

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 : Biochimie appliquée

**Par : YAGOUB Messaouda
HAMZA Ikram**

Thème

Etude de comparaison moléculaire et chimiotaxonomique (basée sur le coefficient de *Jaccard* et *Kulczynski*) du genre *Salinispora*

Soutenu publiquement, le / / , devant le jury composé de :

M^{me}.MAIDI Leila	Maitre Assistant A	Univ. Ghardaïa	Président
M.IDER Sofiane	Maitre de conférences B	Univ. Ghardaïa	Examineur
M.BOURAS Noureddine	Professeur	Univ. Ghardaïa	Encadreur

Année universitaire : 2021 2022

REMERCIEMENTS

Nous remercions Allah tout puissant qui nous a donné la santé, le courage et la patience afin de pouvoir accomplir ce modeste travail. Nous tenons à exprimer notre sentiments de reconnaissance à toutes les personnes qui ont participé à ce travail, qui nous avons appris une infinité de choses et qui nous avons aidé, conseillé et soutenu à tout moment afin de réaliser ce travail dans les meilleurs conditions. En premier lieu, nous adressons toute notre gratitude notre encadreur Monsieur le Professeur Noureddine BOURAS de l'université de Ghardaïa d'avoir accepté de diriger ce travail, nous le remercions pour sa gentillesse, son soutien et pour partager son expérience, nous adressons toute nos reconnaissance pour sa patience, ses conseils, sa compétence, sa disponibilité et sa participation active. Lors de la rédaction de mémoire. nos remerciment tous les enseignants de département des sciences et de la nature de la vie. Nous remercions tous ceux, ce qui participer de près ou de loin pour la réalisation de ce travail.



DEDICACE

Avant tout, je remercie 'Dieu'
De m'avoir donné le courage et la volonté pour réaliser

Ce modeste travail que je dédie:

Aux plus chers au monde que je ne remercierais jamais assez pour leurs aides,
encouragement, soutiens, sacrifices et leur patience
À la source de tendresse à la grande partie de ma vie, et mon exemple dans cette
vie, celle qui m'a tout appris dans ce monde, qui m'a construit et qui ma donner
le courage d'étudier.

Ma très chère mère **khaira** pour son affection, ses encouragements et ses
sacrifices

À mon cher père **Blekacem**, qui ma toujours soutenu et encouragé

Que Dieu ait pitié de **mes grands-mères** et **grands-pères** décédés.

À mes sœurs: **Laila, Imane**,

À mes frères : **Badrinet Moataz**

Les enfants de ma sœur : **Youssef et Younes**

À mes amies : **Messaouda, Souad, Assma et Marwa** a tous mes collègues.

Et A toute ma famille
Source d'espoir et de motivation
A vous chers lecteurs



Ikram

Dédicace

*Je dédie ce modeste travail A mes très chers parents et ma grande
mère*

*Source de vie, pour tous leurs sacrifices, leur amour, leur tendresse,
leur*

*Soutien et leurs prières tout au long de mes études : A mes chers
frères et*

*sœurs et , source de joie et de bonheur A toute ma belle-famille A mes
très*

*Chères amies : **Nouha, Asma, Souad**. Pour son encouragement et son
Soutien moral À mon amie et chère binôme : **Ikram** et tout sa famille A*

*Tous ceux qui m'aiment....A tous que j'aime Sans oublier tout les
Professeurs que ce soit du primaire, du moyen, du secondaire ou de
L'enseignement supérieur. Merci !*

Messaouda

ملخص

تم الاعتماد في دراسة الكيمائية التصنيفية على معاملين *Jaccard* و *Kluczynski* ومن جهة أخرى تم إجراء دراسة جزيئية على 9 أنواع من البكتيريا الهيفية والتي تنتمي الى جنس *Salinispora* وهي على التوالي: *S. goodfellowii*, *S. cortesiana*, *S. fenicalii*, *S. mooreana*, *S. oceansis*, *S. vitiensis*, *S. arnicola*, *S. tropica*, *S. pacifica*.

الهدف من الدراسة هو استنتاج المسافات التطورية بين الأنواع المختلفة بفضل الدراستين الكيمائية التصنيفية والجزيئية. تم إجراء مقارنة بينهما والتي سمحت بشكل كبير في تحديد النوع الاكثر تشابها للنوع *S. goodfellowii* من بين الأنواع المدروسة.

من خلال التحليل بواسطة مؤشر الإحصاء *Jaccard* و *Kluczynski* باستخدام البيانات التي تم الحصول عليها من التحليل الكيمائي للتركيب الخلوي للأنواع أثناء الدراسة الكيمائية وأثناء الدراسة الجزيئية باستعمال خوارزميات المعلوماتية الحيوية والقادرة على محاذاة تسلسل النوكليوتيدات من أجل إبراز أوجه التشابه بين الأنواع. بحيث أظهرت النتائج التي تم الحصول عليها من كلا الدراستين أن النوع *S. vitiensis* هو أقرب الأنواع الى *S. goodfellowii*.

وفي الأخير توصلنا إلى أن الدراسة الكيمائية التصنيفية لا تتناقض مع الدراسة الجزيئية بل تؤكدها، ولو نسبيا.

الكلمات المفتاحية: *Salinispora goodfellowii*, *Salinispora* ، الدراسة التصنيفية الكيمائية، التشابه، مؤشر *Jaccard*, *Kluczynski*.

Résumé

L'étude chimiotaxonomique basée sur deux coefficients : *Jaccard* et *Kluczynski* et d'autre part, une étude moléculaire a été menée sur 9 espèces de *Salinispora*, qui sont, respectivement :

S. goodfellowii, *S. cortisiana*, *S. fenicalii*, *S. mooreana*, *S. oceanensis*, *S. vitiensis*, *S. arenicola*, *S. tropica*, *S. pacifica*, Il appartient au genre *Salinispora*.

Le but de l'étude est de déduire les distances évolutives entre différentes espèces grâce aux deux études chimiotaxonomique et moléculaires. Une comparaison a été faite entre elles, ce qui a permis d'identifier l'espèce la plus proche de *S. goodfellowii* parmi les espèces étudiées.

Grâce à l'analyse par l'indice statistique de *Jaccard* et *Kluczynski* utilisant les données obtenues à partir de l'analyse chimique de la composition cellulaire des espèces lors de l'étude chimiotaxonomique et lors de l'étude moléculaire à l'aide d'algorithmes bio-informatiques capables d'aligner les séquences de nucléotides afin de mettre en évidence les similitudes entre les espèces.

Donc, cela a montré les résultats obtenus à partir des deux études. L'espèce *S. vitiensis* est la plus proche de *S. goodfellowii*.

Enfin, nous avons conclu que l'étude chimio taxonomique ne contredit pas l'étude moléculaire, mais plutôt la confirme partiellement.

Mots-clés : *Salinispora*, chimiotaxonomie, indice de *Jaccard*, *Kluczynski*, similarité *S. goodfellowii*.

Abstract

The chemotaxonomic study was based on two coefficients: *Jaccard* and *Kluczynski*, and on the other hand, a molecular study was carried out on 9 species of *Salinispora*, which are, respectively:

S. goodfellowii, *S. cortisiana*, *S. fenicalii*, *S. mooreana*, *S. oceanensis*, *S. vitiensis*, *S. arenicola*, *S. tropica*, *S. pacifica*.

The aim of the study is to deduce the evolutionary distances between different species through the two chemotaxonomic and molecular studies, a comparison was made between them, which made it possible to identify the species closest to *S. goodfellowii* among the species studied.

Through the analysis by the statistical index of *Jaccard* and *Kluczynski* using the data obtained from the chemical analysis of the cellular composition of the species during the chemotaxonomic study and during the molecular study using bioinformatics algorithms capable of aligning nucleotide sequences to highlight similarities between species.

So this showed the results obtained from the two studies. The species *S. vitiensis* is closest to *S. goodfellowii*.

Finally, we concluded that the chemotaxonomic study does not contradict the molecular study, but rather confirms it at least partially.

Keywords: *Salinispora*, *chemotaxonomy*, *Jaccard index*, *Kluczynski*, *similarity*, *S. goodfellowii*.

SOMMAIRE	Pages
REMERCIEMENTS
DEDICACE.....
ملخص.....
Résumé.....
Abstract
Liste des abréviations
Liste des tableaux
Liste des figures.....
Chapitre I : Revue bibliographique	2
I.1. CLASSIFICATION DES ACTINOBACTERIES	2
I.1.1 les actinobactéries	2
I.1.1.2 Définition	2
I.1.2. Caractères actuels d'identification des genres	3
I.1.3. Caractères d'identification des espèces.....	11
II. ECOLOGIE DES ACTINOBACTERIES	13
II.1. Distribution générale des actinobactéries	13
II.1.1. Habitat d'actinobactéries	13
II.1.2. Composts	14
III. GENRE <i>SALINISPORA</i>	15
Chapitre II : Matériel et méthodes.....	16
Chapitre III : Résultats et discussion.....	24
III.1. Etude chimiotaxonomique.....	24
III.1.1. Sucres	24
III.1.2. Phospholipide	25
III.1.3. Acides gras	26
III.2. Résultats de calculs de similarité (à la base de coefficient de Jaccard et de Kulczynski)	30
III.3. Etude moléculaire.....	32
Conclusion.....	37
Références bibliographiques.....	38
Annexe	41

Liste des abréviations

Liste des abréviations

Acide LL-DAP : acide LL- diamino-pémilique.

Acide *méso*-DAP : acide *méso*-diamino-pémilique (= DL-DAP).

ADN : acide désoxyribose nucléique.

ARNr: acide ribonucléique ribosomique.

Blast: *Basic Local Alignment Search Tool*.

FASTA: *FAST-All*.

MEGA: *Molecular Evolutionary Genetics Analysis*.

NCBI: *National Center of Biotechnology Information*.

PAST3: *PAleontological STatistics3*.

PCR: *Polymerase Chain Reaction*.

Liste des tableaux

Tableau 1: Classes, ordres et familles du phylum des actinobacteries (Goodfellow <i>et al.</i> 2012).....	4
Tableau 2: Les chimiotypes des acides amines chez les actinobacteries (Lechevalier et Lechevalier, 1970).....	7
tableau 3: Les cinq chimiotypes des sucres chez les actinobactéries.....	8
Tableau 4: Profils phospholipidiques présents chez les actinobactéries.....	8
Tableau 5. Profils des acides gras chez les actinobactéries (Kroppenstedt, 1985).....	9
Tableau 6. Types des menaquinones retrouvées chez les <i>actinomycetales</i> (selon Kroppenstedt, 1985).....	10
Tableau 7: Les habitats de certains genres d'actinobacteries (Grigorova et Norris, 1990).....	14
Tableau 8: Sucres caractéristiques de la paroi des espèces de <i>Salinispora</i>	24
Tableau 9: Phospholipides caractéristiques de la membrane des neuf espèces	25
Tableau 10: Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire (en %) des espèces étudiées.....	26
Tableau 11: Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées...	27
Tableau 12: Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées. .	27
Tableau 13 : Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées (suite).....	28
Tableau 14: Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées. (présence/absence)	28
Tableau 15: Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées (présence/absence).	29
Tableau 16: Pourcentages de similarité obtenus par l'indice de <i>Jaccard</i>	30
Tableau 17: Pourcentages de similarité obtenus par l'indice de <i>Kulczynski</i>	30
Tableau 18: Le degré de similarité entre <i>S. Goodfellowei</i> et les autres espèces de <i>Salinispora</i>	34
Tableau 19: Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude moléculaire.	34

Liste des figures

Figure 1 : Micromorphologie de <i>Salinispora pacifica</i>	5
Figure 2 : Micromorphologie de <i>Salinispora tropica</i>	5
Figure 3: Micromorphologie de quelques genres d'actinobactéries. -----	6
Figure 4: Structure chimique de ménaquinones. -----	9
Figure 5: Acides mycoliques (www.faculty.ccbcmd.edu). -----	10
Figure 6 Logiciel <i>past3</i> .-----	19
Figure 7: Logiciel MEGA 3-----	19
Figure 8: Base de donnees NCBI.-----	20
Figure 9 Les sequences nucleotidiques avant l'alignement. -----	20
Figure 10: Utilisation du MEGA 3 (alignement des sequences par clustal w).-----	21
Figure 11: La base de donnees eztaxon.-----	22
Figure 12: Copier-coller la sequence (a partir du site NCBI). -----	22
Figure 13:Résultat schématisé de l'identification-----	23
Figure 14:Dendrogramme de classification ascendante hierarchique (cah) representant les distances evolutives entre les especes de <i>Salinispora</i> (a la base d'indice de <i>Jaccard</i>) en fonction des caracteres chimiotauxonomiques (presence/absence). -----	31
Figure 15:Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de <i>Salinispora</i> (à la base d'indice de <i>Kulczynski</i>) en fonction des caractères chimiotauxonomiques (présence/absence).....	32
Figure 16:Sequences nucleotidiques apres l'alignementdes sequences d'ARNr 16S de neuf especes de <i>Salinispora</i> (par le logiciel MEGA 3).-----	33
Figure 17: Dendrogramme representant les distances evolutives entre les especes par l'utilisation d'eztaxon. -----	33



Introduction

Introduction

Micro-organismes qui produisent des composés naturels biologiquement actifs, y compris les actinomycètes, sont considérés comme l'un des plus grands groupes populations microbiennes du sol et représentent 10 à 20% du total de la microflore tellurique (Dommergues et Mangenot, 1970).

Les actinomycètes halophiles occupent une place importante de par leur diversité, ils sont une source potentielle de molécules actives (antibiotiques, osmorégulateurs, enzymes etc.). Ils sont utilisés dans les domaines Pharmaceutiques, médicaux, agronomiques et alimentaires (Daane *et al.*, 2001). Il a également une capacité illimitée à produire des métabolites secondaires de diverses structures chimiques et activités biologiques (Valan *et al.*, 2008).

Les Actinomycètes ce sont des bactéries Gram positive, aérobies, qui se distinguent par la formation d'hyphes filamenteux qui se différencient pour produire des spores asexuées, avec à haute teneur en G+C, elles sont présentes dans plusieurs et différents habitats extrêmes: éponges marines, régions chaudes, sols, eaux douces, sédiments des grands fonds, compost, et beaucoup d'entre elles ressemblent aux champignons par leur morphologie générale.

L'objectif de ce travail est de faire une comparaison chimiotaxonomique (basée sur l'indice de *Jaccard* et l'indice de *Kulczynski*) et moléculaire entre les neuf espèces du genre *Salinispora* et montrer la similarité par une construction des dendrogrammes afin d'ordonner ces espèces du plus semblable au plus éloigné par rapport à l'espèce de référence *Salinispora goodfellowii*. L'intérêt de cette comparaison est de savoir si l'étude taxonomique (relativement simple) peut remplacer l'étude moléculaire (généralement plus compliquée) pour déterminer l'espèce (ou les espèces) le (ou les) plus proche(s) par rapport à une espèce déterminée (*Salinispora goodfellowii* dans cette étude).



Revue
BIBLIOGRAPHIQUE

Chapitre I : Revue bibliographique

I.1. CLASSIFICATION DES ACTINOBACTERIES

I.1.1 les actinobactéries

I.1.1.2 Définition

Les actinobactéries sont encore appelées actinomycètes. C'est des bactéries à Gram positif capables de former des spores asexuées (conidiospores ou sporangiospores) et des hyphes ramifiés non fragmentés ou fragmentés. Leur développement donnait lieu à des colonies circulaires constituées de filaments qui irradient par croissance centrifuge tout autour du germe qui leur a donné naissance (Gottlieb, 1973; Lechevalier et Lechevalier, 1981). Ceci explique leur dénomination «actinomycètes» du Grec « aktino, mycetes » ou « champignons à rayons » ou encore « champignons rayonnants » (Gottlieb, 1973). Les actinobactéries étaient classées dans l'ordre des *Actinomycetales* (Mariat et Sebald, 1990). Certains représentants de ces microorganismes, surtout les aérobies, ont longtemps été rejetés de l'ensemble des bactéries et confondus avec les champignons du fait de leur morphologie fongicoïdes (filaments ramifiés, organes de sporulation, etc.) et de l'allure mycosique des maladies qu'ils provoquent (Becker *et al.*, 1965; Gazonko *et al.*, 1998). Ce problème est résolu et ce groupe de microorganismes est définitivement classé parmi les bactéries (Becker *et al.*, 1965; Lechevalier et Lechevalier, 1981) qui possèdent un pourcentage de guanine cytosine (G+C%) supérieur à 55%.

