACTCTGGGATAACCA
 CGGGAAACGGTGGCTAATACCGGATATGACACATGGCTGCATGGTCTGTGTGTGGAAAGTTTTTCGGTCA
 GGGATGAGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCG
 GCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCTACGGGAGGCAGCAGTGGG
 GAATATTGCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAGCGACGCNNAATGAGGGATGAAGGCTTCGGGTCTGTA
 ACCTCTTTCAGCAGGGAAAGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTACGTGCCA
 GCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGT
 CTGTCGCGTCTGCTGTGAAAACCTAGGGCTTAACTCTGGGCGTGCAGTGGGTACGGGCAGGCTAGAGTG
 TGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCG
 AAGGCGGGTCTCTGGGCCACTACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCATGGGGAGCGAACAGGATTAGATAAC
 CTGGTAGTCCATGCCGTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGCACATTCCACGTGTTCTGCGCCGCACTAA
 CGCATTAAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCG
 CACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATGGGGT
 GAAAACCTGTAGAGATACGGGGTCCGCAAGGGCGCCTCACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTG
 TCGTGAGATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTCGTTCCATGTTGCCAGCACGTTATGGTGG
 GGACTCATGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTT
 ATGTCTTGGGCTTACGCATGCTACAATGGCCAGTACAAAGGGCTGCGAGACCGTGAGGTGGAGTTAATC
 CCAAAAAGCTGGTCTCAGTTCGGATCGGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCCGGAGTTCGCTAGTAATC
 GCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTTCATGAAAGTC
 GGTAACACCCGAAGCCGATGGCCTAACCCGTAAGGGAGGGAGTTCGTCGAAGGTGGGACTGGCGATTAG
 GACGAAGTTCGTAACAAGGTAACC

Name: "Kineosporia rhizophila" Kudo et al., 1998>*Kineosporia_rhizophila_I-449_AB003933*

TAGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAGGTGCAACGGTGA
 ACCACTTCGGTGGGGATCAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAATCTGCCTCTGACTCTGG
 GATAACCACGGGAAACGGTGGCTAATACCGGATATGACGTACGGTCGCATGGTCTGTGCGTGGAA
 AGTTTTTCGGTCAGAGATGAGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGC
 GACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCT
 ACCGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCTGAG
 GGATGAAGGCTTCGGGTCGTAACCTCTTTTCAGCAGGGAAGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAG
 AAGAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGA
 ATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTCTGTGCGCTCTGCTGTGAAAACCTAGGGCTTAACCC
 TGGGCGTGCAGTGGGTACGGGCAGACTAGAGTGCAGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCG
 GTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCTGTAACCTGACG
 CTGAGGAGCGAAAGCATGGGGAGCGAACAGGATTAGATAACCCTGGTAGTCCATGCCGTAACCGTT
 GGGCGCTAGGTGTGGGGCACATTCCACGTGTTCTGTACCGCANTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTG
 GGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATCGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCA
 TGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATGGGGTGAAAACCTCGTGG
 AGACACGGGGTCCGCAAGGGCGCCTCACAGGTGGTGCCAACGAGCGCAACCCTCGTTCTATGTTGC
 CAGCACGTTCATGGTGGGAACCTCATAGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGAC
 GTCAAATCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTTACGCGTGCTACAATGGCCAGTACAAAGGGCTG
 CGAGACCGTAAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCTGGTCTCAGTTCGGATCGGGGTCTGCAACTCG
 ACCCGTGAAGTTGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCATTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGC
 CTTGTACACACCGCCCGTCACGTCATGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCTAACCCCTTG
 TGGGAGGGAGCTGTGCAAGGTGGGACTGGCGATTAGGACGAAGTCGTAACAAGGTAACC

