



Université Mohamed Khider de Biskra
Faculté des Sciences Exactes et Sciences de la Nature et de la Vie
Département des Sciences de la Nature et de la Vie
Filière : Sciences Biologiques

Réf. : / 2023

MÉMOIRE DE MASTER

Spécialité : Microbiologie appliquée

Présenté et soutenu par :
BARKAT Halima Saadia & BRIK Maroua

Le : Dimanche 18 juin 2023

Thème

**Application des approches
bioinformatiques pour l'interprétation
de l'arbre phylogénétique, Modèle :
*Bifidobacterium***

Jury :

Mme	BELLEBCIR Leila	MAA	Université de Biskra	Président
Mr	MOUSSI Abdelhamid	Pr	Université de Biskra	Rapporteur
Mme	BENGUERAICHI Fatiha	MAA	Université de Biskra	Examineur

Année universitaire : 2022/2023

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

Remerciements

Tout travail ne peut être réalisé sans l'aide de Dieu le plus puissant. Alors, et en premier lieu, on remercie notre créateur qui nous a donné la force et la santé pour en être la aujourd'hui.

*Nous tenons à saisir cette occasion et adresser nos profonds remerciements et nos profondes reconnaissances à :
Notre encadrant de ce mémoire monsieur le **Pr MOUSSI Abdelhamid** professeur à l'Université de Mohamed Khider Biskra, que nous tenant à remercier sincèrement, son précieux conseil et son aide durant toute la période du travail, et sans qui ce mémoire n'aurait jamais vu le jour.*

*Nous remercions par ailleurs les **membres du jury**, président et examinateur, de nous avoir fait l'honneur de présider et de juger notre travail.*

À tous les professeurs de la spécialité microbiologie, qui nous ont enseigné et qui par leurs compétences nous ont soutenu dans la poursuite de nos études.

*A mes collègues **Achouak** et **Rania** et **Mr. BEN DAHMANE Abdelhafedh**, qui ont eu l'amabilité et de répondre à nos questions et nous aider.*

A nos familles et nos amis qui par leurs Doua'a et leurs encouragements, on a pu surmonter tous les obstacles.

Ainsi toute personne qui a participé de près ou de loin à l'exécution de ce modeste travail.

Merci à tous et à toutes

Dédicace

Avec l'expression de ma reconnaissance, je dédie ce modeste travail à ceux qui, quels que soient les termes embrassés, je n'arriverais jamais à leur exprimer mon amour sincère.

A ma très cher mère Horia

Tu m'as donné la vie, la tendresse et le courage pour réussir tout ce que je peux t'offrir ne pourra exprimer l'amour et la reconnaissance que je te porte, Que ce modeste travail soit l'exaucement de vos vœux, le fruit de vos innombrables sacrifices. Puisse Dieu, le Très Haut, vous accorder santé, bonheur et longue vie.

A Mon très cher père Omar

Qui m'a aidé à devenir ce que je suis aujourd'hui, que dieu le garde et le protège.

A ma nièce Sofia

Qui sait toujours comment procurer la joie et le bonheur pour toute la famille.

A mes adorables sœurs

Bailasan, Basmala, Nada, Rofaïda, Selma.

À ma chère grande mère Zoubaïda

Que Dieu te donne une longue et joyeuse vie

Tous mes amis et spécialement

Hanine, Assma

A ma chère binôme Maroua

Pour sa patience et sa sympathie. Notre collaboration a été un réel plaisir.

Alhamdulillah qui nous a donné la force et le courage pour terminer ce travail

Halima

Dédicace

Avec l'aide de Dieu, j'ai pu réaliser ce modeste travail que je dédie.

Mon père, qui peut être fier et trouver ici le résultat de longues années de sacrifices et de privations pour m'aider à avancer dans la vie.

Ma mère, qui a œuvré pour ma réussite, de son amour, son Soutien, tous les sacrifices consentis et ses précieux conseils,

Pour toute son assistance et sa présence dans ma vie.

Mes adorables soeurs : Rania, Alaaatra, Anfale, Zaineb, Douaa.

Mes chers frères : Abde El Ouahab, Abde Raouf.

À toute ma famille.

A binôme Halima à qui je souhaite une vie plienne de bonheur et succès.

*À ceux qui m'ont encouragé et soutenu dans les moments difficiles :
Ilham, Rayhane, Fatima, Bouthaina, Amani, Dahbia, Feriel.*

Tous ceux qui m'aiment et que j'aime.