Il existe actuellement, 9 espèces au sein du genre *Salinispora*, prenant un exemple où on peut établir cette classification :

Domaine : *Bacteria* (Bactéries)

Phylum : *Actinobacteria* (Actinobactéries)

Classe : *Actinobacteria* (Actinobactéries)

Sous-classe : *Actinobacteridae*

Ordre : *Actinomycetales* (Actinomycétales)

Sous-ordre : *Micromonosporales*.

Famille : *Micromonosporaceae*

Genre : *Salinispora*

Espèce : *Salinispora goodfellowii*

I.1.2. Caractères actuels d'identification des genres

Les actinobactéries sont classées actuellement sur des caractères morphologiques, chimiques (chimio-taxonomiques), physiologiques et génétiques (moléculaires). Certaines familles d'actinobactéries sont mentionnées dans le tableau 1.

I.1.2.1. Caractères morphologiques

Les études de classification des actinobactéries sont basées premièrement sur la morphologie qui est essentielle pour décrire les genres, et on distingue des critères macromorphologiques et micromorphologiques (Meklat, 2012).

I.1.2.1.1. Caractéristiques macromorphologiques

Les caractères macromorphologiques reposent sur une observation à l'œil nu. Il s'agit de noter :

- La production ou non du mycélium aérien (MA).
- La présence ou non du mycélium du substrat (MS).
- La couleur du MA, du MS et des pigments diffusibles dans le milieu de culture.

Les couleurs sont souvent déterminées grâce à l'utilisation de chartes de couleurs, telle par exemple, la charte de Kelly et Judd (1976) ou « Color Name Chart Illustrated with Centroid Color ISCC –NBS ».

Tableau 1 : Classes, ordres et familles du phylum des actinobactéries (Goodfellow *et al.*, 2012).

Classes	Ordres	Familles
<i>Actinobacteria</i>	<i>Actinomycetales</i>	<i>Actinomycetaceae</i>
	<i>Actinopolysporales</i>	<i>Actinopolysporaceae</i>
	<i>Bifidobacteriales</i>	<i>Bifidobacteriaceae</i>
	<i>Catenulisporales</i>	<i>Catenulisporaceae, Actinospicaceae</i>
	<i>Corynebacteriales</i>	<i>Corynebacteriaceae, Dietziaceae, Mycobacteriaceae, Nocardiaceae, Segniliparaceae, Tsukamerullaceae</i>
	<i>Frankiales</i>	<i>Frankiaceae, Acidothermaceae, Cryptosporangiaceae, Geodermatophilaceae, Nokamurellaceae</i>
	<i>Glycomycetales</i>	<i>Glycomycetaceae</i>
	<i>Jiangellales</i>	<i>Jiangellaceae</i>
	<i>Kineosporales</i>	<i>Kineosporaceae</i>
	<i>Micrococcales</i>	<i>Micrococcaceae, Beutenbergiaceae, Bogoriellaceae, Brevibacteriaceae, Cellulomonadaceae, Dermabacteriaceae, Dermacoccaceae, Dermatophilaceae, Intrasporangiaceae, Jonesiaceae, Micobacteriaceae, Promicomonosporaceae, Rarobacteriaceae, Ruaniaceae</i>
	<i>Micromonosporales</i>	<i>Micromonosporaceae</i>
	<i>Propionibacteriales</i>	<i>Propionibacteriaceae, Nocardoidaceae</i>
	<i>Pseudonocardiales</i>	<i>Pseudonocardiaceae</i>
	<i>Streptomycetales</i>	<i>Streptomycetaceae</i>
	<i>Streptosporangiales</i>	<i>Streptosporangiaceae, Nocardiopeaceae, Thermomonosporaceae</i>
<i>Acidimicrobiia</i>	<i>Acidimicrobiales</i>	<i>Actinomicrobiaceae</i>
<i>Nitriliruptoria</i>	<i>Nitriliruptorales</i>	<i>Nitriliruptoraceae</i>
	<i>Euzebyales</i>	<i>Euzebyaceae</i>
<i>Rubrobacteria</i>	<i>Rubrobacterales</i>	<i>Rubrobacteraceae</i>
<i>Thermophila</i>	<i>Thermophilales</i>	<i>Thermophilaceae</i>
	<i>Solirubrobacterales</i>	<i>Solirubrobacteraceae, Conexibacteraceae, Patulibacteraceae</i>

I.1.2.1.2. Caractéristiques micromorphologiques

La micromorphologie des actinobactéries est réalisée par observation au microscope optique (et parfois électronique) des colonies poussant sur milieux gélosés. Il s'agit de noter par exemple: la fragmentation ou non du MS, la présence ou non, sur le MA et/ou le MS, de spores, leur agencement (isolées, par deux ou en chaînes), la forme des chaînes de spores et l'ornementation de la surface des spores, la présence de structures particulières comme les sporanges et les synnemata sur le MA. La surface des spores (lisse, rugueuse, épineuse ou chevelue) est quant à elle observée au microscope électronique à balayage.

La figure 1 montre, à titre d'exemple, la micromorphologie de quelques genres principaux d'actinobactéries halophiles.

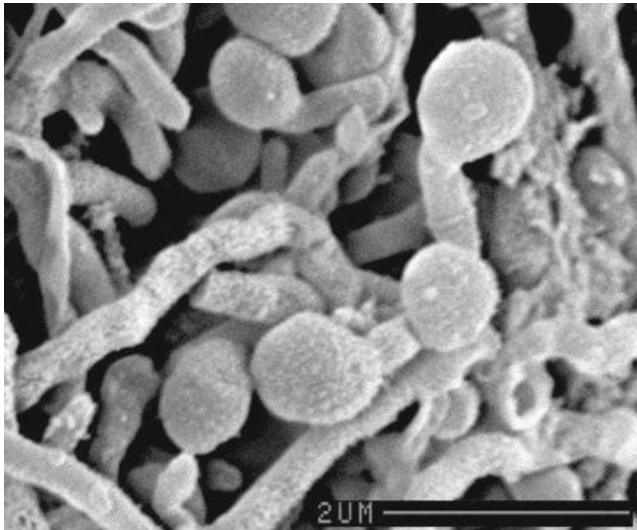


Figure1 : Micrographie électronique à balayage de *Salinispora pacifica* CNR-114^T en croissance sur milieu ISP 2 additionné d'eau de mer à 75% après incubation à 28 °C pendant 3 semaines. Barre, 2 μm.

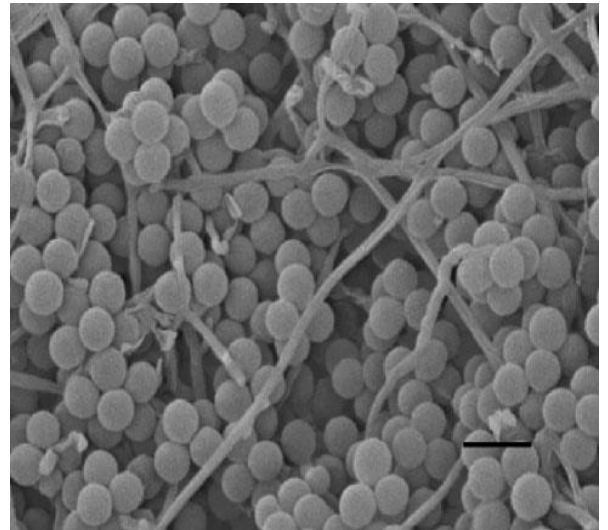


Figure2 : Micrographie électronique à balayage de *Salinispora tropica* CNB-440^T en croissance sur milieu ISP 2 additionné de NaCl (3-5%, p/v), après incubation à 28°C pendant 4 semaines. Barre, 1 μm.

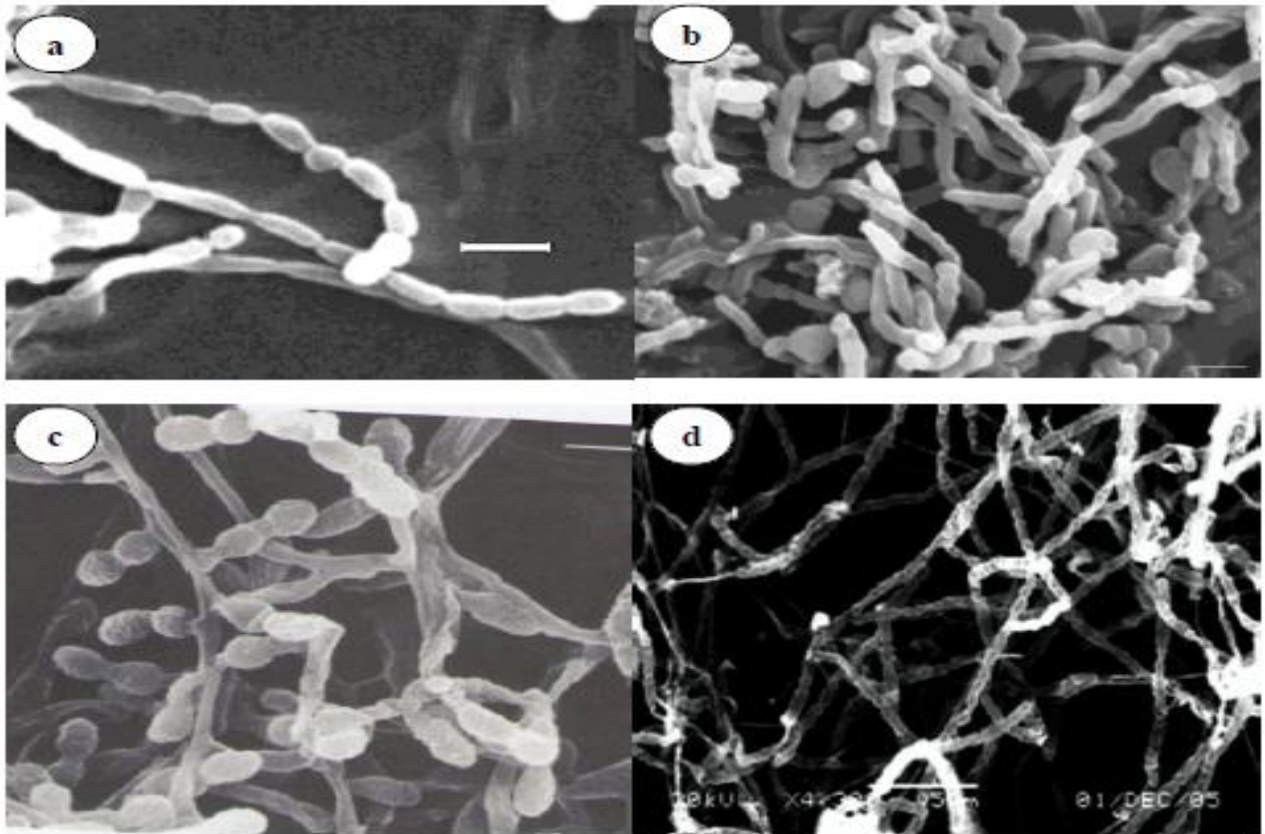


Figure 3 : Micromorphologie de quelques espèces d'actinobactéries halophiles (observations faites au microscope électronique à balayage).

a: *Nocardioopsis sinuspersici* HM6^T (Hamed *et al.*, 2010).

b: *Saccharopolyspora indica* VRC122^T (Vaddavalli *et al.*, 2014).

c: *Saccharomonospora halophila* 8^T (Al Zarban *et al.*, 2002).

d: *Actinopolyspora alba* YIM 90480^T (Tang *et al.*, 2011).

I.1.2.2. Chimiotaxonomie (caractères chimiques)

L'étude des caractéristiques chimiques des actinobactéries consiste en l'analyse la constituants de la paroi cellulaire en sucres, acides aminés, ménaquinones, phospholipides, acides gras et acides mycoliques. L'analyse de ces constituants se fait après une lyse cellulaire par plusieurs méthodes chimiques comme par exemple, une méthanolyse, une hydrolyse acide, etc.

I.1.2.2.1. Acides aminés

La muréine, ou peptidoglycane, est un composant majeur de la paroi des bactéries à Gram +, dont les actinobactéries. L'analyse des acides aminés qui la constituent est utilisée pour déterminer des chimiotypes. Deux acides aminés sont taxonomiquement très importants pour les actinobactéries mycéliennes, l'acide diaminopimélique (DAP), qui peut être sous

deux formes, LL ou DL (*méso*) selon les genres et la glycine qui peut être présente ou absente. Cette dernière forme des liaisons “ponts” entre les sous-unités peptidiques de la muréine (Becker *et al.*, 1964 et 1965; Yamaguchi, 1965; Labeda *et al.*, 1984). Chez certaines actinobactéries non mycéliennes, le DAP est remplacé par la lysine ou bien par l’ornithine ou encore par l’acide diaminobutyrique. Selon la composition en acides aminés, les actinobactéries sont classées dans les chimiotypes I à VIII (Tableau 2).

Tableau 2: Les chimiotypes des acides aminés chez les actinobactéries (Lechevalier et Lechevalier, 1970).

Type	Acides aminés	Exemple
Type I C	LL DAP + glycine (pas de sucres taxonomiquement importants)	<i>Streptomyces</i>
Type II D	DL DAP + glycine + arabinose + xylose	<i>Actinoplanes.</i>
Type III B	DL DAP + madurose	<i>Streptosporangium</i>
Type III C	DL DAP (pas de sucres caractéristiques)	<i>Nocardiosis</i>
Type III E	DL DAP + rhamnose + galactose	<i>Saccharothrix.</i>
Type IV A	DL DAP + arabinose + galactose	<i>Amycolatopsis.</i>
Type V	Ornithine + lysine	<i>Actinomyces</i>
Type VI	Lysine	<i>Oerskovia</i>
Type VII	Acide diaminobutyrique et glycine (lysine variablement présente)	<i>Agromyces</i>
Type VIII	Ornithine	<i>Cellulomonas.</i>

I.1.2.2.2. Sucres

L’étude chimiotaxonomique de la paroi cellulaire, a montré la présence de cinq groupes caractéristiques, les sucres trouvés sont considérés comme des marqueurs afin de classer les actinobactéries (Lechevalier et Lechevalier, 1970; Labeda et Lechevalier, 1989; Stackebrandt *et al.*, 1994).

Tableau 3: Les cinq chimiotypes des sucres chez les actinobactéries.

Sucres	Exemple
Arabinose-galactose (Groupe A)	<i>Nocardia</i>
Madurose (Groupe B)	<i>Actinomadura</i>
Xylose-arabinose (Groupe D)	<i>Actinoplanes</i>
Rhamnose-galactose (Groupe E)	<i>Actinoalloteichus</i>
Absence de sucres caractéristiques (pas d’arabinose, xylose, rhamnose et madurose) (Groupe C)	<i>Streptomyces</i>

1.2.2.3. Lipides membranaires

Outre l'étude analytique des sucres et des acides aminés, il est nécessaire de faire une analyse de la membrane plasmique afin de déterminer les lipides caractéristiques tels que les phospholipides (lipides polaires), les acides gras et les ménaquinones. Cela nous permet de décrire et d'identifier les différents genres d'actinobactéries.

I.1.2.2.3.1. Phospholipides

L'analyse des membranes cellulaires a montré la présence des lipides polaires : phosphatidylcholine, phosphatidyléthanolamine, phosphatidyl contenant glucosamine et phosphatidylglycérol qui permet de distinguer cinq profils phospholipidiques (Lechevalier *et al.*, 1977). Ces profils sont présentés dans le tableau 4 ci-dessous:

Tableau 4 : Profils phospholipidiques présents chez les actinobactéries.

Types de phospholipides	PC	PE	PCG	PG	Exemples
PI	–	–	–	v	<i>Actinomadura, Spirullospora, Streptomyces, Pseudonocardia, Actinopolyspora, Amicolatopsis, Nonomuraea, Prauserella</i>
PII	–	+	–	–	
PIII	+	–	–	v	
PIV	–	+	+	–	
PV	–	–	+	+	

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

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

I.1.2.2.3.2. Acides gras

La composition des membranes cellulaires en acides gras permet également de distinguer entre certains genres (Minnikin *et al.*, 1980 et 1984). Elle est utilisée en combinaison avec d'autres critères chimiques lorsque le cas s'impose. Leurs types et leurs pourcentages sont caractéristiques de plusieurs genres (Grund et Kroppenstedt, 1990; Kroppenstedt *et al.*, 1990) comme le montre ci-dessous le tableau 5.

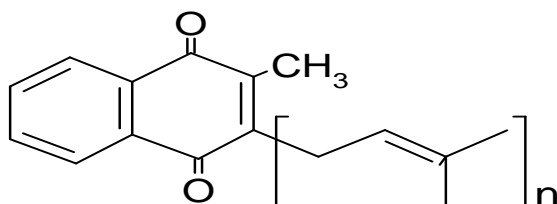
Tableau 5: Profils des acides gras chez les actinobactéries (Kroppenstedt, 1985).