Name: " *Kineosporia mikuniensis* " Kudo et al.,1998

>*Kineosporia_mikuniensis*_NBRC_16234__AB377117

GTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGTGAACCA
 CTTTCGGTGGGGATCAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAATCTGCCTCTGACTCTGGGATA
 ACCACGGGAAACGGTGGCTAATACCGGATATGACACATGGTTCGCATGGTCTGTGTGTGGAAAGTTT
 TTCGGTCAGGGATGAGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGACGA
 CGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGG
 GAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCTGAGGGAT
 GAAGGCCTTCGGGTCGTAACCTCTTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAGAGTGACGGTACCTGCAGAAG
 AAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATT
 ATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTCTGTGCGCTCTGCTGTGAAAACCTAGGGCTTAACCTCTGG
 GCGTGCAGTGGGTACGGGCAGGCTAGAGTGCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTG
 AAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGTAACCTGACGCTG
 AGGAGCGAAAGCATGGGGAGCGAACAGGATTAGATAACCCTGGTAGTCCATGCCGTAACCGTTGGG
 CGCTAGGTGTGGGGCACATTCCACGTGTTCTGCGCCGACGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGG
 GAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGC
 GGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATGGGGCGTTTACCCGTAGAGAT
 ACCGGGTCCGTAAGGGCGTCTCACAGGTGGTGCATGGTTGTGCTCAGCTCGTGTGCTGAGATGTTG
 GGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTCGTTCCATGTTGCCAGCACGTTATGGTGGGGACTCATG
 GGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGTCT
 TGGGCTTACGCATGCTACAATGGCCAGTACAAAGGGCTGCGAGACCGTGAGGTGGAGCGAATCC
 CAAAAAGCTGGTCTCAGTTCGGATCGGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTA
 ATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCAT
 GAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGATGGCCTAACCCCGCAAGGGGAGGGAGTCGTCGAAGGTGGG
 ACTGGCGATTAGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGCGGCTGGATCACCTC

Name: " *Kineosporia rharnnosa* "Kudo et al.,1998

>*Kineosporia_rharnnosa*_I-132__AB003935

TAGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGTGA
 AGCTTCGGGGTGGATCAGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAATCTGCCCTTGACTCTGGGA
 TAACTTCGGGAAACCGGAGCTAATACCGGATATGACACATAGCCGCATGGTTTGTGTGTGGAAAGA
 TTTATCGGTCAAGGATGAGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGA
 CGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGACTGAGACACGGCCCAGACTCTACG
 GGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCTGAGGG
 ATGAAGGCTTCGGGTCGTAACCTCTTTTCAGCAGGGAAGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAA

GAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAAT
TATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCCGGTCTGTCCGCTCTGCTGTGAAAACCTCAGGGCTTAACCCCTG
AGCTTGCAGTGGGTACGGGCAGACTAGAGTGCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGT
GAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGTAACCTGACGCT
GAGGAGCGAAAAGCATGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCATGCCGTAACCGTTGG
GCGCTAGGTGTGGGGCTATTCCACGAGTTCGGTCCGCACTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGG
GAGTACGGCCGAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGGGAGCATGC
GGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATGGGGTGAAAACCTCGCAGAGA
TGCGGGGTCCGCAAGGGCGCCTCACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTCTGTGAGATGTT
GGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTCGTTCTATGTTGCCAGCACGTTATGGTGGGGACTCAT
AGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGACGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGT
CTTGGGCTTACGCATGCTACAATGGCCAGTACAAAGGGCTGCGAGACCGTGAGGTGGAGNGAAT
CCCAAAAAGCTGGTCTCAGTTCGGATCGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAG
TAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTC
ATGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGGTGGCCCAACCCGTAAGGGAGGGAGCTGTGCAAGGTGGG
ACTGGCGATTAGGACGAAGTCGTAACAAGGTAACC