Maroua

Table des matières

Liste des tableaux	I
Liste des figures	II
Liste des abréviations	III
Introduction	1
Première partie : Synthèse bibliographique	
Chapitre 01 : Généralités sur <i>Bifidobacterium</i>	
1.1. Historique et taxonomie.....	3
1.2. Caractères généraux.....	4
1.3. Ecologie	5
1.4. Effets bénéfiques de <i>Bifidobacterium</i>	7
Chapitre 02 : Etude phylogénétique	
1.1. Définition de la phylogénie.....	8
1.2. Phylogénie moléculaire	8
1.3. Définition d'arbre phylogénétique.....	8
1.4. Propriétés des arbres phylogénétiques.....	8
1.5. Différentes représentations graphiques pour les arbres	11
1.6. Construction de l'arbre phylogénétique	12
1.6.1. Méthode basée sur la distance.....	12
1.6.2. Méthode basée sur les caractères.....	12
1.7. Phylogénie du genre <i>Bifidobacterium</i> :	12
Chapitre 03 : Approches de délimitation des espèces	
1.1. Définition de délimitation des espèces	13
1.2. Méthodes de délimitation	13
1.2.1. Modèle Assemble Species Automatic Partitioning ASAP	14
1.2.2. Modèle General Mixed Yule Coalescent GMYC.....	14
1.2.3. Modèle Automatic Barcoding Gap Discovery ABGD.....	14
1.2.4. Modèle Bayesian Poisson Tree Processes bPTP	14
1.2.5. Modèle multi-rate Poisson Tree Processes mPTP	15

Deuxième partie :Partie expérimentale**Chapitre 04: Méthodologie**

1.1.	Source des séquences	16
1.1.1.	GenBank	16
1.2.	BLASTn.....	18
1.3.	Marqueurs ARNr 16S.....	21
1.4.	Alignement multiple des séquences	21
1.5.	Nettoyage des séquences.....	23
1.6.	Construction de l'arbre phylogénétique	23
1.6.1.	MrBayes	23
1.6.2.	Visualisation de l'arbre.....	24
1.7.	Délimitation des espèces.....	24
1.7.1.	ASAP (Assemble Species by Automatic Partitioning).....	25
1.7.2.	ABGD (Automatic Barcode Gap Discovery)	25
1.7.3.	mPTP (modèle multi-rate Poisson Processes).....	26
1.7.4.	bPTP (Bayesian Poisson Tree Processes).....	27

Chapitre 05 : Résultats et discussion

1.1.	Résultats et discussion	29
	Conclusion	38
	Bibliographie	39

Annexes

Liste des tableaux

Tableau 01. Habitats et références des espèces du genre <i>Bifidobacterium</i> .	6
Tableau 02. Nombre de séquences téléchargées par espèces.	19
Tableau 03. Résultat de multi-rate Poisson Tree Processes-mPTP.	34

Liste des figures

Figure 01. Observation au microscope électronique des cellules de <i>Bifidobacterium sp</i>	4
Figure 02. Exemple d'un arbre phylogénétique.	9
Figure 03. Différents groupes d'arbre phylogénétiques.	10
Figure 04. Différents arbres phylogénétiques: arbre enraciné, arbre non enraciné.....	11
Figure 05. Interface du Genbank.	17
Figure 06. Fichier format Fasta.	17
Figure 07. Interface de logiciel MEGA 11 pour l'alignement multiple des séquences.	22
Figure 08. Interface de la plateforme NG-phylogeny.	24
Figure 09. Interface de plateforme ASAP.	25
Figure 10. Interface de plateforme ABGD.	26
Figure 11. Interface de plateforme mPTP.	26
Figure 12. Interface de plateforme bPTP.	27
Figure 13. Affichage d'alignement multiple des séquences de <i>Bifidobacterium</i> par le logiciel MEGA	29
Figure 14. Résultats de l'analyse de délimitation des espèces de <i>Bifidobacterium</i> sur l'arbre phylogénétique par inférence Bayésienne. Les barres de couleur à droite de chaque clade correspondent aux résultats des analyses de délimitation des espèces basées sur: ASAP et ABGD, bPTP et mPTP.	31

Liste des abréviations

ABGD: Automatic Barcoding Gap Discovery

ASAP: Assemble Species by Automatic Partitioning

BLAST: Basic Local Alignment Search Tool

bPTP: Bayesian Poisson Tree Processes

GMYC: General Mixed Yule Coalescent

MEGA: Molecular Evolutionary Genetics Analysis

mPTP: Multirate Model the Poisson Tree Processes

NCBI: National Centre for Biotechnology Information

OTUs: Operational Taxonomic Units

Introduction

Introduction

Les Bifidobactéries, qui font partie des Actinobactéries, sont l'un des groupes bactériens les plus importants. Elles colonisent souvent les microbiomes intestinaux humains et ceux d'autres mammifères, ainsi que des insectes sociaux, des denrées alimentaires et des eaux usées (Rodriguez et Martiny, 2020). Elles ont également été détectées dans le sang humain et le lait maternel (Esaiassen *et al.*, 2017).