Type de profil	Acides gras à chaînes ramifiées							
	Saturé	Insaturé	Iso 14/16/18	Iso 15/17	Antéiso 15/17	10-Méthyl		Cyclo propane
						17	18	
1a	+++	+++	-	-	-	-	-	-
1b	+++	+++	-	-	-	-	+	-
1c	+++	+++	-	-	-	-	-	++
2a	++	+	+++	+	(+)	-	-	-
2b	(+)	+	++	+++	+	-	-	-
2c	+	(v)	+++	+	+++	-	-	-
2d	+	+	+++	+++	+++	-	-	-
3a	+++	++	+++	(+)	(+)	(+)	+++	-
3b	+	+	+++	+++	++	++	(+)	-
3c	+	+	++	+	+	+++	(+)	-
3d	+	+	+++	++	+++	(+)	+++	-

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

I.1.2.2.3.3. Ménaquinones

Ce sont des lipides membranaires solubles constitués d'un noyau naphtoquinone méthylé et d'une chaîne carbonée aliphatique contenant des unités isoprènes. Deux critères de classification sont considérés : nombres d'unités d'isoprène et le degré d'hydrogénation (Meklat, 2012).

**Figure 4:** Structure chimique de ménaquinones.

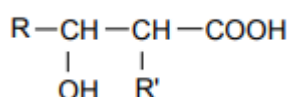
Sur la base de la présence de certaines ménaquinones (Kroppenstedt, 1985) a désigné 11 types (Tableau 6).

Tableau 6 : Types des ménaquinones retrouvés chez les *Actinomycetales* (Kroppenstedt, 1985).

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

I.1.2.2.3.4. Acides mycoliques

Les acides mycoliques sont des lipides pariétaux complexes et insaturés contenant 20 à 90 atomes de carbone. Ils sont importants uniquement pour différencier certaines actinobactéries ayant le chimiotype IVA (Mordarska *et al.*, 1972), comme par exemple le genre *Nocardia* (46-64 atomes de carbone) et *Williamsia* (50-56 atomes de carbone) (Goodfellow *et al.*, 2012). Leur structure générale est la suivante:



R et R' sont des chaînes de CH, CH₂ et CH₃.

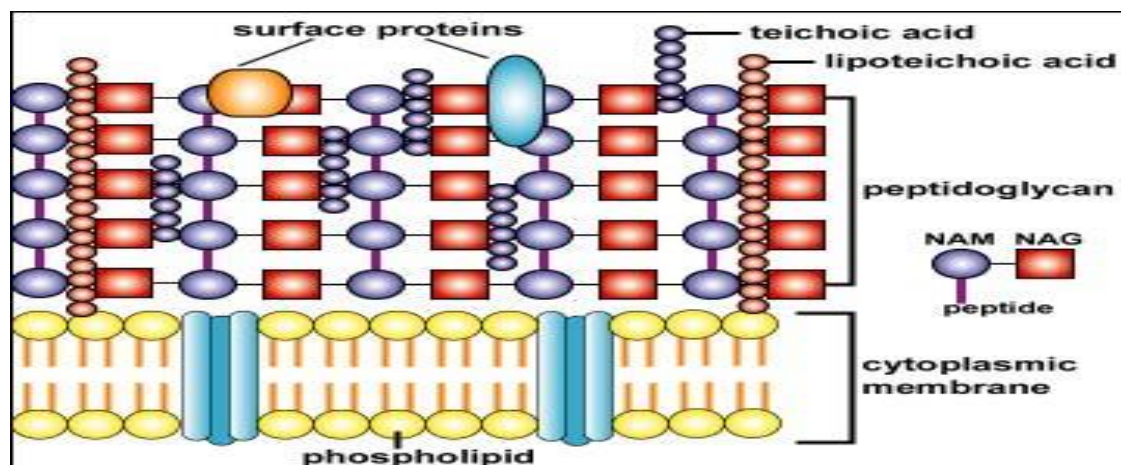


Figure 5 : Acides mycoliques chez les bactéries (<http://faculty.cbcemd.edu/courses/bio>).

I.1.3. Caractères d'identification des espèces

En basant sur des caractères physiologiques, biochimiques et moléculaires, il est possible d'identifier les différentes espèces bactériennes.

I.1.3.1. Caractères physiologiques et taxonomie numérique

I.1.3.1.1. Caractères physiologiques utilisés

L'étude physiologique repose sur utilisation des tests de dégradation de différents composés (glucides, lipides, protéines, polymères complexes, stéroïdes, etc.), et la température, tolérance au pH, à la salinité, etc. (Boudjelal-Bencheikh, 2012). Aussi que des tests de résistance aux différents agents chimiques (antibiotiques, divers autres agents chimiques).

I.1.3.1.2. Taxonomie numérique

La taxonomie numérique est un système de classification des espèces utilisant des méthodes numériques appliquées aux caractères phénotypiques. L'analyse est basée sur le degré de similitude (similarité) entre les souches ou les espèces bactériennes où l'apparition de caractère qui sont codés 1 (en cas présence du caractère) et/ou 0 (en cas d'absence).

On obtenu les résultats par des logiciels informatisés développés fait utiliser des coefficients (de *Jaccard*, de *Kulczynski*, de *Sokal* et *Michener*, etc.), pour la création des dendrogrammes (un arrangement de groupes générés par un regroupement hiérarchique). On conclut, lorsque le degré de similarité est supérieur à 80%, dans ce cas cela signifie que les taxons sont considérés comme étant de la même espèce.

Outre les études chimiotaxonomiques et moléculaires, la taxonomie numérique joue un rôle important pour une identification plus précise des espèces (Meklat, 2012).

I.1.3.2. Caractères moléculaires

Le développement de la biologie moléculaire contribue à la création des nouvelles techniques reposant sur la manipulation des gènes au niveau des acides nucléiques, dans le but

de classer et d'identifier les genres et les espèces bactériennes comme les actinobactéries. Plusieurs méthodes moléculaires fondamentales ont été réalisées, tel que le séquençage de gène qui code pour l'ARN ribosomique (ARNr 16S), ainsi que la technique de l'hybridation ADN-ADN. Cependant, en cas de création des nouveaux genres, il est indispensable de déterminer le pourcentage G+C (Boudjelal, 2012).

Les critères moléculaires permettent de réaliser une taxonomie plus fiable, pouvant même dans certains cas de corriger une taxonomie donnée en basant uniquement sur des critères morphologiques, physiologiques et chimiques (Meklat, 2012).

I.1.3.2.1. Etude de l'ARN ribosomique (ARNr 16S) et phylogénie

L'ARN ribosomique 16S (ARNr 16S) est constituant la petite sous unité des ribosomes des procaryotes, les gènes codant cet ARN sont appelés ADNr 16S (possède environ 1500 paires de bases), Le séquençage commence par l'extraction de l'ADN génomique puis une amplification par PCR (*Polymerase Chain Reaction*) de ce gène en utilisant des amorces spécifiques.

Par la suite, le produit de la PCR est utilisé pour séquencer la partie propre au gène codant pour l'ARNr 16S. Les séquences obtenues après amplification sont soumises à des études de comparaison (ou encore phylogénie) entre elles ou bien avec des espèces de références répertoriées dans des banques des données génomiques, telle par exemple, la GenBank (Saker, 2018).

Le séquençage est une technique très fiable pour l'identification des actinobactéries (Cook et Meyers, 2003). Les séquences, une fois déterminées, sont comparées à celles des espèces disponibles dans les banques génomiques de données en utilisant le "NCBI Blast" disponible sur Internet au niveau du site web : ncbi.nlm.nih.gov ainsi que EzTaxone Server (<http://eztaxon-e.ezbiocloud.net/>; Kim *et al.*, 2012).

Elles sont ensuite alignées grâce au logiciel MEGA 3 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis* version 3). Ce logiciel nous a permis de réaliser une analyse phylogénétique basée sur l'homologie entre ces séquences, selon la méthode de Jukes et Cantor (1969) pour calcul des matrices des distances d'évolution et l'algorithme du "Maximum-Likelihood" (Felsenstein, 1987) pour la construction des topologies des arbres phylogénétiques.

I.1.3.2.2. Taux de guanine-cytosine

Le taux de GC ou pourcentage de GC ou coefficient de Chargaff d'une séquence d'ADN est défini comme proportion de bases de cette séquence étant soit une cytosine C soit une guanine G. il existe 2 bases azotées supplémentaires, l'adénine A et thymine T (Meklat, 2012).

Chez les bactéries, cette valeur est très dispersée et varie de 25 à 75% Actuellement, admet que des microorganismes dont les G+C% diffèrent de plus de 5% ne peuvent appartenir à une même espèce, et que des microorganismes dont le G+C% diffèrent de plus de 10% ne peuvent appartenir à un même genre.

Les actinobactéries sont définies par un taux élevé en G+C, supérieur à 55% (Prescott et al.,2010) a été reconsidérée. Ceci a permis de différencier la lignée des actinobactéries de celle des firmicutes comprenant les *Bacillaceae*, les *Lactobacillaceae* et d'autres bactéries à Gram positif (G+C inférieur à 55%). De même, d'autres bactéries non mycéliennes telles que *Corynebacterium*, *Cellulomonas*, cest en partie une souche de l'évolution des actinomycètes (Garrity et al.2004).

II. ECOLOGIE DES ACTINOBACTERIES

II.1. Distribution générale des actinobactéries

Les actinobactéries sont très abondants; on les trouve dans de nombreux habitats allant des environnements terrestres, marins, aquatiques, aériens et extrêmes ainsi qu'en association avec des organismes supérieurs.

II.1.1. Habitat d'actinobactéries

Les actinomycètes ont une large distribution dans la nature, mais certaines formes d'entre eux sont pathogènes pour l'homme, les plantes ou les animaux. On les trouve dans tous les écosystèmes, le sol, atmosphère et l'eau douce et salée tel que *Actinoplanes*, *Micromonospora*, *Rhondococcus* qui sont caractérisées par leur isolement relativement facile,

elles sont distribuées principalement dans les poissons, les éponges, les algues, les mollusques et la mangrove.

Le sol est l'habitat le plus important pour les actinomycètes, auquel appartient le genre *Streptomyces*, est le plus abondant et le plus isolé. La majorité des actinomycètes vivent dans des conditions de faible humidité (Belyagoubi, 2014).

Physiologiquement, les formes aérobies des actinomycètes sont les plus nombreuses. Les types anaérobies se trouvent primitivement chez les animaux et l'homme. Les actinomycètes préfèrent un pH neutre ou peu alcalin, ils sont généralement mésophiles, d'autres sont thermophiles tolérants des températures avoisinant les 50°C et peuvent aller jusqu'à 60°C (Boucheffa, 2011).

II.1.2. Composts

Des actinobactéries sont isolées des composts il s'agit de genres thermophiles tel que *Thermoactinomyces*, *Sachromonospora* et d'autres thermotolérants tels que *Microbispora*, *Micropolyspora*, *Pseudonocardia* (Ensign *et al.*, 1993; Lacey, 1997; Song *et al.*, 2001).

Les actinobactéries sont actives dans les derniers stades du compostage. ils se sont spécialisés dans l'attaque des structures plus résistantes comme la cellulose, la kératine hémicellulose et la lignine (Zermane, 2007). Les actinobactéries décomposent les matières organiques complexes présentes dans les composts comme la cellulose, l'hémicellulose, la lignine et la kératine (Zermane, 2007). Les principaux habitats des actinobactéries sont présentés dans le tableau 6.

Tableau 7: Les habitats de certains genres d'actinobactéries (Grigorova et Norris, 1990).

Actinobactérie	Habitat
<i>Actinoplanes</i>	L'eau douce, la litière, le sol
<i>Frankia</i>	Les nodules racinaires des non-légumineuses
<i>Micromonospora</i>	L'eau douce, les sédiments, les sols humides
<i>Nocardia</i>	Les boues activées
<i>Thermoactinomyces</i>	Le compost
<i>Streptomyces</i>	le sol, la litière végétale, l'eau
<i>Rhodococcus</i>	Les déjections animales, l'eau, le sol
<i>Saccharopolyspora</i>	Moisi du foin

III. GENRE *SALINISPORA*

Le genre *Salinispora* est une bactérie provenant d'un habitat salin, indiquant l'habitat marin d'organisme. La description est basée sur des informations tirées de ce étude et de Mincer *et al.* (2002).

Ce genre appartient au phylum d'*Actinobacteria*, et à la famille *Micromonosporaceae* des qui renferme les bactéries mycéliennes à Gram positif, aérobie, non acido-résistants qui se forment largement hyphes de substrat ramifiées (0,25–0,5 mm de diamètre) qui portent des spores à surface lisse (0,8-3,8 mm) de diamètre (Luis *et al.*, 2005) avec une teneur de G+C entre 70 et 73%.

Toutes les souches ont besoin d'eau de mer ou un milieu de croissance additionné de sodium. Bien qu'il y ait une grande similitude de séquence entre les génomes de *Salinispora* (> 99% d'identité de séquence d'ARNr 16S).

Le genre *Salinispora* est actuellement composée de 9 espèces bactériennes qui sont : *S. goodfellowii*, *S. cortesiana*, *S. fenicalii*, *S. mooreana*, *S. oceanensis*, *S. vitiensis* (Roman - ponce *et al.*, 2020).

Les espèces de ce genre sont caractérisées par un mycélium aérien. Leur composition cellulaire montre la présence des sucres les plus importants d'un point de vue taxonomique: galactose et xylose. Concernant les acides gras, il y a l'iso-C_{15:0}, antiso-C_{15:0}, iso-C_{16:0} et C_{17:0}. Les principaux phospholipides qui caractérisent ce genre sont la phosphatidyléthanolamine et le phosphatidylinositol, di-phosphatidylglycérol (Roman -ponce *et al.*, 2020).

Ce genre bactérien a une importance biotechnologique potentielle en raison de leur production de nouveaux métabolites secondaires qui peuvent être utilisés en pharmacie.



***Matériel et
Méthodes***

Chapitre II : Matériel et méthodes

II.1. Espèces étudiées

Neuf espèces du genre *Salinispora* ont été choisies pour réaliser une comparaison entre l'étude moléculaire et l'étude chimiotaxonomique (à la base de l'indice de *Jaccard* l'indice de *Kulczynski*) :

- *Salinispora cortesiana* : est une espèce, aérobie, les hyphes végétatifs sont fins et ramifiés et non fragmentés, caractérisée par la production des pigments orange, contient un taux de G+C de 69.6 mol% (Roman *et al.*, 2020).

- *Salinispora fenicali* : est une actinobactérie aérobie, avec un mycélium végétatif fin non fragmentant, le mycélium aérien est absent, il est de couleur orange vif à l'orange foncé et son taux de Gc ets de 69,1-69,2 mol% (Roman *et al.*, 2020).

- *Salinispora goodfellowii*: est une actinobactérie qui possède des hyphes végétatifs fins et ramifiés, mais non fragmentés. Elle produit des pigments orange et présente un pourcentage de G+C de 70 mol% (Roman *et al.*, 2020).

- *Salinispora mooreana* : est une espèce aérobie. Les hyphes végétatifs sont fins ramifiés et non fragmentés, les colonies varient de claires à orange brillant, virant au noir et le mycélium aérien est absent, le taux de GC varie entre 69,3 et 69,4 mol% (Roman *et al.*, 2020).

- *Salinispora vitiensis* : est une espèce aérobie, les hyphes végétatifs sont ramifiés et non fragmentés. Les colonies sont de couleur orange foncé ou marron, le mycélium aérien est absent et le contenu en G+C est de 69,9 mol% (Roman *et al.*, 2020).

- *Salinispora oceansis* : est une espèce, aérobie, caractérisée par un mycélium végétative fine de couleur oranges virant au brun après sporulation. Les hyphes sont ramifiés et non fragmentés, et le mycélium aérien est absent (Roman *et al.*, 2020).

- *Salinispora pacifica* : est un actinomycète aérobie, avec un mycélium de substrat qui porte des spores rondes à surface lisse isolées et en grappes. Le contenu de G+C oscille entre 67,70 et 70,13 mol% (Ahmed *et al.*, 2013).

- *Salinispora arenicola* : est une actinobactérie aérobie, avec des hyphes de substrat ramifiées, habitant du sable, indiquant l'isolement à partir des sédiments marins. La description est basée sur les informations tirées de l'étude de Mincer *et al.* (2002). La plage de température pour la croissance est de 10-30 °C, avec un optimum à 20-28 °C.