Name: "Kineosporia babensis" Sakiyama et al.,2009

>*Kineosporia_babensis*_NBRC_104154__AB522101

GACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGTGAACCACTTCGGTGGGGATCAG
TGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAATCTGCCTGACTCTGGGATAACCACGGGAAACGGT
GGCTAATACCGGATATGACACATGGTGCATGGTCTGTGTGTGGAAAGTTTTTCGGTCAGGGATGA
GCTCGCGGCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTG
AGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGG
AATATTGCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGAAGGCCTTCGGGTC
GTAAACCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCTAACT
ACGTGCCAGCAGCCGCGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAG
CTCGTAGGCGGTCTGTCCGCTCTGCTGTGAAAACCTGGGGCTTAACTCTGGGCGTGCAGTGGGTAC
GGCAGGCTAGAGTGCAGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATC
AGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCTGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAGCATG
GGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCATGCCGTAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGC
ACATTCACGTGTTCTGCGCCGACGTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAG
GCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATGC
AACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATGGCGCGTTTACTCCCAGAGATGGGGGGTCCGTAAG
GGCGTGTACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTAAAGTCCCGCA
ACGAGCGCAACCCTCGTTCTATGTTGCCAGCACGTTATGGTGGGAACTCATGGAAGACTGCCGGGG
TCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTTACGCGT
GCTACAATGGCCAGTACAAAGGGCTGCGAGACCGTAAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCTGGTCT
CAGTTCGGATCGGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTTGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCA
GTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCATGAAAGTCGGTAACA
CCCGAAGCCGGTGGCCTAACCCGTAAGGGAGGGAGCTGTGCAAGGTGGGACTGGCGATTAGGACG
AAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGC

Name: "Kineosporia mesophila" Li et al.,2009

>*Kineosporia_mesophila*_YIM_65293__FJ214362

GCTTACCATGCAAGTCGAACGGTGAAGCCTTTCGGGGTGGATCAGTGGCGAACGGGTGAGTAACA
CGTGAGTAATCTGCCTCTGACTCTGGGATAACCACGGGAAACGGTGGCTAATACCGGATATGACAC
ATGGTCGCATGGTCTGTGTGTGGAAAGTTTTTCGGTTCAGAGATGAGCTCGCGGCCTATCAGCTTGT
GGTGGGGTAATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTG
GGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGAAA
GCCTGACGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGAAGGCCTTCGGGTCGTAAACCTCTTTCAGCAGGGA
AGAAGCGCAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAA
TACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGTCTGTCCGCTC
TGCTGTGAAAACCTAGGGCTTAACTCTGGGCGTGCAGTGGGTACGGGCAGACTAGAGTGGGTAG
GGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAA
GGCGGCTCTCTGGCCGTAAGTACGCTGAGGAGCGAAAGCATGGGGAGCGAACAGGATTAGATA
CCCTGGTAGTCCATCCCGTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGTCCATTCCACGATTCTGCGCCG
CAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGA

CGGGGGCCCGCACAAGCGGGGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCAAG
 GCTTGACATGGGGTGA AAACTCGCAGAGATGCGGGGTCCGCAAGGGCGCCTCACAGGTGGTGCAT
 GGTGTCGTAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTCGTTCCA
 TGTTGCCAGCACGTTATGGTGGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGG
 GATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTTCACGCATGCTACAATGGCCAGTACAAA
 GGGCTGCGAGACCGTAAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCTGGTCTCAGTTCGGATCGGGGTCTGC
 AACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTT
 CCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCACGTCATGAAAGTCGGTAACACCCGAAGCCGATGGCCTAAC
 CCCGTAAGGGGAGGGAGTCTCGAAGGTGGGACTGGCGATTAGGACGAAGT