Les Bifidobactéries, qui ont une forme en Y ou bifide, sont des microorganismes Gram-positifs, anaérobies, non mobiles, non sporulés et saccharolytiques avec un ADN à forte teneur en G + C. Traditionnellement, la classification des bactéries était basée sur des caractéristiques phénotypiques telles que la morphologie cellulaire et les caractéristiques métaboliques. Cependant, avec les avancées technologiques en microbiologie, la classification des bactéries repose également sur l'analyse de leur séquence génétique. Les Bifidobactéries sont connues pour leurs implications bénéfiques pour la santé humaine, notamment leur rôle dans la régulation de la flore intestinale et leur contribution à un système immunitaire optimal. Les recherches sur les propriétés des Bifidobactéries continuent de permettre une meilleure compréhension de leur impact sur la santé humaine (Alessandri *et al.*, 2021).

Grâce à l'émergence de l'ère phylogénomique et l'utilisation d'outils bioinformatiques avancés, la phylogénétique a vu la définition des espèces bactériennes révisée. Cette ère permet une étude plus approfondie des relations évolutives entre les groupes d'organismes, représentées sous forme d'arbres phylogénétiques reflétant les caractéristiques génétiques partagées ou divergentes (Caputo *et al.*, 2019).

Historiquement, les séquences d'ARNr 16S ont été utilisées comme outil clé dans le domaine de la phylogénétique pour classer et assigner les espèces bactériennes sur des arbres de séquences. Cependant, des études récentes ont démontré que le genre *Bifidobacterium* est un clade phylogénétique polymorphe qui englobe une variété d'espèces et de sous-espèces, suggérant que d'autres séquences génétiques doivent également être considérées pour une classification plus précise (Brandt et Barrangou, 2016).

L'objectif de cette étude est de construire un arbre phylogénétique du genre *Bifidobacterium* à partir de séquences d'ARNr 16S obtenues depuis Genbank. Le traitement de ces séquences à travers divers processus permettra la création de l'arbre phylogénétique et son analyse à l'aide de différentes méthodes de délimitation. Plus précisément, nous allons

d'abord rechercher et sélectionner les séquences d'ARNr 16S des différentes espèces de *Bifidobacterium* disponibles dans Genbank. Ensuite, nous utiliserons des outils bioinformatiques pour aligner et traiter ces séquences, afin de construire un arbre phylogénétique représentant l'histoire évolutive du genre *Bifidobacterium*. Nous pourrons ensuite analyser cet arbre phylogénétique en utilisant différentes méthodes de délimitation. Cette étude nous permettra de mieux comprendre la diversité et les relations évolutives entre les différentes espèces de *Bifidobacterium*, ce qui pourrait avoir des implications importantes dans divers domaines, notamment la santé et l'industrie alimentaire.

Première partie :
Synthèse bibliographique

Chapitre 01 :

Généralités sur

Bifidobacterium

1. **Historique et taxonomie**
2. **Caractères généraux**
3. **Ecologie**
4. **Effets bénéfiques de *Bifidobacterium***

1.1. Historique et taxonomie

En 1899 et 1900, Tissier isole les premières souches à partir de matières fécales de nourrissons (Gavin *et al.*, 1990).

La connaissance de ces bactéries a peu progressé entre 1900 et 1957. En 1917, Winslow a proposé la famille des *Lactobacillaceae* et trois ans plus tard, Holland a nommé la souche de Tissier *Lactobacillus bifidus*. Bien qu'Orla-Jensen ait reconnu le genre *Bifidobacterium* comme un taxon distinct en 1924, les bifidobactéries ont été fusionnées avec le genre *Lactobacillus* en raison de leur ressemblance avec ce dernier (Biavati *et al.*, 2000).

Depuis 1954, les progrès scientifiques ont permis de séparer les bifidobactéries des lactobacilles et d'identifier de nombreux types de bifidus (Passerat, 1961).

Les travaux de Stackebrand et Woese en 1981, utilisant le séquençage de l'ARN 16S, ont conduit à la construction d'un arbre phylogénétique et à la séparation de 2 espèces du genre *Bifidobacterium*, *B. breve* et *B. bifidum*, des autres membres étudiés de la famille des *Actinomycetaceae*. En 1987, Sur la base d'informations récentes provenant du séquençage de l'ARN 16S, les membres du sous-comité sur *Bifidobacterium*, *Lactobacillus* et les genres apparentés remettent en cause la position taxonomique du genre *Bifidobacterium* dans l'ordre des *Actinomycetales* et suggèrent sa révision (Gavini *et al.*, 1990).