Toutes les souches nécessitent 25 à 50% d'eau de mer ou un milieu enrichi en sodium pour la croissance. L'arbutine, L-proline, D-salicine, L-thréonine et la L-tyrosine sont

utilisées comme seules sources de carbone pour l'énergie et la croissance, mais pas le D-galactose ni l'inuline (Luis *et al.*, 2005).

- *Salinispora tropica* : est une espèce aérobie, filamenteuse, caractérisée par un mycélium aérien. La description est basée sur les informations tirées de l'étude de Mincer *et al.* (2002). Les caractéristiques chimiotauxonomiques, morphologique et génomiques sont identiques à la description du genre. La plage de température pour la croissance est de 10-30 °C, avec un optimum à 15-28 °C. Le D-galactose et l'inuline sont utilisés comme seules sources de carbone pour l'énergie et la croissance. Ne pousse pas en présence de rifampicine (25 mg/ml) (Luis *et al.*, 2005).

II.2. Etude chimiotauxonomique

Dans cette étude, nous nous sommes basés sur les composants cellulaires de neuf espèces du genre *Salinispora*, principalement les sucres, les acides aminés, les phospholipides, les acides gras et les ménaquinones.

Dans des études précédentes, ces composants ont été analysés, où un caractère binaire « présence, absence » a été utilisé pour comparer la composition de la paroi et de la membrane cytoplasmique. Si l'espèce porte la caractéristique, elle va être attribuée par une valeur de 1, et 0 si en est dépourvue de cette caractéristique. Les données obtenues sont présentées dans un tableau, les lignes réfèrent les six espèces, et les colonnes représentent les constituants biochimiques (sucres, acides aminés, ménaquinones, etc.).

II.2.1. Mesure de similarité

Plusieurs propriétés ont été prises lors de la mesure de similarité afin de montrer les différences et les similitudes entre les espèces étudiées. Pour notre étude, nous avons choisi l'indice de similarité de *Jaccard* et *Kulczynski*

II.2.2. Indice de Jaccard

L'indice de *Jaccard* est un coefficient quantitatif qui permet de calculer le pourcentage de similitude entre deux espèces et aussi appelé également 'coefficient de communauté' dans la publication d'origine (*Jaccard*, 1901).

Cet indice est calculé par la relation suivante :

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

Matrice de distance

	1	0
1	a	b
0	c	d

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

II.2.3. Indice de Kulczynski

L'indice de *Kulczynski* est un coefficient mesures de distance entre modalités de variables quantitative ([www.numdam.org/item/?id=RSA_2003_51_2_75_0](http://www.numdam.org/item/?id=RSA_2003__51_2_75_0)) (Kulczynski, 1927)

Cet indice est calculé par la relation suivante :

$$K = \frac{\left(\frac{a}{a+b} + \frac{a}{a+c}\right)}{2}$$

Dans ce travail, deux logiciels qui reposent sur l'exploitation des bases de données sur le web, ont été utilisés :

II.2.4. PAST3 (*PAleontological STatistics 3*)

C'est un programme qui analyse les données numériques (+ ou -, c'est-à-dire 1 ou 0), et donc qui permet de construire des dendrogrammes détaillés à partir de différents fichiers : fichiers texte, Excel, etc.

PAST
PAleontological STatistics
Version 3.22



Figure 6: Le logiciel *PAST3*

II.2.5 MEGA 3 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis 3*)

Cette quatrième version du logiciel (MEGA 3), assure plusieurs tâches et contribue à l'étude taxonomique des espèces après le traitement de leurs séquences nucléotidiques d'une manière automatique, par la réalisation d'un alignement qui permet de déduire les distances d'évolution, et par conséquent, de construire les arbres phylogénétiques (dendrogrammes précis) qui sont à la base d'une classification concrète des souches (ou des espèces) bactériennes.



Figure 7: Le logiciel MEGA 3.

II.2.5.1. Création d'alignements de séquences multiples

L'utilisation des séquences nucléotidiques d'ARNr 16S pour les neuf espèces extraites de la base de données NCBI (*National Center for Biotechnology Information*; www.ncbi.nlm.nih.gov).



Figure 8: La base de données NCBI.

Un alignement multiple des séquences se fait par le logiciel MEGA 3. Suivant les étapes ci-dessous : les étapes suivantes :

- Démarrer le logiciel MEGA 3 et Sélectionner l'icône Alignement pour lancer l'explorateur d'alignement.
- Sélectionner Data/ Open/ Get Séquences, pour récupérer les séquences non alignées stockées dans les fichiers sous format *FASTA*.

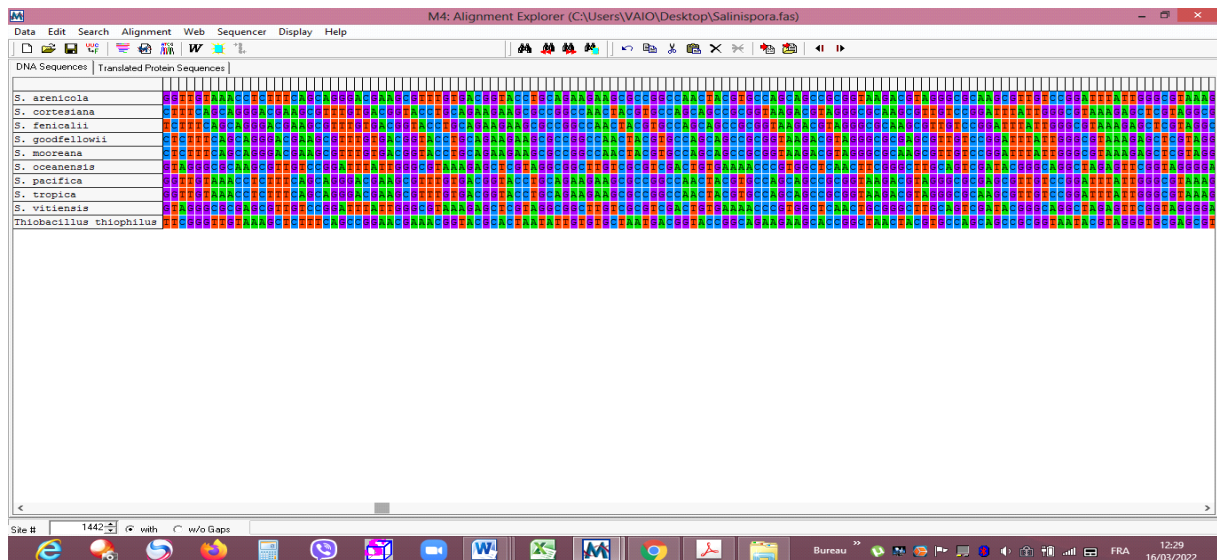


Figure 9: Les séquences nucléotidiques avant l'alignement.

- Cliquer sur Edit/ Select All, afin d'aligner l'ensemble des séquences.
- Sélectionner Alignment/ Align by ClustalW, pour effectuer un alignement des séquences sélectionnées en utilisant l'algorithme Clustal W.

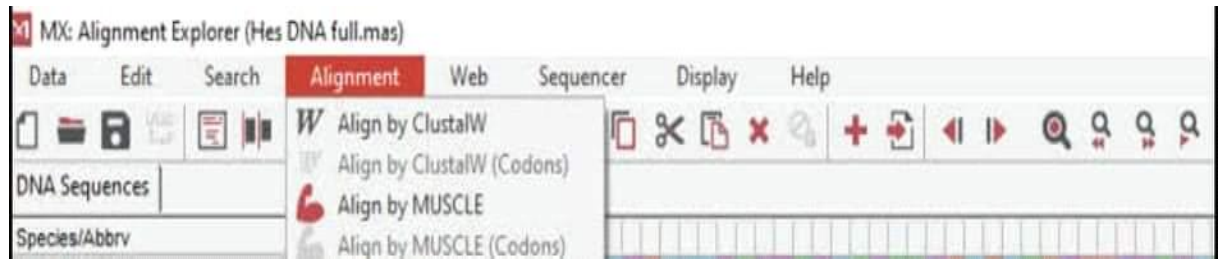


Figure 10: Utilisation du MEGA 3 (alignement des séquences par Clustal W).

- Afin d'enregistrer l'alignement réalisé, en cliquant sur Data/Save Session, pour restaurer la session d'alignement prochainement.
- Quitter l'explorateur d'alignement, et répondre par " oui " sur un message qui va apparaître afin d'enregistrer l'alignement sous un fichier MEGA, puis le renommer pour faciliter son ouverture pour une autre fois sur MEGA 3 (Tamura *et al.*, 2007).

II.3. Etude moléculaire

L'étude des relations de parenté entre les espèces fait intervenir la phylogénie moléculaire, en utilisant les séquences nucléotidiques de l'ARNr 16S, afin de mieux comprendre l'évolution des espèces à partir des données de séquençage (Lopez *et al.*, 2002).

Une comparaison des caractères distincts d'un groupe d'individus, permet d'estimer l'histoire commune ou non entre ces individus, c'est le principe majeur de la phylogénie.

L'étude moléculaire est basée principalement sur l'exploitation des logiciels informatisés fiables et rapides, qui traitent et analysent les données introduites, et expriment par conséquent, les positions taxonomiques, qu'elles seront par la suite traduites en dendrogrammes.

II.3.1. EzTaxon

C'est une base de données basée sur une classification des séquences d'ARNr 16S à partir de leur vraisemblance. Cette base de données contient 207 phylums, 433 classes, 1019 ordres, 2805 familles, 11446 genres, 61700 espèces et 387 sous-espèces (www.ncbi.nlm.nih.gov).

Les neuf séquences sont introduits dans EzTaxon pour les classer selon leur pourcentages de similarité avec une espèce de référence (*S. goodfellowii* dans notre cas). La base de données traduit les séquences en tableau de similarité, et qui montre les distances évolutives entre les espèces.

Par les étapes suivantes :

- Via la plateforme suivante (www.ezbiocloud.net/).

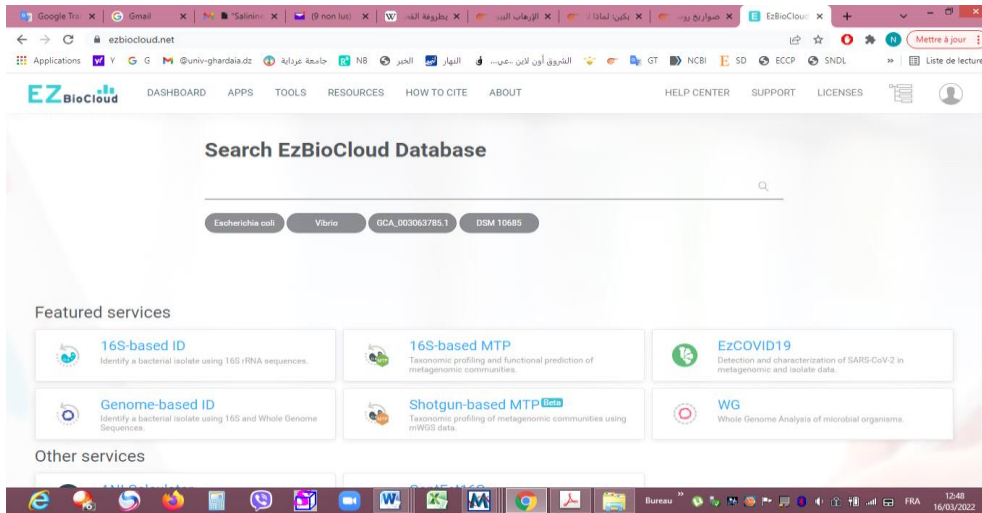


Figure 11: La base de données EzTaxon.

- Mettre un nom à la séquence analysée.
- Introduire la séquence nucléotidique d'ARNr 16S (format *FASTA*) par la séquence de l'espèce de référence *Salinispora goodfellowii*.

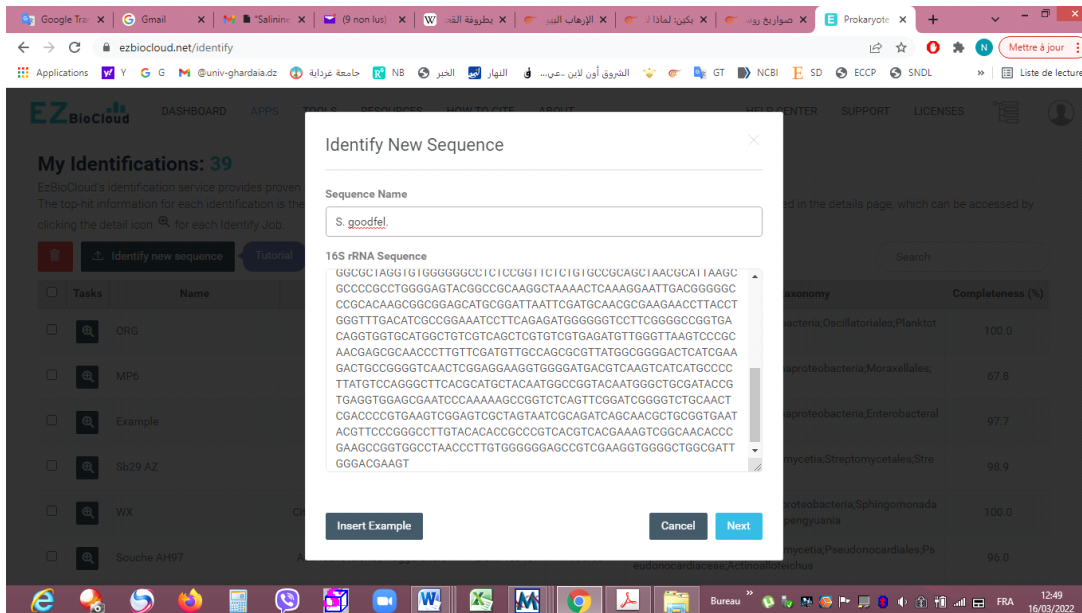


Figure 12: Copier-coller la séquence (à partir du site NCBI).

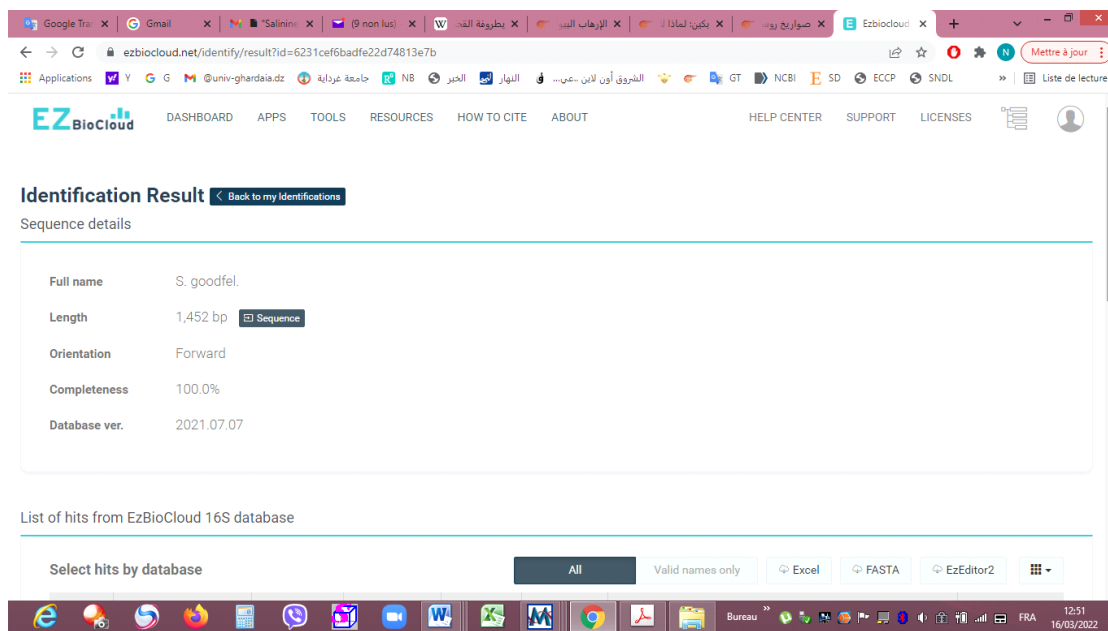


Figure 13: Résultat schématisé de l'identification.



***Résultats et
discussion***

Chapitre III : Résultats et discussion

III.1. Etude chimiotaxonomique

Les publications du *IJSEM* (*International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*), nous a permis de comparer d'une manière détaillée la chimiotaxonomie de neuf espèces du genre *Salinispora*. Grâce à cette étude chimiotaxonomique, nous avons obtenu les résultats suivants, qui reflètent la présence «+» et l'absence «-» de certains composés cellulaires mentionnés dans les tableaux suivants.

III.1.1. Sucres

Les sucres trouvés dans la paroi cellulaire de neuf espèces de *Salinispora* sont présentés dans le tableau suivant.