Name: " *Kineosporia corallincola* " Buangrab *et al.*,2022

>*Kineosporia_corallincola*_J2-2__LC631947

AGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAACGGTGAACCACTTCGGTGGGGATC
 AGTGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAATCTGCCTCTGACTCTGGGATAACCACGGGAAACG
 GTGGCTAATACCGGATATGACACATGGTTCGCTGTTGTGTGTGGAAAGTTTTTCGGTCAGGGAT
 GAGCTCGCGGCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAAATGGCCTACCAAGGCGACGACGGGTAGCCGGCC
 TGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGG
 GGAATATTGCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGAAGGCCTTCGGG
 TCGTAAACCTCTTTCAGCAGGGAAGAAGCGTGAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCTAA
 CTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGA
 GCTCGTAGGCGGTCTGTCGCGTCTGCTGTGAAAACCTAGGGCTTAACTCTGGGCGTGCAGTGGGTA
 CGGGCAGGCTAGAGTGTGCTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATAT
 CAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGGCATAACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCAT
 GGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCATGCCGTAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGG
 TCCATTCCACGGATTCTGCGCCGAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAA
 GGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACAAGCGGGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATG
 CAACGCGAAGAACCTTACCAAGGCTTGACATGGGGTGA AAACTCGCAGAGATGCGGGGTCCGTAA
 GGGCGCCTCACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGC
 AACGAGCGCAACCCTCGTTCTATGTTGCCAGCACGTCATGGTGGGAACTCATAGGAGACTGCCGGG
 GTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTTCACGGG
 TGCTACAATGGCCAGTACAATGGGCTGCGAGACCGTAAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCTGGTC
 TCAGTTCGGATCGGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTTGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGC
 AGTGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCACGTCATGAAAGTCGGTAAC
 ACCCGAAGCCGGTGGCCTAACCTTGTGGAGGGAGCCGTCGAAGGTGGGACTGGCGATTAGGACG
 AAGTCGTAACAAGGTAGCCGTACCGGAAGGTGC

Annexe II

Mesures de similarités calculées par PAST3 reposant sur le coefficient de Jaccard et Ochiai
Jaccard:

	K.aurantiac	K.succinea	K.rhizophili	K.rnikunien	K.rharnos	K.babensis	K.mesophil	K.corallincc
K.aurantiac	1	0,54	0,5	0,52	0,54	0,26	0,4	0,6
K.succinea	0,54	1	0,73333333	0,96296296	0,86206897	0,48148148	0,42424242	0,35714286
K.rhizophili	0,5	0,73333333	1	0,75862069	0,79310345	0,52	0,5	0,34146341
K.rnikunien	0,52	0,96296296	0,75862069	1	0,89285714	0,5	0,4375	0,33333333
K.rharnos	0,54	0,86206897	0,79310345	0,89285714	1	0,48148148	0,46875	0,3255814
K.babensis	0,26	0,48148148	0,52	0,5	0,48148148	1	0,57142857	0,3030303
K.mesophil	0,4	0,42424242	0,5	0,4375	0,46875	0,57142857	1	0,38888889
K.corallincc	0,6	0,35714286	0,34146341	0,33333333	0,3255814	0,3030303	0,38888889	1

Ochiai:

	K.aurantiac	K.succinea	K.rhizophili	K.rnikunien	K.rharnos	K.babensis	K.mesophil	K.corallincc
K.aurantiac	1	0,73484692	0,70710678	0,72111026	0,73484692	0,50990195	0,63245553	0,77459667
K.succinea	0,73484692	1	0,84678039	0,98130676	0,92592593	0,69388867	0,60246408	0,52704628
K.rhizophili	0,70710678	0,84678039	1	0,86291099	0,88527041	0,72111026	0,67082039	0,51120772
K.rnikunien	0,72111026	0,98130676	0,86291099	1	0,9435642	0,70710678	0,61394061	0,50128041
K.rharnos	0,73484692	0,92592593	0,88527041	0,9435642	1	0,69388867	0,64549722	0,49190986
K.babensis	0,50990195	0,69388867	0,72111026	0,70710678	0,69388867	1	0,74420841	0,50636968
K.mesophil	0,63245553	0,60246408	0,67082039	0,61394061	0,64549722	0,74420841	1	0,57154761
K.corallincc	0,77459667	0,52704628	0,51120772	0,50128041	0,49190986	0,50636968	0,57154761	1