Les *Bifidobacteriaceae* constituent la seule famille de l'ordre des *Bifidobacteriales* et il a été démontré qu'elles représentent la branche la plus profonde de l'embranchement des *Actinobacteria*. Actuellement, la famille des *Bifidobacteriaceae* comprend 55 sous-espèces du genre *Bifidobacterium* et des membres de huit autres genres, à savoir *Aeriscardovia*, *Alloiscardovia*, *Bombiscardovia*, *Gardnerella*, *Neocardovia*, *Parascardovia*, *Pseudoscardovia* et *Scardovia*, qui regroupent ensemble 12 espèces (Lugli *et al.*, 2017).

Le genre *Bifidobacterium* englobe environ 80 espèces, dont quatre espèces (*B. animalis*, *B. longum*, *B. pseudolongum* et *B. thermacidophilum*) qui sont ensuite subdivisées en sous-espèces (Sakanaka *et al.*, 2019).

- Règne: *Bacteria*
- Embranchement: *Actinobacteria*
- Classe: *Actinobacteria*
- Ordre: *Bifidobacteriales*

- Famille: *Bifidobacteriaceae*
- Genre: *Bifidobacterium*

1.2. Caractères généraux

Les Bifidobactéries sont des bactéries Gram-positives, anaérobies, non mobiles, non sporulées, sous forme de tiges polymorphes qui appartiennent à la famille des *Bifidobacteriaceae*, à l'ordre des *Bifidobacteriales* et au phylum des *Actinobacteria*. Les Bifidobactéries présentent différentes formes cellulaires distinctes, notamment des formes en courbe, courtes et bifurquées en forme de Y. L'ADN génomique des Bifidobactéries contient une teneur élevée en guanine-plus-cytosine (Milani *et al.*, 2014).

Les Bifidobactéries se développent à une température optimale de 36-38C, leur pH optimal de croissance se situant entre 6,5 et 7,0. Les souches de *B. lactis* et *B. animalis* peuvent survivre à une exposition à un pH de 3,5, tandis que les souches de Bifidobactéries maintenues dans un environnement au-dessus d'un pH de 8,5 ne survivent pas (Leahy *et al.*, 2005)

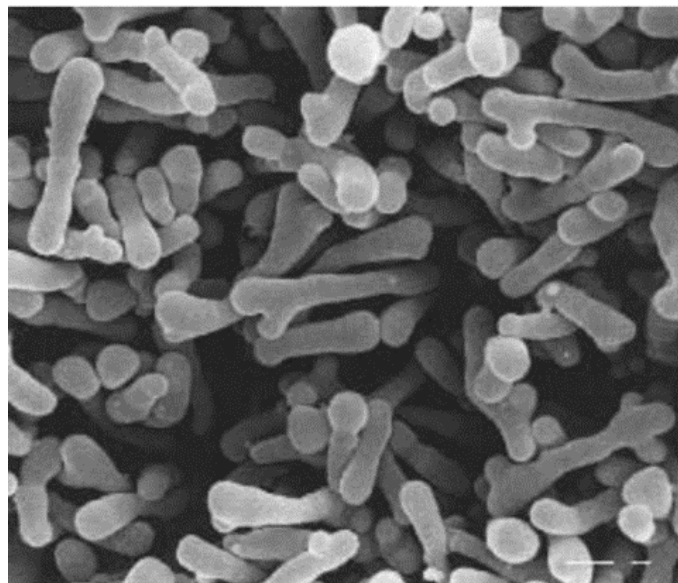


Figure 01. Observation au microscope électronique des cellules de *Bifidobacterium sp* (Biavati *et al.*, 2000).

1.3. Ecologie

Le genre de *Bifidobacterium* ont été isolées dans un certain nombre d'environnements. Des études sur la distribution des bifidobactéries confirment leur présence dans les selles des nourrissons, dans les selles des adultes, dans le vagin humain et dans les caries dentaires. *B. breve* et *B. infantis* sont des espèces typiques des nourrissons allaités ou nourris au lait maternisé, tandis que *B. bifidum*, *B. catenulatum*, *B. longum* et *B. pseudocatenulatum* sont présents soit dans les fèces des nouveau-nés, soit dans celles des adultes. *B. adolescentis* n'a été isolée que chez l'adulte. Le vagin héberge *B. adolescentis*, *B. bifidum*, *B. breve* et *B. longum*, *B. denticolens*, *B. dentium* et *B. inopinatum* sont les espèces régulièrement retrouvées dans les caries dentaires, chez les animaux, certaines espèces sont apparemment spécifiques à l'hôte: *B. magnum* et *B. cuniculi* n'ont été trouvés que dans des échantillons de matières fécales de lapin, *B. asteroides* est la seule espèce trouvée dans l'intestin d'*Apis mellifera* (Biavati *et al.*, 2000).