Tableau 8: Sucres caractéristiques de la paroi des espèces de *Salinispora*.

Espèce	Glucose	Galactose	Ribose	Arabinose	xylose
<i>S. goodfellowii</i> (Roman <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	+	+
<i>S. cortesiana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	-	+
<i>S. fenicalii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	-	+
<i>S. mooreana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	+	+
<i>S. oceanensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	+	+
<i>S. vitiensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	+	+
<i>S. arenicola</i> Roman (Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Luis <i>et al.</i> , 2005)	-/-	+/+	-/-	+/+	+/+
<i>S. tropica</i> Roman (Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Luis <i>et al.</i> , 2005)	-/-	+/+	-/-	+/+	+/+
<i>S. pacifica</i> Roman (Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013)	-/-	+/+	-/-	+/+	+/+
Fréquence	6/9	9/9	6/9	7/9	9/9
	66,67%	100%	66,67%	77,78%	100%

A travers les articles publiés, nous avons remarqué qu'il existe deux types de sucres (galactose et xylose) chez toutes les espèces de *Salinispora* étudiées c'est-à-dire deux biomarqueurs glucidiques existent pour ce genre. En revanche, nous avons observé la présence d'autres sucres (glucose, ribose et arabinose) dans la moitié des espèces étudiées.

III.1.2. Phospholipide

La composition de la membrane des espèces étudiées en phospholipides est représentée dans le tableau 08.

Tableau 9: Phospholipides caractéristiques de la membrane des neuf espèces.

Espèce	PI	DPG	PE	PG	PIM	PME	GL3	GL2	GL1
<i>S. goodfellowii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	-	+	-	+	-	+
<i>S. cortesiana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	+	+	-	-	-	+
<i>S. fenicalii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	+	+	-	+	+	+
<i>S. mooreana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	+	+	-	-	-	+
<i>S. oceanensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	-	+	-	-	+	+
<i>S. vitiensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	+	+	+	-	+	-	+	-	+
<i>S. arenicola</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Luis <i>et al.</i> , 2005)	+/+	+/+	+/+	+/+	-/-	-/-	-/-	-/-	-/-
<i>S. tropica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Luis <i>et al.</i> , 2005)	+/+	+/+	+/+	+/+	-/-	-/-	-/-	-/-	-/-
<i>S. pacifica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013)	+/+	+/+	+/+	+/+	+/-	+/+	-/-	-/-	-/-
Fréquence	9/9	9/9	9/9	6/9	7/9	1/9	3/9	2/9	6/9
	100 %	100 %	100 %	66,67 %	77,78 %	11,11 %	33,33 %	22,22 %	66,67 %

PE : phosphatidyléthanolamine; **PI** : phosphatidylinositol; **glucosamine**; **PG** : phosphatidylglycérol; **PIM** : phosphatidylinositol-mannoside; **DPG** : diphosphatidylglycerol; **GL** : glycolipides; **PME** : phosphatidylmonométhyl-éthanolamine.

Le profil phospholipidique du genre *Salinispora* est caractérisé principalement par la présence de phosphatidyléthanolamine (PE), phosphatidylglycérol (PG), diphosphatidylglycerol (DPG), phosphatidylinositol (PI), phosphatidylinositolmannosides (PME), phosphatidylinositol-mannoside (PIM), et des lipides non identifiés (GL).

En revanche, les publications du genre *Salinispora* ont montré la présence de trois phospholipides caractéristiques comme biomarqueurs: phosphatidylinositol (PI), diphosphatidylglycerol (DPG), et phosphatidyléthanolamine (PE) chez toutes les espèces du genre *Salinispora* étudiées, et l'absence, chez certaines espèces, de phospholipides caractéristiques du genre comme le phosphatidylglycérol (PG), phosphatidylinositol-mannoside (PIM), etc.

III.1.3. Acides gras

En ce qui concerne la composition cellulaire en acides gras, nous avons constaté qu'il existe une différence entre les espèces, comme indiqué dans le tableau suivant.

Tableau 10 : Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire (en %) des espèces étudiées.

Espèce	C ₁₅ :0	C ₁₆ :0	C ₁₇ :0	C ₁₈ :0	C ₁₉ :0
<i>S. goodfellowii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	3,4	-	12,5	-	-
<i>S. cortesiana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	9,0	-	4,0
<i>S. fenicalii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	2,7	2,9	11,8	2,9	-
<i>S. mooreana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	5,5	2,1	-
<i>S. oceanensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	7,0	-	13,0	-	-
<i>S. vitiensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	2,1	-	11,1	3,2	-
<i>S. arenicola</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013) (Maldonado <i>et al.</i> , 2005)	-/-	-/0,6	-/4,1	-/0,6	-/-/-
<i>S. tropica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013) (Maldonado <i>et al.</i> , 2005)	-/-	-/0,7	9,9/7,8	3,7/0,5	-/-/-
<i>S. pacifica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013)	4,4/-	-/6,0	-/13,9	-/3,8	-/-
Fréquence	5/9 55,56%	4/9 44,44%	9/9 100%	6/9 66,67%	1/9 11,11%

Tableau 11 : Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire (en %) des espèces étudiées (suite).

Espèce	Ante-iso-C _{17:0}	C _{16:0} 9-méthyl	C _{17:0} 10-méthyl	C _{18:0} 10-méthyl (TBSA)	iso-C _{14:0}
<i>S. goodfellowii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	6,9	-	-	-	-
<i>S. cortesiana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	10,1	5,3	7,8	2,2	-
<i>S. fenicalii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	7,0	3,5	-	-	-
<i>S. mooreana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	5,8	7,2	5,1	-	-
<i>S. oceanensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	3,4	-	6,1	-	-
<i>S. vitiensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	4,8	-	8,5	5,7	-
<i>S. arenicola</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	2,9/4,9/-	4,8/-/-	7,2/5,3/-	2,6/0,9/ 2,7	-/1,6/-
<i>S. tropica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	2,15/4,2/-	-/-/-	2,2/4.6/-	-/6,8/ 1,7	-/1,3/-
<i>S. pacifica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	8,4/2,6	4,6/-	2,9/5,3	-/-	-/2,9
Fréquence	9/9 100%	5/9 55,56%	7/9 77,78%	4/9 44.44%	3/9 33,33%

Tableau 12: Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées (suite).

Espèce	iso-C _{15:0}	iso-C _{16:0}	iso-C _{16:1} H	iso-C _{17:0}	iso-C _{18:0}
<i>S. goodfellowii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	11,5	21,1	-	3,0	-
<i>S. cortesiana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	7,9	15,3	-	14,9	-
<i>S. fenicalii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	16,2	12,3	-	8,5	-
<i>S. mooreana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	12,5	21,1	-	13,3	-
<i>S. oceanensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	11,0	26,6	-	3,3	-
<i>S. vitiensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	9,8	23,8	-	5,3	-
<i>S. arenicola</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	8,9/3,7/8,5	44,8/36,4/36,4	-/6,5/-	5,1/1,8/-	-/-/3,5
<i>S. tropica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	5,9/13,3/6,4	49,8/53,5/53,5	-/9,6/-	3,6/0,9/-	2,4/-/10,2
<i>S. pacifica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	12,1/9,7	15,6/22,5	-/-/	8,6/2,3	2,2/-

Ponce <i>et al.</i> , 2020)					
Fréquence	9/9 100%	9/9 100%	2/9 22,22%	9/9 100%	3/9 33,33%

Tableau 13 : Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées (suite).

Espèce	Lipide non identifié	C17:1 $\omega 8c$
<i>S. goodfellowii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-
<i>S. cortesiana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	5,3	-
<i>S. fenicalii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	2,2	-
<i>S. mooreana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	2,8	-
<i>S. oceanensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-
<i>S. vitiensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	3,5	-
<i>S. arenicola</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013) (Maldonado <i>et al.</i> , 2005)	0,50/0,5/8,9	-/4,4/-
<i>S. tropica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013) (Maldonado <i>et al.</i> , 2005)	-/-/8,8	-/4,1/-
<i>S. pacifica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013)	3,4/3,9/-	-/16,6
Fréquence	7/9 77,78%	3/9 33,33%

Tableau 14: Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées (présence/absence).

Espèce	C _{19:1} $\omega 11c$	C _{19:1} $\omega 9c$	Ante-iso-C _{15:0}	Cis-C _{18:1} 9	Cis-C _{17:1} 9
<i>S. goodfellowii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	9,6	3,0	16,7
<i>S. cortesiana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	-	3,9
<i>S. fenicalii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	4,1	7,0	11,4
<i>S. mooreana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	3,0	4,7
<i>S. oceanensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	-	9,8
<i>S. vitiensis</i> (Roman	-	-	2,4	4,3	6,8

Ponce <i>et al.</i> , 2020)					
<i>S. arenicola</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013)	-/+/-	-/+/-	-/1,6/-	-/-/-	-/-
<i>S. tropica</i> Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013)	-/+/-	-/+/-	-/1,6/-	-/-/-	3,1/-
<i>S. pacifica</i> Roman (Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013)	-/+	-/+	2,5/2,6	4,4/-	-/-
Fréquence	3/9 33,33%	3/9 33,33%	6/9 66,67%	5/9 55,56%	7/9 77,78%

Tableau 15: Acides gras caractéristiques de la composition cellulaire des espèces étudiées (présence/absence).

Espèce	iso-C _{17:1} $\omega 8c$	iso-C _{17:1} $\omega 9c$	Cométhyl C _{16:0}	C _{16:1} 2-OH	Iso-C _{18:0} 10- méthyl
<i>S. goodfellowii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	-	-
<i>S. cortesiana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	2,29	-
<i>S. fenicalii</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	-	-
<i>S. mooreana</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	-	-
<i>S. oceanensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020)	-	-	-	-	-
<i>S. vitiensis</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013)	-	-	-	-	-
<i>S. arenicola</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013)	-/4,4	-/+/-	-/+/-	6,5/-/-	2,9/-/-
<i>S. tropica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013)	-/4,1	-/+/-	-/+/-	-/-/-	-/-/-
<i>S. pacifica</i> (Roman Ponce <i>et al.</i> , 2020) (Ahmed <i>et al.</i> , 2013)	-/16,6	-/+	-/+	-/-	-/-
Fréquence	3/9 33,33%	3/9 33,33%	3/9 33,33%	2/9 22,22%	1/9 11,11%

III.2. Résultats de calculs de similarité (à la base de coefficient de Jaccard et de Kulczynski)

Après les calculs réalisés sur l'utilisation de coefficient de Jaccard et Kulczynski, les résultats obtenus sont résumés au niveau des tableaux 16 et 17.

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 Jaccard-Sneath $J = M_{11} / (M_{11} + M_{01} + M_{10})$	Pourcentage
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. goodfellowii</i>	20	0	0	21	20/20=1	100%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. cortesiana</i>	15	07	05	14	15/15+7+5=0,555	55,50%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. fenicalii</i>	19	06	01	15	19/19+6+1=0,7307	73,07%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. mooreana</i>	17	05	03	16	17/17+5+3=0,68	68,00%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. oceanensis</i>	17	02	03	19	17/17+2+3=0,7727	77,27%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. vitiensis</i>	20	04	00	17	20/20+4+0=0,8333	83,33%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. arenicola</i>	12	19	08	02	12/12+19+8=0,3076	30,76%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. tropica</i>	13	16	07	05	13/13+16+7=0,3611	36,11%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. pacifica</i>	15	18	05	03	15/15+18+5=0,3947	39,47%

Tableau 17: Pourcentages de similarité obtenus par l'indice de Kulczynski.

Paire des séquences	M ₁₁	M ₀₁	M ₁₀	M ₀₀	Coefficient (Similarité) De kulczynski = $(M_{11}/M_{11}+M_{01})+(M_{11}/M_{11}+M_{10})/2$	Pourcentage
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. goodfellowii</i>	20	0	0	21	(20/20)+(20/20)/2=1	100%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. cortesiana</i>	15	07	05	14	(15/15+7)+(15/15+5)/2 =0,7159	71,59%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. fenicalii</i>	19	06	01	15	(19/19+6)+(19/19+1)/2 =0,855	85,50%

<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. mooreana</i>	17	05	03	16	$(17/17+5)+(17/17+3)/2$ $=0,8113$	81,13%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. oceanensis</i>	17	02	03	19	$(17/17+2)+(17/17+3)/2$ $=0,8723$	87,23%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. vitiensis</i>	20	04	00	17	$(20/20+4)+(20/20)/2=0,$ 9166	91,66%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. arenicola</i>	12	19	08	02	$(12/12+19)+(12/12+8)/$ $2=0,4935$	49,35%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. tropica</i>	13	16	07	05	$(13/13+16)+(13/13+7)/$ $2=0,5491$	54,91%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. pacifica</i>	15	18	05	03	$(15/15+18)+(15/15+5)/$ $2=0,6022$	60,22%

Le dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) des espèces de *Salinispora* (à la base d'indice de *Jaccard*, en fonction de la présence et l'absence des caractères chimiotaxonomiques) a été réalisé par le logiciel *Past3*, le résultat est montré dans la figure 14.

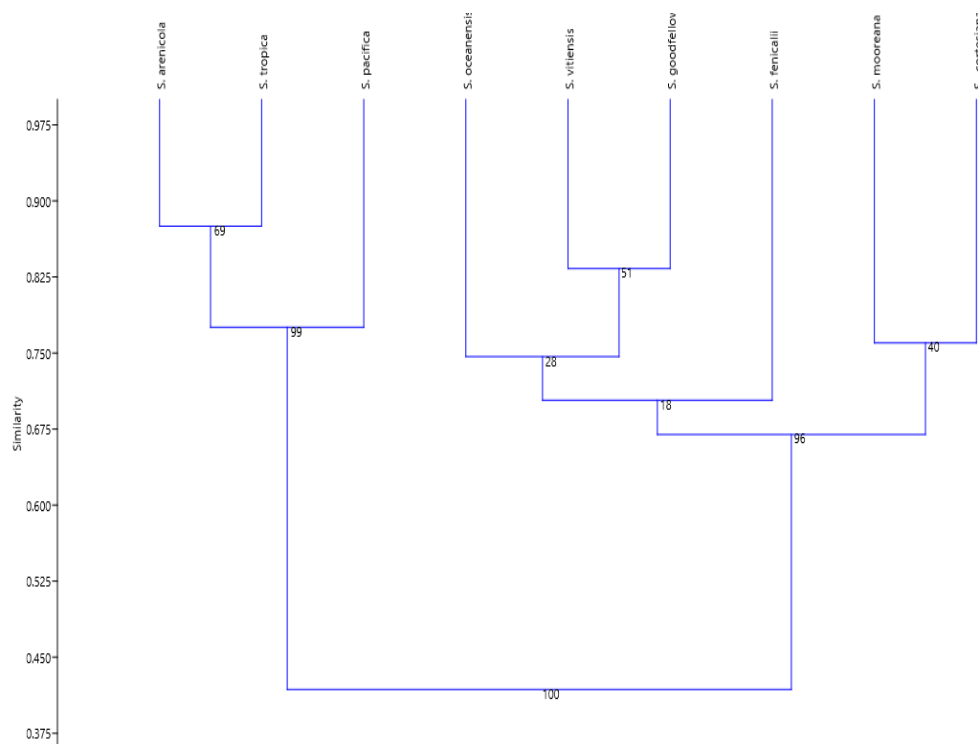


Figure 14: Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de *Salinispora* (à la base d'indice de *Jaccard*) en fonction des caractères chimiotaxonomiques (présence/absence).

Les résultats obtenus de la similarité ou de similitude (calculée à la base de l'indice de *Jaccard*) montrent que les espèces de *Salinispora* les plus proches par rapport à l'espèce considérée comme référence : *Salinispora goodfellowii* sont par ordre : *S. vitiensis* (83,33% de

similarité), *S. oceanensis* (77,27%), *S. fenicalii* (73,07%), *S. mooreana* (68,00%), *S. cortesiana* (55,5%), *S. pacifica* (39,47%), *S. tropica* (36,11%), et finalement *S. arenicola* (30,76%).

De plus, il y a 2ème dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) des espèces de *Salinispora* (à la base d'indice de *Kulczynski*, en fonction de la présence

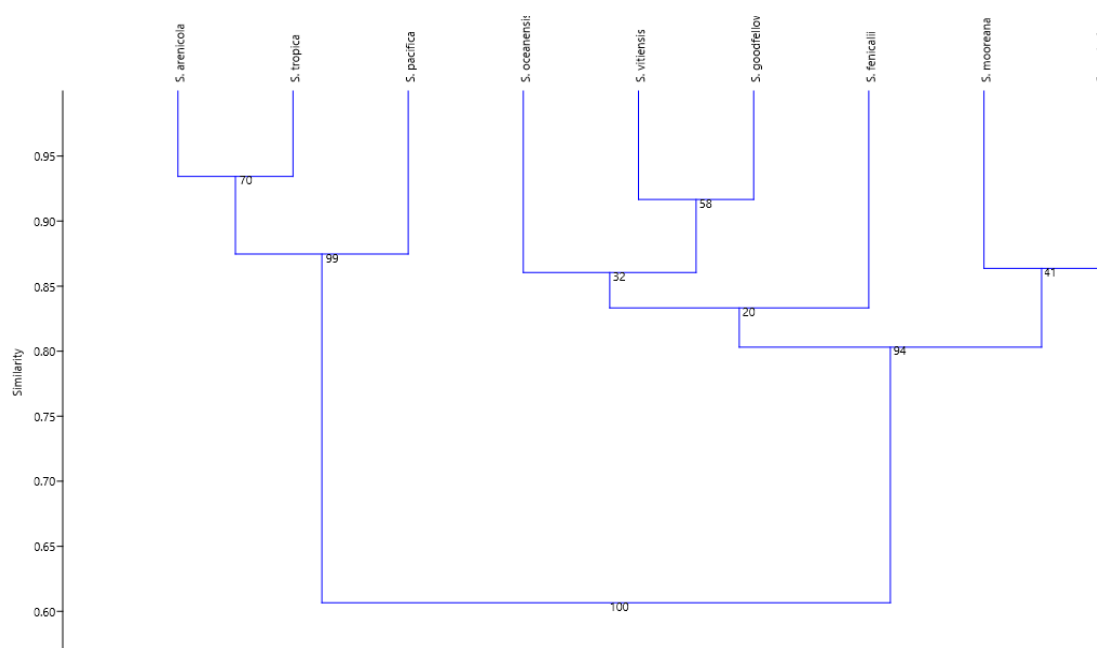


Figure 15: Dendrogramme de classification ascendante hiérarchique (CAH) représentant les distances évolutives entre les espèces de *Salinispora* (à la base d'indice de *Kulczynski*) en fonction des caractères chimiotaxonomiques (présence/absence).

Nous avons également obtenus les résultats basés sur le coefficient de *Kulczynski* qui montrent que les espèces de *Salinispora* les plus proches de l'espèce *S. goodfellowii* sont par ordre : *S. vitiensis* (91,66% de similarité), *S. oceanensis* (87,23%), *S. fenicalii* (85,5%), *S. mooreana* (81,13%), *S. cortesiana* (71,59%), *S. pacifica* (60,22%), *S. tropica* (54,91%), et finalement *S. arenicola* (49,35%).

III.3. Etude moléculaire

Le dendrogramme des espèces de *Salinispora* (à la base des séquences d'ARNr 16S) a été réalisé par le logiciel MEGA 3; la figure 16 montre les séquences nucléotidiques après l'alignement.

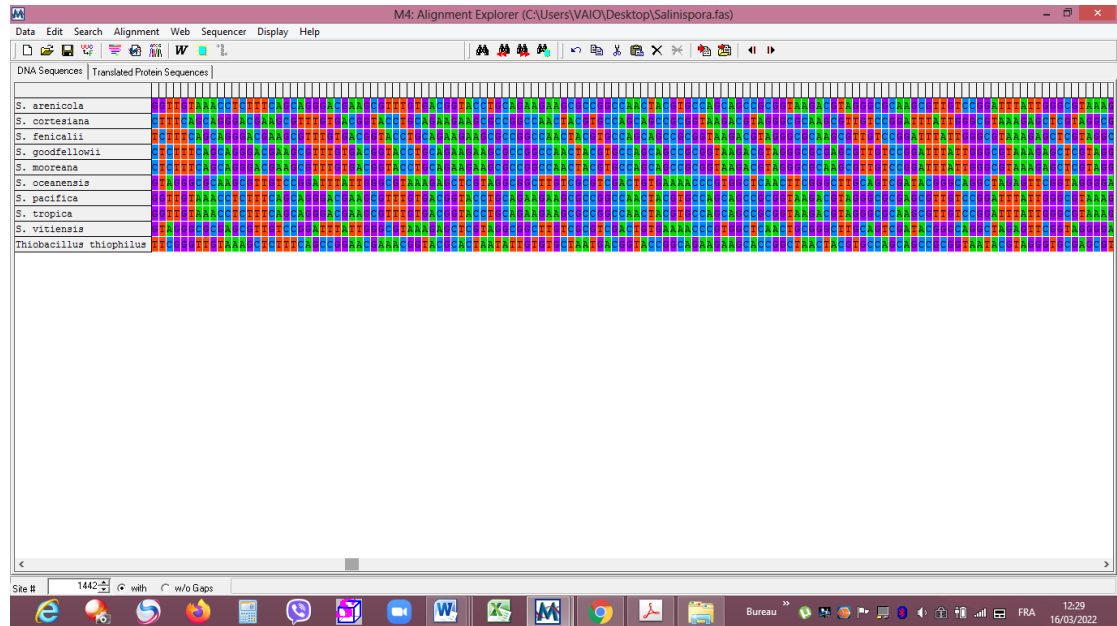


Figure 16: Séquences nucléotidiques après l'alignement des séquences d'ARNr 16S de neuf espèces de *Salinispora* (par le logiciel MEGA 3).

- Les dendrogrammes obtenu est présenté par la figure 17.

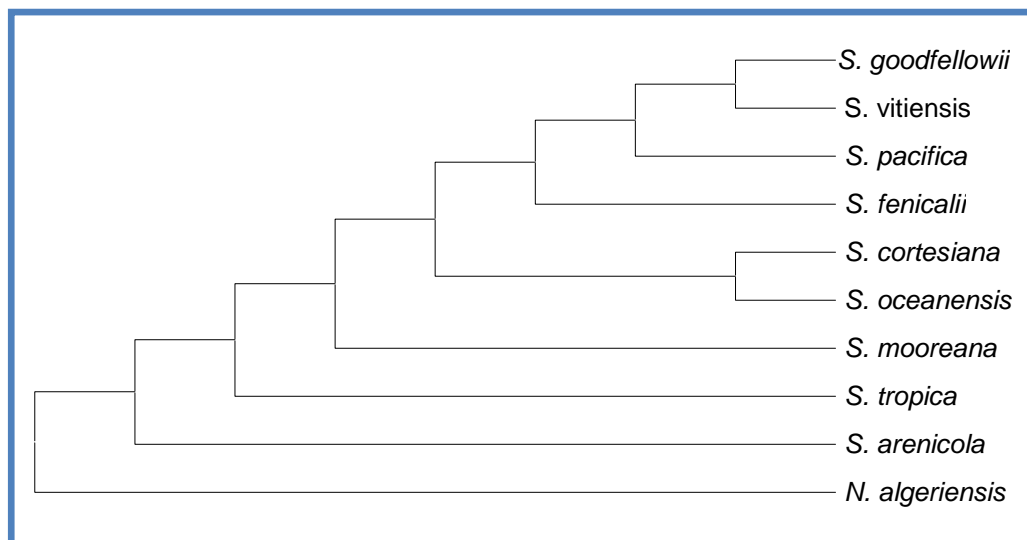


Figure 17: Dendrogramme représentant les distances évolutives entre les espèces par l'utilisation d'EzTaxon.

Le dendrogramme basé sur les séquences d'ARNr 16S montre que les espèces les plus proches par rapport à l'espèce *Salinispora goodfellowii* sont par ordre : *S. vitiensis*, *S. oceanensis*, *S. fenicalii*, *S. mooreana*, *S. cortesiana*, *S. pacifica*, *S. tropica*, et finalement *S. arenicola*.

Ces résultats ont été confirmés par la base de données EZbiocloud (EzTaxon), indiqué dans le tableau 18.

Tableau 18: Le degré de similarité entre *S. goodfellowii* et les autres espèces de *Salinispora*

Tasks	Hit taxon name	Hit strain name	Accession	Similarity	Variation ratio	Hit taxonomy	Completeness (%)
	<i>Salinispora goodfellowii</i>	CNY-666(T)	MH973617	100.00	0/1438	Bacteria;Actinobacteria;Actinomycetia;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Salinispora	100.0
	<i>Salinispora vitiensis</i>	CNT-148(T)	HQ642899	100.00	0/1327	Bacteria;Actinobacteria;Actinomycetia;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Salinispora	92.3
	<i>Salinispora pacifica</i>	CNR-114(T)	AZW00100085	99.86	2/1438	Bacteria;Actinobacteria;Actinomycetia;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Salinispora	100.0
	<i>Salinispora cortesiana</i>	CNY-202(T)	MH973616	99.86	2/1429	Bacteria;Actinobacteria;Actinomycetia;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Salinispora	99.4
	<i>Salinispora oceanensis</i>	CNT-138(T)	HQ642853	99.86	2/1429	Bacteria;Actinobacteria;Actinomycetia;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Salinispora	99.4
	<i>Salinispora fenicalii</i>	CNT-569(T)	MH973615	99.72	4/1430	Bacteria;Actinobacteria;Actinomycetia;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Salinispora	99.4
	<i>Salinispora mooreana</i>	CNT-150(T)	HQ642900	99.65	5/1431	Bacteria;Actinobacteria;Actinomycetia;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Salinispora	99.5
	<i>Salinispora tropica</i>	CNB-440(T)	CP000667	99.58	6/1438	Bacteria;Actinobacteria;Actinomycetia;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Salinispora	100.0
	<i>Salinispora arenicola</i>	CNH-643(T)	AY040619	99.24	11/1438	Bacteria;Actinobacteria;Actinomycetia;Micromonosporales;Micromonosporaceae;Salinispora	100.0

Les résultats obtenus par la base de données EZbiocloud (EzTaxon) donnent l'ordre de la similarité (degré de similitude), par rapport à l'espèce *S. goodfellowii* en pourcentage: *S. vitiensis* (100% de similarité), *S. pacifica* (99,86%), *S. cortesiana* (99,86%), *S. oceanensis* (99,86%), *S. fenicalii* (99,72%), *S. mooreana* (99,65%), *S. tropica* (99,58%) et finalement *S. arenicola* (96,24%).

Le tableau 19 montre la comparaison entre la similarité obtenue par les deux méthodes: l'étude chimiotaxonomique (basée sur la présence et l'absence des caractères chimiotaxonomiques) et l'étude moléculaire (basée sur les séquences de l'ARNr 16S).

Tableau 19: Comparaison de similarité entre l'étude chimiotaxonomique et l'étude moléculaire.

Relation par rapport à l'espèce <i>S. goodfellowii</i>	Etude chimiotaxonomique Par Coefficient de jaccard	Etude chimiotaxonomique Par Coefficient de Kulczynski	Etude moléculaire
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. goodfellowii</i>	100%	100%	100%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. cortesiana</i>	55,50%	71,59%	99,86%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. fenicalii</i>	73,07%	85,5%	99,72%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. mooreana</i>	68%	81,13%	99,65%

<i>S. mooreana</i>			
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. oceanensis</i>	77,27%	87,23%	99,86%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. vitiensis</i>	83,33%	91,66%	100%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. arenicola</i>	30,76%	49,35%	99,24%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. tropica</i>	36,11%	54,91%	99,58%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. pacifica</i>	39,47%	60,22%	99,86%
Ordre de similarité	G/GVOFMCPTA	G/GVOFMCPTA	G/GVCOPFMTA

G : *S. goodfellowii*; **V** : *S. vitiensis*; **O** : *S. oceanensis*; **F** : *S. fenicalii*; **M** : *S. mooreana*; **C** : *S. cortesiana*; **P** : *S. pacifica*; **T** : *S. tropica*; **A** : *S. arenicola*.

La comparaison entre les deux méthodes montre que l'ordre de similarité est le même pour les premières six espèces (*S. goodfellowii*, *S. vitiensis*, *S. pacifica*, *S. cortesian*, *S. oceanensis* et *S. fenicalii*) en revanche l'ordre des trois dernières espèces (*S. mooreana*, *S. tropica* et *S. arenicola*) est inversé.

Ce résultat indique qu'il est possible, généralement, de déterminer les espèces les plus proches par rapport à une espèce donnée, en utilisant l'indice de *Jaccard* et *Kulczynski*, dans le cadre de planifier par exemple l'hybridation ADN-ADN. Autrement dit, il est possible, même sans séquencer le gène ARNr 16S, d'avoir une idée globale sur les espèces les plus proches par rapport à l'espèce étudiée.

Il est important d'indiquer que l'ordre de similarité n'est pas forcément le même à 100% entre les deux méthodes. La nature de chaque genre est unique, l'étude moléculaire est basée sur un seul gène du génome bactérien (l'ARNr 16S); en revanche, l'étude chimiotaxonomique est basée sur les résultats d'expression d'un ensemble important de gènes (gènes de biosynthèses de sucres, d'acides aminés, de phospholipides, de ménaquinones et d'acides gras).

En ce qui concerne les composés biologiques cellulaires, c'est-à-dire l'étude chimiotaxonomique, nous avons remarqué qu'un certains nombres de molécules comme le galactose, xylose, phosphatidylinositol, phosphatidyléthalamine, diphosphatidylglycerol, iso-C15:0, iso-C16:0, iso-C17:0 sont présentes chez toutes les espèces de *Salinispora* étudiées (un pourcentage de présence de 100%). Il est possible de considérer ces constituants comme des marqueurs biologiques (biomarqueurs) qui caractérisent les espèces du genre *Salinispora*.

L'étude chimiotaxonomique, à la base des coefficients de *Jaccard* et *kulczynski* montre que l'espèce *S. vitiensis* est la plus proche par rapport à l'espèce *S. goodfellowii*, par un

pourcentage de similarité égale à 83,33%, puis les espèces *S. vitiensis*, *S. oceanensis*, *S. fenicalii*, *S. mooreana*, *S. cortesiana*, *S. pacifica*, *S. tropica* et *S. arenicola* avec un pourcentage de 77,27%, 73,07%, 68%, 55,5%, 39,47%, 36,11, 30,76% et même pour coefficient de *Kulczynski* par ordre suivants 91,66%, 87,23%, 85,5%, 81,13%, 71,59%, 60,22%, 54,91%, 49,35%, respectivement.

Concernent Les études chimiotaxonomiques (basées sur l'indice de *Jaccard* et *kulczynski*) et les études moléculaires (basées sur les séquences d'ARNr 16S) ont donné des résultats presque identiques en termes d'ordre de similitude entre les espèces, de sorte que l'analyse chimiotaxonomique peut être envisagée lors de l'identification et de la classification des espèces du genre *Salinispora*; bien que les techniques moléculaires basées sur l'information génétique peut fournir des résultats plus précis et plus fiables pour déterminer la position taxonomique des espèces.



***Conclusion et
perspectives***

Conclusion

Le but de ce travail était de trouver des similitudes entre les espèces de *Salinispora* en se basant sur deux études dont l'une portait sur la détermination de la composition cytochimique (chimiotaxonomie), ce qui a permis d'identifier différents composants biochimiques, notamment : les sucres, les acides aminés et les acides gras.

La présence ou l'absence de ces composants cellulaires sont calculés sur la base d'un indice de similarité, le coefficient de *Jaccard* et *Kluczynski*, et d'un autre basé sur des études moléculaires de l'héritage génétique. La séquence exacte de l'ARNr 16S, qui est analysée à l'aide de la bioinformatique, est manipulée par des interventions de différents algorithmes et logiciels pour effectuer l'alignements multiples.

Les deux études réalisées nous ont amenés à conclure que des résultats quasiment identiques ont été obtenus, ils ont pu déduire des distances évolutives entre espèces et construire des arbres phylogénétiques, notamment pour déterminer que l'espèce la plus proche de *S. goodfellowii* est l'avoir. *S. vitiensis* au premier ordre, avec lequel ce dernier partage des caractéristiques avec une similitude égale à 83,33% et aussi par le deuxième indice égale 91,66% (études chimiotaxonomiques) et 100% (études moléculaires), tandis que les espèces les plus éloignées identifiées sont *S. arenicola*, *S. tropica* et *S. pacifica*.

L'étude chimiotaxonomique peut être prise en considération comme une base de classification des espèces, car ses informations fournies sur l'apparenté des espèces ne diffèrent pas à celles fournissent par l'étude moléculaire ce qui lui donne une valeur scientifique. De plus, cette étude de comparaison est réalisée *in silico*; sans oublier que les analyses moléculaires restent la méthode la plus précise et la plus efficace et rapide pour mieux établir la taxonomie hiérarchique des espèces bactériennes.