Douze espèces de *Bifidobacterium* ont été isolées des eaux usées et parmi elles, *B. minimum* et *B. subtile* n'ont pas été trouvées ailleurs. Deux nouvelles espèces, *B. lactis* isolée du yaourt et *B. thermacidophilum* isolée du digesteur anaérobie (Dong *et al.*, 2000).

Les habitats dans lesquels les bifidobactéries ont été isolées sont énumérés dans le tableau 01 :

Tableau 01. Habitats et références des espèces du genre *Bifidobacterium* (Biavati *et al.*, 2000).

Species	Habitat	Reference
<i>B. adolescentis</i>	Feces of human adult; bovine rumen; sewage; human vagina	Reuter (1963)
<i>B. angulatum</i>	Sewage; feces of human adult	Scardovi and Crociani (1974)
<i>B. animalis</i>	Feces of rat, chicken, rabbit, calf, and guinea pig; sewage	Scardovi and Trovatelli (1974)
<i>B. asteroides</i>	Intestine of <i>Apis mellifera</i>	Scardovi and Trovatelli (1969)
<i>B. bifidum</i>	Feces of human adult, infant and suckling calf; human vagina	Orla-Jensen (1924)
<i>B. boum</i>	Bovine rumen; feces of piglet	Scardovi <i>et al.</i> (1979)
<i>B. breve</i>	Feces of infant and suckling calf, human vagina; sewage	Reuter (1963)
<i>B. catenulatum</i>	Feces of infant and human adult; sewage	Scardovi and Crociani (1974)
<i>B. choerinum</i>	Feces of piglet; sewage	Scardovi <i>et al.</i> (1979)
<i>B. coryneforme</i>	Intestine of <i>Apis mellifera</i>	Biavati <i>et al.</i> (1982)
<i>B. cuniculi</i>	Feces of rabbit	Scardovi <i>et al.</i> (1979)
<i>B. denticolens</i>	Human dental caries	Crociani <i>et al.</i> (1996)
<i>B. dentium</i>	Human dental caries and oral cavity; feces of human adult; abscess and appendix	Scardovi and Crociani (1974)
<i>B. gallicum</i>	Human feces	Lauer (1990)
<i>B. gallinarum</i>	Chicken cecum	Watabe <i>et al.</i> (1983)
<i>B. indicum</i>	Intestine of <i>Apis cerana</i> and <i>A. dorsata</i>	Scardovi and Trovatelli (1969)
<i>B. infantis</i>	Feces of infant and suckling calf;	Reuter (1963)
<i>B. inopinatum</i>	Human dental caries	Crociani <i>et al.</i> (1996)
<i>B. lactis</i>	Fermented milk	Meile <i>et al.</i> (1997)
<i>B. longum</i>	Feces of human adult, infant, and suckling calf; human vagina; sewage	Reuter (1963)
<i>B. magnum</i>	Feces of rabbit	Scardovi and Zani (1974)
<i>B. merycicum</i>	Bovine rumen	Biavati and Mattarelli (1991)
<i>B. minimum</i>	Sewage	Biavati <i>et al.</i> (1982)
<i>B. pseudocatenulatum</i>	Feces of infant and suckling calf; sewage	Scardovi <i>et al.</i> (1979)
<i>B. pseudolongum</i>		Yaeshima <i>et al.</i> (1992),
subsp. <i>pseudolongum</i>	Feces of pig, chicken, bull, calf rat, and guinea pig	ex Mitsuoka (1969),
subsp. <i>globosum</i>	Feces of piglet, suckling calf, rat, rabbit, and lamb; sewage; bovine rumen	ex Biavati <i>et al.</i> (1982)
<i>B. pullorum</i>	Feces of chicken	Trovatelli <i>et al.</i> (1974)
<i>B. ruminantium</i>	Bovine rumen	Biavati and Mattarelli (1991)
<i>B. saeculare</i>	Feces of rabbit	Biavati <i>et al.</i> (1991)
<i>B. subtile</i>	Sewage	Biavati <i>et al.</i> (1982)
<i>B. suis</i>	Feces of piglet	Matteuzzi <i>et al.</i> (1971)
<i>B. thermacidophilum</i>	Anaerobic digester	Dong <i>et al.</i> (2000)
<i>B. thermophilum</i>	Feces of pig, chicken, and suckling calf; bovine rumen; sewage	Mitsuoka (1969)

1.4. Effets bénéfiques de *Bifidobacterium*

Les bifidobactéries sont couramment utilisées comme probiotiques, ces bénéfiques comprennent la protection contre les pathogènes, la modulation du système immunitaire de l'hôte, la fourniture de nutriments et de vitamines, ainsi que diverses autres activités bénéfiques rapportées. Sur la base de ces résultats, il semble clair que les interactions complexes entre l'hôte humain et les bifidobactéries jouent un rôle clé dans la santé et la maladie (Esteban *et al.*, 2021).

La présence des Bifidobacteries dans l'intestin a été corrélée à des avantages pour la santé chez les humains et les modèles des souris, notamment la protection contre certaines maladies intestinales telles que l'entérocolite et la diarrhée aiguë (O'callaghan et Van Sinderen, 2016).

Les bifidobactéries, ont montré un effet protecteur contre les effets dévastateurs de la diarrhée aiguë. Dans la diarrhée infantile aiguë, souvent due à une infection par un rotavirus, une souche de *B. bifidum* administrée en conjonction avec *Streptococcus thermophilus* dans une formule de lait standard a montré une réduction de l'incidence de l'infection à rotavirus (Leahy *et al.*, 2005).

Chez les nouveau-nés, certaines espèces spécifiques de *Bifidobacterium* jouent un rôle crucial dans la dégradation des oligosaccharides du lait maternel (Ruiz-Moyano *et al.*, 2013).

La fermentation des oligosaccharides favorise le bien-être des nourrissons et prévient la colonisation par des bactéries pathogènes potentielles (Marcobal et Sonnenburg, 2012).

Les Bifidobactéries excellent également dans la dégradation et la fermentation des glucides. Ce processus produit des acides gras à chaîne courte tels que le butyrate, l'acétate et le propionate, qui ont été associés à la réduction du risque de maladies inflammatoires, de maladies cardiaques, de diabète de type II et d'autres affections néfastes telles que le cancer (Slavin, 2013).

Chapitre 02 :

Etude phylogénétique

- 1. Définition de la phylogénie**
- 2. Phylogénie moléculaire**
- 3. Définition d'arbre phylogénétique**
- 4. Propriétés des arbres phylogénétiques**
- 5. Différentes représentations graphiques pour les arbres**
- 6. Construction de l'arbre phylogénétique**
- 7. Phylogénie du genre *Bifidobacterium***

1.1. Définition de la phylogénie

La phylogénie est l'histoire de la descendance d'un groupe de taxons, tels que les espèces, à partir de leurs ancêtres communs, y compris l'ordre de ramification et parfois les périodes de divergence. Le terme "phylogénie" est dérivé d'une combinaison de mots grecs. Phylon signifie "tribu" ou "clan" ou "race" et genèse signifie "origine" ou "source". Le terme peut également s'appliquer à la généalogie des gènes ancestral commun (Patwardhan *et al.*, 2014).

1.2. Phylogénie moléculaire

La phylogénie moléculaire a pour but de reconstruire les relations de parenté entre des séquences de gènes ou protéines pour obtenir des informations sur l'histoire évolutive des êtres vivants (Lopez *et al.*, 2002).

Ces études peuvent désormais être réalisées à l'aide d'une grande variété de marqueurs moléculaires (Patwardhan *et al.*, 2014).

1.3. Définition d'arbre phylogénétique

Les expressions arbre évolutif, arbre phylogénétique et cladogramme sont souvent utilisées de manière interchangeable pour désigner la même chose, également appelé phylogénie (Choudhuri, 2014).

Il s'agit d'un diagramme qui montre les chemins empruntés par diverses espèces, créatures ou gènes pour descendre d'un ancêtre commun. Les phylogénies sont utiles pour classer les organismes, organiser les connaissances sur la diversité biologique et mettre en lumière les processus évolutifs (Bauma, 2008).

1.4. Propriétés des arbres phylogénétiques

Toute analyse phylogénétique vise à créer un arbre décrivant les relations entre les unités taxonomiques d'intérêt, telles que les espèces, les individus, les gènes, etc (Rodiguzer-Ezpeleta, 2007).

Par analogie avec les arbres botaniques, les arbres phylogénétiques sont formés, de racine, de nœuds et de branches et de feuilles (Scoot et Bauma, 2016).