À l'issue de ce travail, nous émettons quelques réflexions et recommandations sous forme de perspectives pour améliorer les résultats obtenus :

- Focaliser la caractérisation phénotypique (l'étude chimiotaxonomique) sur plusieurs combinaisons, sucres uniquement, phospholipides uniquement, sucres combinés avec les phospholipides, phospholipides combinés avec les ménaquinones, etc.
- Élargir la caractérisation phénotypique vers d'autres indices de similarité comme l'indice de *Dice*, *Simple Matching*, *Kluczynski* etc.
- Élargir l'étude vers d'autres genres de la famille des *Micromonosporaceae*.



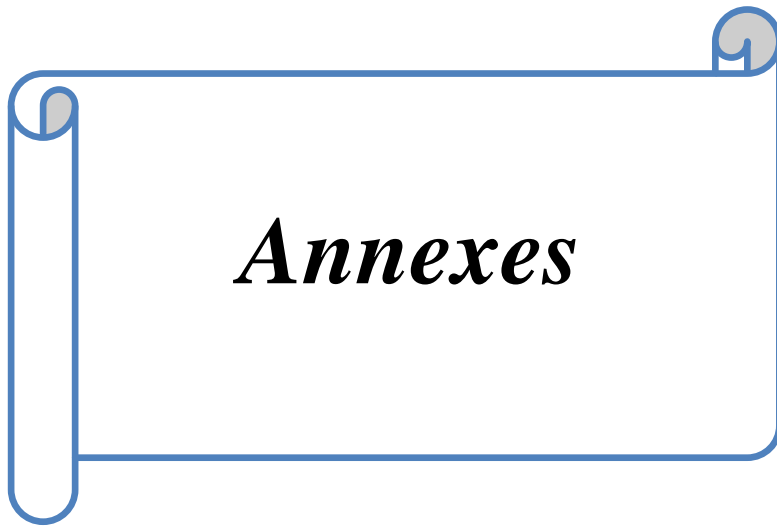
***Références
bibliographiques***

Références bibliographiques

1. **Ahmed, L., Jensen, P. R., Freel, K. C., Brown, R., Jones, A. L., Kim, B. Y., & Goodfellow, M. (2013).** *Salinispora pacifica* sp. nov., an actinomycete from marine sediments. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 103(5), 1069-1078.
2. **Belyagoubi, L. (2014).** antibiotiques produits par des bactéries (*actinomycètes et bactéries lactiques*) issus de différents écosystèmes naturels algériens. Thèse de doctorat. Université aboubakr Bellkaid – Tlemcen. Pp 14-17.
3. **Boudjelal-Bencheikh, F. (2012).** Taxonomie et antagonisme des actinomycètes halophiles d'origine saharienne et caractérisation des composés bioactifs sécrétés par *actinoallotechus* sp. AH97. Thèse de doctorat. Ecole Nationale Supérieure agronomique. p: 5-35.
4. **Cook A.E. and Meyers P.R. (2003).** - Rapid identification of filamentous actinomycetes to the genus level using genus-specific 16S rRNA gene restriction fragment patterns. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*., 53, 1907-1915.
5. criterion in the classification of aerobic actinomycetes in: *The Actinomycetales*. Prauser. H; Fisher Verlag. G., Jena, 311-316.
6. **Daane L.L., Harjono I., Zylstra G.J. and Hasgblom M.M. (2001).** - Isolation and characterization of polycyclic aromatic hydrocarbon-degrading bacteria associated with the rhizosphere of salt marsh plants. *Applied and Environmental Microbiology* .,67, 2683-2691.
7. **Dommergues Y. et Manganot F., (1970).** Ecologie microbienne du sol. Masson et Cie (Eds.),Paris. BOOKS.
8. **Ensign, J.C., Normand, P., Burden, J. P., & Yallop, C.A. (1993).** Physiology of some actinomycetes genera. *Research in Microbiology*, 144(8). 657-660.
9. **Garrity, G. M., Bell, J. A., & Lilburn, T. G. (2004).** Taxonomic outline of the prokaryotes. *Bergey's manual of systematic bacteriology*. Springer, New York, Berlin, Heidelberg (Eds).vol 4, p 401.
10. **Goodfellow M. and Williams S.T. (1983).** - Ecology of actinomycetes. *Annual Review of Microbiology*., 37, 189-216.
11. **Hamedi J., Mohammadipanah F., Von JM., Pötter G., Spröer C., Klenk HP., Kroppenstedt RM. (2010).** *Nocardiopsis sinuspersici* sp. nov., isolated from the sandy soil of Iran. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* ., 60:2346–2352.
12. **In: Goodfellow M, Ka'mpfer P, Busse H-J, Trujillo ME, Suzuki K-I, Ludwig W, Whitman WB (eds) Bergey's manual of systematic bacteriology, vol 5.** Springer, New York, Dordrecht, Heidelberg, London, pp 1302–1445.
13. **Jukes T.H. & Cantor C.R. (1969).** - Evolution of protein molecules. In: *Mammalian protein metabolism*. Munro H.N. (Ed.). Vol. 3. Academic Press New York pp. 21-132.
14. **Kelly KL., Judd DB. (1976).** Color Universal language and dictionary of names. National Bureau of Standards Special Publication 440.U.S. Department of Commerce, Washington D.C.

15. Kim OS., Cho YJ., Lee K., Yoon SH., Kim M., Na H., Park SC., Jeon YS., Lee JH., 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* ., 62:716–721.
16. Kroppenstedt RM. (1985). Fatty acid and menaquinone analysis of actinomycetes and related organisms. In: Chemical methods in bacterial systematics. Goodfellow M. and Minnikin DE., (Eds). Academic Press, London. pp. 173–199.
17. Kroppenstedt RM., Stackebrandt E., Goodfellow M. (1990). Taxonomic revision of the actinomycete genera *Actinomadura* and *Microtetraspora* *Systematic and Applied Microbiology*., 13:148–160.
18. Lechevalier M.P., De Bievre C., Lechevalier H.A. (1977). Chemotaxonomy of aerobic actinomycetes: phospholipid composition. *Biochemical Systematics and Ecology*., 5: 249–260. Lechevalier M.P.,
19. Lechevalier M.P., Lechevalier H.A., (1970a). Composition of whole cell hydrolysates as a
20. Lechevalier MP, de Bievre C, Lechevalier HA (1977) Chemotaxonomy of aerobic actinomycetes: phospholipid composition. *Biochemical Systematics and Ecology* 5:249–260.
21. Lechevalier MP, Lechevalier HA (1970) Chemical composition as a criterion in the classification of aerobic actinomycetes. *International Journal of Systematic Bacteriology* 34:435–444.
22. Lopez, P., Casane, D., & Philippe, H. (2002). Phylogénie et évolution moléculaires- Bio-informatique (5). *médecine/sciences*, 18(11), 1146-1154.
23. Maldonado, L. A., Fenical, W., Jensen, P. R., Kauffman, C. A., Mincer, T. J., Ward, A. C., & Goodfellow, M. (2005). *Salinispora arenicola* gen. nov., sp. nov. and *Salinispora atropica* sp. nov., obligate marine actinomycetes belonging to the family Micromonosporaceae. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 55(5), 1759-1766.
24. Meklat, F., (2012). Taxonomie et potentiel antagoniste des actinomycètes halophiles des sols sahariens et mise en évidence de nouvelles espèces d'actinopolyspora. Thèse de doctorat. École normale supérieure de kouba-Alger, 130 p.
25. Mincer, T. J., Jensen, P. R., Kauffman, C. A. & Fenical, W. (2002). Widespread and persistent populations of a major new marine actinomycete taxon in ocean sediments. *Applied and Environmental Microbiology Journal* 68, 5005–5011.
26. Minnikin DE., Hutchinson IG., Caldicott AB. (1980). Thin layer chromatography of methanolysates.
27. Minnikin DE., O'Donnell AG. (1984). Actinomycete envelope lipid and peptidoglycan composition. In: The Biology of the Actinomycetes. Goodfellow M., Mordarski M. and Williams S.T. (Eds). Academic Press. London. pp. 337–388.
28. of mycolic acid containing bacteria. *J Chromatgr.*, 188:224–233.

29. Prescott L.M., Harley J.P., Klein D.A. (2010). Microbiologie. De Boeck : Bruxelles. 2eme edition , p.1088
30. Román-Ponce, B., Millán-Aguñaga, N., Guillen-Matus, D., Chase, A. B., Ginigini, J. G., Soapi, K., & Trujillo, M. E. (2020). Six novel species of the obligate marine actinobacterium *Salinispora*, *Salinispora cortesiana* sp. nov., *Salinispora fenicalii* sp. nov., *Salinispora goodfellowii* sp. nov., *Salinispora mooreana* sp. nov., *Salinispora oceanensis* sp. nov. and *Salinispora vitiensis* sp. nov., and emended description of the genus *Salinispora*. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*, 70(8), 4668.
31. Song, J., Wean H.Y., Yoon S.H., Parrk D.S., GoS G., Suh J.w. (2001). Phylogenetic diversity of thermophilic actinomycetes and Thermoactinomycetes isolated from mushroom composts in Korea based on 16S RNA gene sequence analysis. *FEMS Microbiology Letters*, 202, 97-102.
32. Tamura K, Dudley J, Nei M & Kumar S (2007) MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molecular Biology and Evolution* 24:1596-1599.
33. Tang SK., Zhi XY., Wang Y., Shi R., Lou K., Xu LH., Li WJ. (2011). *Haloactinopolyspora albagena* sp. nov., a novel halophilic filamentous actinomycete isolated from a salt lake in China, 170 with proposal of *Jiangellaceae* fam. nov. and *Jiangellineae* subord. nov. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*., 61:194–200.
34. Felsenstein J. Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach *Journal of Molecular Evolution* 1981;17:368–376.
35. Vaddavalli R., Peddi S., Kothagauni SY., Begum Z., Gaddam B., Periketi M., Linga VR. (2014). *Saccharopolyspora indicasp.* nov., an actinomycete isolated from the rhizosphere of *Callistemon citrinus* (Curtis). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*., 64:1559–65.
36. Valanarasu M, Duraipandiyar V, Agastian P et Ignacimuthu S. (2008). Antimicrobial activity of *Streptomyces spp*ERI-26 recovered from Western Ghats of Tamil Nadu. *Medical Mycology Journal*. 18, 147-153.
37. Zermane, F. (2007). Etude des caractéristique culturelles des actinomyctes impliquées dans la bio dégradation de la cellulose, des substances pectiques et des composés organiques de synthèse, p. 33-38.



Annexes

Annexe I

Séquences d'ARNr 16S des neuf espèces de *Salinispora* étudiées**Name:** *Salinispora arenicola* Maldonado *et al.* 2005>*Salinispora_arenicola_CNH-643_AY040619*

AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGC
 GGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCC
 CCAGGCTTTGGGATAACCCCGGGAAACCGGGGCTAATACCGGATATGACCATCTGTCCGAT
 GGTGGGTGGTGGAAAGATTTTTGGCTTGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTG
 GGGTATGGCCTACCAAGGCGGCGAGCGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACTG
 GGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATCTTGCACAATGG
 GCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCT
 TTCAGCAGGGACGAAGCGTTTGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTG
 CCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAG
 CTCGTAGGCGGCTTGTGCGTCTGACTGTGAAAACCCGTGGCTCAACTGCGGGCTTGCAGTC
 GATACGGGCGAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATG
 CGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTG
 AGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACG
 TTGGGCGCTAGGTGTGGGGGGCCTCTCCGGTCTCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCGC
 CCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCCGACA
 AGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACAT
 CGCCGAAATCCTTCAGAGATGGGGGGTCTTCGGGGCCGGTGACAGGTGGTGCATGGCT
 GTCGTCAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCCG
 ATGTTGCCAGCGCGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAA
 GGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACGCATGCTACAATG
 GCCGGTACAGTGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGT
 TCGGATCGGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCCGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGC
 AACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCCGCGTCACGTCACGAAAGTCG
 GCAACACCCGAAGCCGGTGGCCTAACCTTGTGGGGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGC
 GATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGT

Name: *Salinispora cortesiana* Román-Ponce *et al.* 2020>*Salinispora_cortesiana_CNY-202_MH973616*

ATGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCT
 TCGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCCAGGCTTTGG
 GATAACCCCGGGAAACCGGGGCTAATACCGGATATGACTGGCTGCCGCATGGTGGTTGGT
 GGAAAGTTTTTCGGCTTGGGATGGACTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCC
 TACCAAGGCGGCGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGAC
 ACGGCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATCTTGCACAATGGGCGGAAGCCTG
 ATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGA
 CGAAGCGTTTGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGCCGC
 GGTAAGACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCCG
 CTTGTGCGCTGACTGTGAAAACCCGTGGCTCAACTGCGGGCTTGCAGTCGATACGGGCGAG
 GCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCA
 GGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAA
 GCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGGGCGCTA
 GGTGTGGGGGGCCTCTCCGGTCTCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGG
 GAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCGACAAGCGGCGGA
 GCATCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGCATCGCCGGAAT
 CCTTCAGAGATGGGGGTCCTTCGGGGCCGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTGCTGACTC
 GTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTTCGATGTTGCCAGC
 GCGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGA
 CGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTACGCATGCTACAATGGCCGGTACAAT
 GGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGGGG
 TCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCCGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGT
 GAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCCGCGTCACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGA
 AGCCGGTGGCCTAACCTTGTGGGGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGA

Name: *Salinispora fenicalii* Román-Ponce *et al.* 2020

>Salinispora_fenicalii_CNT-569_MH973615

ATGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCCCT
 TCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCTAGGCTTTGG
 GATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATACCGAATATGACTGGCTGCCGCATGGTGGTTGGT
 GGAAAGATTTTTTCGGCTTGGGATGGACTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGC
 CTACCAAGGCGGCGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGA
 CACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATCTTGCACAATGGGCGGAAGCCT
 GATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGG
 ACGAAGCGTTTGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGCCG
 CGGTAAGACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGGC
 GCTTGTGCGCTCGACTGTGAAAACCCGTGGCTCAACTGCGGGCTTGCACTGATACGGGCA
 GGCTAGAGTTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATC
 AGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCGGATACTGACGCTGAGGAGCGAA
 AGCGTGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAACGTTGGGCGCT
 AGGTGTGGGGGGCCTCTCCGGTTCTCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGG
 GGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGG
 AGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACATCGCCGGAA
 ATCCTTCAGAGATGGGGGGTCTTCGGGGCCGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGC
 TCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCGATGTTGCCA
 GCGCGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGAT
 GACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACGCATGCTACAATGGCCGGTACA
 ATGGGCTGCGATAACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGG
 GGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGC
 GGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAGTCGGCAACACC
 CGAAGCCGGTGGCCTAACCCTTGTGGGGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGA

Name: *Salinispora goodfellowii* Román-Ponce *et al.* 2020

>Salinispora_goodfellowii_CNY-666_MH973617

CATGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCC
 TTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCCAGGCTTTG
 GGATAACCCCGGAAACCGGGGCTAATACCGGATATTACTGGCTGCCGCATGGTGGTTGG
 TGGAAAGATTTTTTCGGCTTGGGATGGACTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGG
 CCTACCAAGGCGGCGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAG
 ACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATCTTGCACAATGGGCGGAAGCC
 TGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGG
 ACGAAGCGTTTGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACCTACGTGCCAGCAGCCG
 CGGTAAGACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGGC
 GCTTGTGCGCTCGACTGTGAAAACCCGTGGCTCAACTGCGGGCTTGCACTGATACGGGCA
 GGCTAGAGTTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATC
 AGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCGGATACTGACGCTGAGGAGCGAA
 AGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGGGCGCT
 AGGTGTGGGGGGCCTCTCCGGTTCTCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCCTGG
 GGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGGCCCGCACAAAGCGGCGG
 AGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACATCGCCGGAA
 ATCCTTCAGAGATGGGGGGTCTTCGGGGCCGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGC
 TCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCGATGTTGCCA
 GCGCGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGAT
 GACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACGCATGCTACAATGGCCGGTACA
 ATGGGCTGCGATAACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGG
 GGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGC
 GGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTACGTCACGAAAGTCGGCAACACC
 CGAAGCCGGTGGCCTAACCCTTGTGGGGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGATTGGGA
 CGAAGT