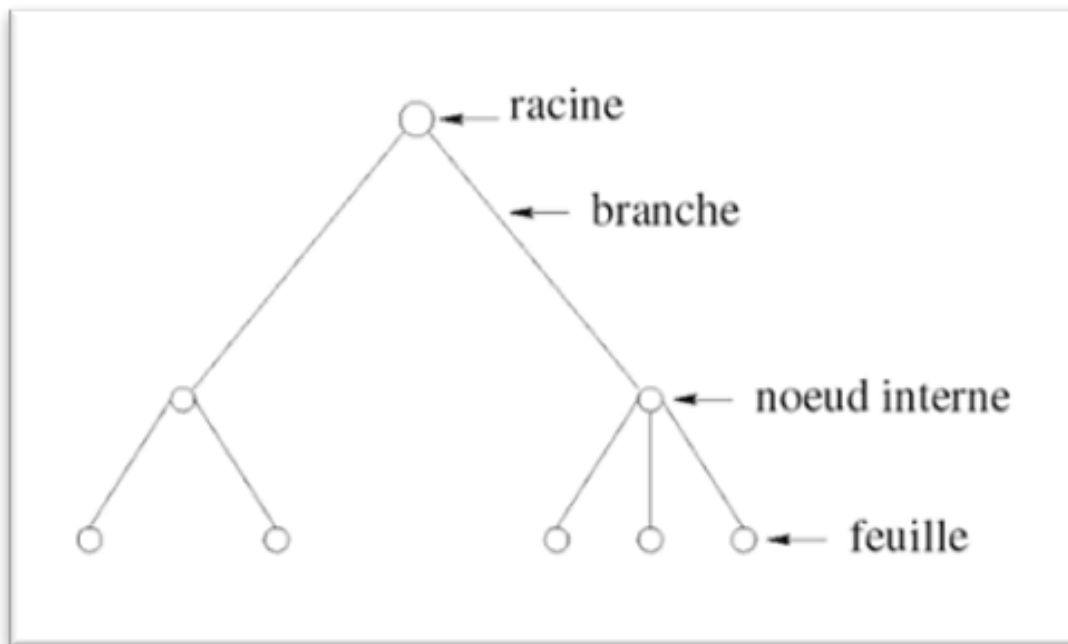


Figure 02. Exemple d'un arbre phylogénétique.

- La racine: indique l'ancêtre commun de tous les taxons de l'arbre, tous les arbres phylogénétiques ne sont pas tous enracinés
- Les branches: est appelée arête et représente l'estimation temporelle des relations évolutives entre les unités taxonomiques. Si l'arbre est enraciné, ces branches permettent de définir une relation ancêtre - descendant entre deux nœuds successifs(Willems, 2018).
- Les nœuds internes: représentent des unités taxonomiques hypothétiques, une UTH est une unité déduite et représente le dernier ancêtre commun des nœuds issus de ce point.
- Les feuilles: (ou les nœuds externes) représentent les unités taxonomiques opérationnelles, Les UTO sont les objets réels tels que les espèces, les populations ou les séquences de gènes ou de protéines comparées (Choudhuri, 2014).
- Dans les arbres phylogénétiques, on distingue des groupes monophylétiques, paraphylétiques et polyphylétiques.

- Groupe monophylétiques: Le groupe composé des espèces B, C, D, E et F (rouge) est monophylétique car il contient toutes les unités taxonomiques dérivées de l'ancêtre X, ainsi qu'X lui-même, Figure 03.
- Groupe paraphylétiques: Le groupe composé des espèces B, D et F (vert) est paraphylétique car il inclut leur ancêtre X, mais seulement quelques-uns de ses descendants, Figure 03.
- Groupe polyphylétiques: le groupe composé des espèces C et D (bleu) est polyphylétique car il n'inclut pas leur ancêtre commun, Figure 03 (Rodríguez-Ezpeleta, 2007).

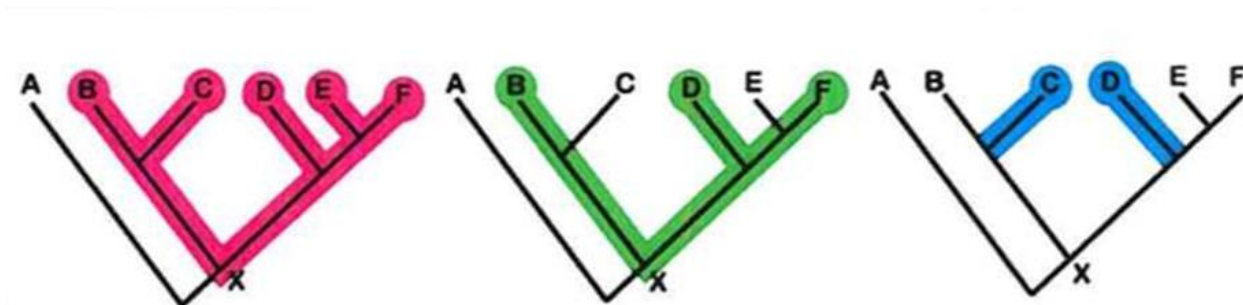


Figure 03. Différents groupes d'arbre phylogénétiques (Rodríguez-Ezpeleta, 2007).

Un arbre phylogénétique peut être enraciné ou non.