Name: *Salinispora mooreana* Román-Ponce *et al.* 2020

>Salinispora_mooreana_CNT-150_HQ642900

CATGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGAAAGGCC
 TTCGGGTTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCCAGGCTTTG
 GGATAACCCCGGGAAACCGGGGCTAATACCGGATATGACTGGCTGCCGCATGGTGGTTGG
 TGGAAAGATTTTTCGGCTTGGGATGGACTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGG
 CCTACCAAGGCGGCGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAG
 ACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATCTTGACAATGGGCGGAAGCC
 TGATGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAACCTCTTTCAGCAGGG
 ACGAAGCGTTTGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACACTACGTGCCAGCAGCCG
 CGGTAAGACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGGC
 GCTTGTGCGCTCGACTGTGAAAACCCGTGGCTCAACTGCGGGCTTGCACTCGATACGGGCA
 GGCTAGAGTTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATC
 AGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAA
 AGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGGGCGCT
 AGGTGTGGGGAGCCTCTCCGGTTCTCTGTGCCGACTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGG
 GGAGTAGGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCACAAGCGCGG
 AGCATGCGGATTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACATCGCCGGAA
 ATCCCCAGAGATGGGGGGTCTTCGGGGCCGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAG
 CTCGTGTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCCGAACGAGCGCAACCCCTGTTTCGATGTTGCC
 AGCGCGTTATGGCGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGA
 TGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACGCATGCTACAATGGCCGGTAC
 AATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCG
 GGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTG
 CGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGCAACAC
 CCGAAGCCGGTGGCCTAACCTTGTGGGGGGGAGCCGTCGAAGGTGGGGCTGGCGAT

Name: *Salinispora oceanensis* Román-Ponce *et al.* 2020

>Salinispora_oceanensis_CECT_9742_HQ642852

GGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCCAGGCTTTGGGATAACCCCGGGAAACCGGGGGC
 TAATACCGGATATGACTGGCTGCCGCATGGTGGTTGGTGGAAAGATTTTTTCGGCTTGGGAT
 GGACTCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGTAATGGCCTACCAAGGCGGCGACGGGTAG
 CGCGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGA
 GGCAGCAGTGGGGAATCTTGACAATGGGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCTGAGG
 GATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGACGAAGCGTTTGTGACGGTACCT
 GCAGAAGAAGCGCCGGCCAACACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAGGGCGCAAGC
 GTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGCTCGACTGTGAAAA
 CCCGTGGCTCAACTTCGGGCTTGACGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGA
 CTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAG
 GCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTA
 GATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGGGCCTCTCCGGTTC
 TCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAA
 CTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGACAAGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAA
 CGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGTACATCGCCGAAATCCTTCAGAGATGGGGGGTCTTC
 GGGGCCGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTGAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAG
 TCCCCAACGAGCGCAACCCTTGTTCGATGTTGCCAGCGGTTATGGCCGGGGACTCATCGA
 AGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTAT
 GTCCAGGGCTTCACGCATGCTACAATGGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGG
 AGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAG
 TCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGT
 CACACCGCCCGTCACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCTAACCTTGT
 G

Name: *Salinispora pacifica* Ahmed *et al.* 2014

>Salinispora_pacifica__CNR-114__DQ224161

AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGC
 GGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCC
 CTAGGCTTTGGGATAAACCCCGGGAAACCGGGGCTAATACCGGATATGACTGGCTGCCGCA
 TGGTGGTTGGTGGAAAGATTTTTTCGGCTTGGGATGGACTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGT
 GGGTAATGGCCTACCAAGGCGGCGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACAC
 TGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATCTTGCACAATG
 GGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTC
 TTTCAGCAGGGACGAAGCGTTTGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACTACGT
 GCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAGGGCGCGAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGA
 GCTCGTAGGCGGCTTGTGCGTTCGACTGTGAAAACCCGTGGCTCAACTGCGGGCTTGCAGT
 CGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAAT
 GCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCT
 GAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAAC
 GTTGGGCGCTAGGTGTGGGGGGCCTCTCCGGTTCTCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCG
 CCCCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCAC
 AAGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACA
 TCGCCGGAATCCTTCAGAGATGGGGGGTCCCTTCGGGGCCGGTGACAGGTGGTGCATGGC
 TGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTGTT
 GATGTTGCCAGCGCGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGA
 AGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACGCATGCTACAAT
 GGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAG
 TTCGGATCGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAG
 CAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTC
 GGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCTAACCTTGTGGGGGGAGCCGTGCAAGGTGGGGCTGG
 CGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGT

Name: *Salinispora tropica* Maldonado *et al.* 2005

>Salinispora_tropica__CNB-440__AY040617

AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGC
 GGAAAGGCCCTTCGGGGTACTCGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCC
 CCAGGCTTTGGGATAAACCCCGGGAAACCGGGGCTAATACCGGATATGACTGGCTGCCGCA
 TGGTGGTTGGTGGAAAGATTTTTTGGCTTGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGT
 GGGGTGATGGCCTACCAAGGCGGCGACGGGTAGCCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACAC
 TGGGACTGAGACACGGCCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTGGGGAATCTTGCACAATG
 GGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTC
 TTTCAGCAGGGACGAAGCGTTTGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCGCCGGCCAACTACGT
 GCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAGGGCGCAAGCGTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGA
 GCTCGTAGGCGGCTTGTGCGTTCGACTGTGAAAACCCGTGGCTCAACTGCGGGCTTGCAGT
 CGATACGGGCAGGCTAGAGTTCGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAAT
 GCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCT
 GAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAAC
 GTTGGGCGCTAGGTGTGGGGAGCCTCTCCGGTTCTCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCG
 CCCCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCAC
 AAGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGGTTTGACA
 TCGCCGGAATCCTTCAGAGATGGGGGGTCCCTTCGGGGCCGGTGACAGGTGGTGCATGGC
 TGTCGTCAGCTCGTGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCAGCAACGAGCGCAACCCTTGTT
 GATGTTGCCAGCGCGTTATGGCGGGGACTCATCGAAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGA
 AGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCCAGGGCTTCACGCATGCTACAAT
 GGCCGGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGGAGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAG
 TTCGGATCGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAGTCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAG
 CAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCGCCCGTCACGTACGAAAGTC
 GGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCTAACCTTGTGGGGGGAGCCGTGCAAGGTGGGGCTGG
 CGATTGGGACGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGT

Name: *Salinispora vitiensis* Román-Ponce *et al.* 2020

>Salinispora_vitiensis_CNT-148_HQ642899

GGGTGAGTAACACGTGAGTAACCTGCCCCAGGCTTTGGGATAACCCCGGGAACCGGGGC
 TAATACCGGATATTACTGGCTGCCGCATGGTGGTTGGTGAAAGATTTTTTCGGCTTGGGAT
 GGAATCGCGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAATGGCTACCAAGGCGGCGACGGGTAG
 CCGGCCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCCAGACTCCTACGGGA
 GGCAGCAGTGGGGAATCTTGACAATGGGCGGAAGCCTGATGCAGCGACGCCGCGTGAGG
 GATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTCAGCAGGGACGAAGCGTTTGTGACGGTACCT
 GCAGAAGAAGCGCCGGCCAACTACGTGCCAGCAGCCGCGGTAAGACGTAAGGCGCGGAGC
 GTTGTCCGGATTTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTTGTGCGGTCGACTGTGAAAA
 CCCGTGGCTCAACTGCGGGCTTGCAGTCGATACGGGCAGGCTAGAGTTCCGGTAGGGGAGA
 CTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAG
 GCGGGTCTCTGGGCCGATACTGACGCTGAGGAGCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTA
 GATACCCTGGTAGTCCACGCTGTAAACGTTGGGCGCTAGGTGTGGGGGGCCTCTCCGGTTC
 TCTGTGCCGAGCTAACGCATTAAGCGCCCCGCTGGGGAGTACGGCCGAAGGCTAAAA
 CTCAAAGGAATTGACGGGGCCCGCACAAAGCGGCGGAGCATGCGGATTAATTCGATGCAA
 CGCAAGAACCTTACCTGGGTTTGACATCGCCGGAATCCTTCAGAGATGGGGGGTCTTC
 GGGCCCGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAG
 TCCCGCAACGAGCGCAACCCTTGTTCGATGTTGCCAGCGGTTATGGCGGGGACTCATCGA
 AGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAGTCATCATGCCCTTAT
 GTCCAGGGCTTCACGCATGCTACAATGGCCGTACAATGGGCTGCGATACCGTGAGGTGG
 AGCGAATCCCAAAAAGCCGGTCTCAGTTCGGATCGGGGTCTGCAACTCGACCCCGTGAAG
 TCGGAGTCGCTAGTAATCGCAGATCAGCAACGCTGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTA
 CACACCGCCGTCACGTCACGAAAGTCGGCAACACCCGAAGCCGGTGGCCTAACCTTGT

Name: *Nocardiopsis algeriensis* Bouras *et al.* 2015

>Nocardiopsis_algeriensis_B32_KJ470139

TCAGGACGAACGCTGGCGGCGTGCTTAACACATGCAAGTCGAGCGGTAAGGCCCTTCGGG
 GTACACGAGCGGCGAACGGGTGAGTAACACGTGAGCAACCTGCCCTGACTCCGGGATAA
 GCGGCGGAAACGCCGTCTAATACCGGATACGACCTCCTGTCTCATGGCGGGGGGTGAAA
 GTTTTTTCGGTTGGGGATGGGCTCGCGGCCTATCAGCTTGTGGTGGGGTAACGGCTACC
 AAGGCGATTACGGGTAGCCGGCTGAGAGGGCGACCGGCCACACTGGGACTGAGACACGG
 CCCAGACTCCTGCGGGAGGCAGCAGTGGGGAATATTGCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGC
 AGCGACGCCGCGTGGGGGATGACGGCCTTCGGGTTGTAAACCTCTTTTACCACCAACGCAG
 GCTCCGGGTTCTCTCGGGTTGACGGTAGGTGGGGAATAAGGACCGGCTAACTACGTGCC
 AGCAGCCGCGTAATACGTAGGGTCCGAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCT
 CGTAGGCGGCATGTTGCGTCTGCTGTGAAAGACCGGGGCTTAACTCCGGTCTGCAGTGGA
 TACGGGCATGCTAGAGGTAGGTAGGGGAGACTGGAATTCCTGGTGTAGCGGTGAAATGCG
 CAGATATCAGGAGGAACACCGGTGGCGAAGGCGGGTCTCTGGGCCTTACCTGACGCTGAG
 GAGCGAAAGCATGGGGAGCGAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCATGCCGTAACGTT
 GGGCGTAGGTGTGGGACTTTCCACGTTTCCGCGCCGTAGCTAACGCATTAAGCGCCCC
 GCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGCTAAAACCTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGC
 GGCGGAGCATGTTGCTTAATTCGACGCAACGCGAAGAACCTTACCAAGGTTTGACATCACC
 CGTGGACCTGCAGAGATGTGGGGTCATTTAGTTGGCGGGTGACAGGTGGTGCATGGCTGTC
 GTCAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTGTTCCATG
 TTGCCAGCACGTAATGGTGGGGACTCATGGGAGACTGCCGGGGTCAACTCGGAGGAAGGT
 GGGGACGACGTCAAGTCATCATGCCCTTATGTCTTGGGCTGCAACATGCTACAATGGCC
 GGTACAATGGGCGTGCGATACCGCAAGGTGGAGCGAATCCCTAAAAGCCGGTCTCAGTTC
 GGATTGGGGTCTGCAACTCGACCCCATGAAGGTGGAGTCGCTAGTAATCGCGGATCAGCA
 ACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTACGTCATGAAAGTCGG
 CAACACCCGAAACTTGTGGCCTAACCTTCCGGGAGGGAGTGAGTGAAGGTGGGGCTGGC
 GATTGGGACGA

Annexe II

Pourcentages de similarité obtenus par l'indice de Jaccard

Paire des séquences	M ₁₁ a	M ₀₁ b	M ₁₀ C	M ₀₀ d	Coefficient (Similarité) de Jaccard-Sneath $J = M_{11} / (M_{11} + M_{01} + M_{10})$	Pourcentage
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. goodfellowii</i>	20	0	0	21	20/20=1	100%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. cortesiana</i>	15	07	05	14	15/15+7+5=0,555	55,5%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. fenicalii</i>	19	06	01	15	19/19+6+1=0,7307	73,07%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. mooreana</i>	17	05	03	16	17/17+5+3=0,68	68%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. oceanensis</i>	17	02	03	19	17/17+2+3= 0,7727	77,27%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. vitiensis</i>	20	04	00	17	20/20+4+0=0,8333	83,33%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. arenicola</i>	12	19	08	02	12/12+19+8=0,3076	30,76%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. tropica</i>	13	16	07	05	13/13+16+7=0,3611	36,11%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. pacifica</i>	15	18	05	03	15/15+18+5=0,3947	39,47%

Pourcentages de similarité obtenus par l'indice de *Kulczynski*

Paire des séquences	M₁₁ a	M₀₁ b	M₁₀ c	M₀₀ d	Coefficient (Similarité) de <i>KULCZYNSKI</i> $K = (M_{11} / M_{11} + M_{01}) + (M_{11} / M_{11} + M_{10}) / 2$	Pourcentage
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. goodfellowii</i>	20	0	0	21	$(20/20+20/20) / 2 = 1$	100%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. cortesiana</i>	15	07	05	14	$(15/22+15/20) / 2 = 0,715$	71,5%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. fenicalii</i>	19	06	01	15	$(19/25+19/20) / 2 = 0,855$	85,5%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. mooreana</i>	17	05	03	16	$(17/22+17/20) / 2 = 0,8113$	81,13%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. oceanensis</i>	17	02	03	19	$(17/19+17/20) / 2 = 0,8723$	87,23%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. vitiensis</i>	20	04	00	17	$(20/24+20/20) / 2 = 0,9166$	91,66%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. arenicola</i>	12	19	08	02	$(12/31+12/20) / 2 = 0,4935$	49,35%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. tropica</i>	13	16	07	05	$(13/29+13/20) / 2 = 0,5491$	54,91%
<i>S. goodfellowii</i> / <i>S. pacifica</i>	15	18	05	03	$(15/33+15/20) / 2 = 0,6022$	60,22%

Annexe III

Mesures de similarités calculées par PAST 3 reposant sur le coefficient de Jaccard

Similarity and d									
	S. goodfelli	S. cortesia	S. fenicali	S. moorean	S. oceanens	S. vitiensis	S. arenicola	S. tropica	S. pacifica
S. goodfelli	1	0,55555556	0,73076923	0,68	0,77272727	0,83333333	0,30769231	0,36111111	0,39473684
S. cortesia	0,55555556	1	0,62068966	0,76	0,64	0,64285714	0,47222222	0,5	0,44736842
S. fenicali	0,73076923	0,62068966	1	0,74074074	0,62962963	0,75	0,4	0,42105263	0,48717949
S. moorean	0,68	0,76	0,74074074	1	0,70833333	0,76923077	0,43243243	0,45714286	0,48648649
S. oceanens	0,77272727	0,64	0,62962963	0,70833333	1	0,72	0,31578947	0,37142857	0,36842105
S. vitiensis	0,83333333	0,64285714	0,75	0,76923077	0,72	1	0,41025641	0,43243243	0,46153846
S. arenicola	0,30769231	0,47222222	0,4	0,43243243	0,31578947	0,41025641	1	0,875	0,82857143
S. tropica	0,36111111	0,5	0,42105263	0,45714286	0,37142857	0,43243243	0,875	1	0,72222222
S. pacifica	0,39473684	0,44736842	0,48717949	0,48648649	0,36842105	0,46153846	0,82857143	0,72222222	1

Mesures de similarités calculées par PAST 3 reposant sur le coefficient de Kulczynski

Similarity and d									
	S. goodfelli	S. cortesia	S. fenicali	S. moorean	S. oceanens	S. vitiensis	S. arenicola	S. tropica	S. pacifica
S. goodfelli	1	0,71590909	0,855	0,81136364	0,87236842	0,91666667	0,49354839	0,54913793	0,60227273
S. cortesia	0,71590909	1	0,76909091	0,86363636	0,784689	0,78409091	0,66055718	0,67946708	0,64393939
S. fenicali	0,855	0,76909091	1	0,85454545	0,78736842	0,8575	0,57806452	0,59586207	0,66787879
S. moorean	0,81136364	0,86363636	0,85454545	1	0,83373206	0,87121212	0,62170088	0,63949843	0,68181818
S. oceanens	0,87236842	0,784689	0,78736842	0,83373206	1	0,84868421	0,50933786	0,56624319	0,58054226
S. vitiensis	0,91666667	0,78409091	0,8575	0,87121212	0,84868421	1	0,59139785	0,6091954	0,64772727
S. arenicola	0,49354839	0,66055718	0,57806452	0,62170088	0,50933786	0,59139785	1	0,93437152	0,90713587
S. tropica	0,54913793	0,67946708	0,59586207	0,63949843	0,56624319	0,6091954	0,93437152	1	0,84221526
S. pacifica	0,60227273	0,64393939	0,66787879	0,68181818	0,58054226	0,64772727	0,90713587	0,84221526	1