- Un arbre enraciné: est un diagramme utile qui montre l'histoire évolutive. Cette racine est souvent désignée comme le dernier ancêtre commun universel, à partir duquel les autres groupes taxonomiques sont descendus et ont divergent au fil du temps. Étant donné que l'arbre enraciné représente la direction du temps évolutif, il est facile de trouver les groupes plus anciens ou plus récents qu'il contient (Choudhuri, 2014).

- Un arbre non enraciné: est un diagramme phylogénétique qui ne possède pas d'ancêtre commun ou de nœud basal. Ce type d'arbre n'indique pas l'origine de l'évolution des groupes d'intérêt. Il représente uniquement la relation entre les organismes, indépendamment de la

direction de la ligne temporelle évolutive. Par conséquent, il est difficile d'étudier les relations évolutives des groupes par rapport au temps en utilisant un arbre non raciné (Graham *et al.*, 2002).

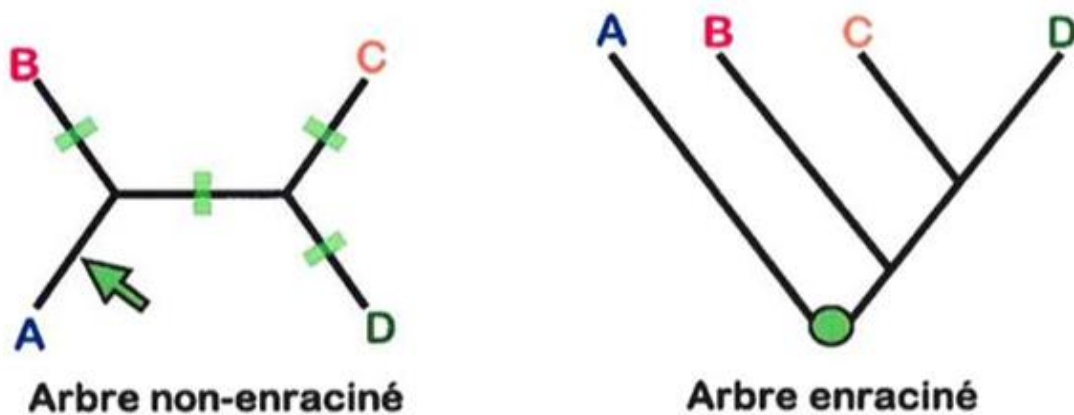


Figure 04. Différents arbres phylogénétiques: arbre enraciné, arbre non enraciné

(Rodríguez-Ezpeleta, 2007).

1.5. Différentes représentations graphiques pour les arbres

- Le dendrogramme: Le terme dendrogramme désigne une organisation hiérarchique des clusters où des objets similaires (selon certains critères définis) sont regroupés en clusters. Ainsi, un dendrogramme montre les relations entre les différents clusters. Les dendrogrammes sont également utilisés en dehors du domaine de la phylogénétique, voire même en dehors de la biologie. Ils sont souvent utilisés en biologie moléculaire informatique pour illustrer la ramification basée sur la mise en cluster de gènes ou de protéines.

- Le cladogramme: est un arbre hiérarchique branché qui montre les relations entre les clades. Les cladogrammes sont non-échelonnés.

- Les phylogrammes: est un arbre phylogénétique à échelle dans lequel les longueurs des branches sont proportionnelles au degré de divergence évolutive. Par exemple, la longueur d'une branche peut être déterminée par le nombre de substitutions nucléotidiques qui se sont produites entre les points de branchement connectés (Choudhuri, 2014).

- Les phénogrammes: est un arbre qui traduit les relations de parenté entre des molécules, établi à partir d'une méthode phénétique il s'agit d'un dendrogramme généré par la taxonomie numérique, dans lequel les relations entre les taxons expriment les degrés de similitude globale (Tahiri, 2012).

1.6. Construction de l'arbre phylogénétique

Les méthodes de construction l'arbre phylogénétique sont classées en deux groupes.

1.6.1. Méthode basée sur la distance

Qui utilise une matrice de distances évolutives les méthodes UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic) et NJ (Neighbor-Joining) sont des méthodes représentatives. L'avantage de la méthode basée sur la distance est sa rapidité de calcul par conséquent, une grande quantité de données peut être traitée.

1.6.2. Méthode basée sur les caractères

Lors de l'inférence de l'arbre phylogénétique, la méthode de la maximum parcimonie, le maximum de vraisemblance et la méthode bayésienne peuvent utiliser directement les séquences alignées. Parmi celles-ci, les deux dernières sont les plus couramment utilisées car elles s'appuient sur des modèles évolutifs sophistiqués basés sur des méthodes statistiques (Horiike, 2016).

1.7. Phylogénie du genre *Bifidobacterium* :

La phylogénie de *Bifidobacterium* est l'étude de la relation évolutive entre les différentes espèces du genre *Bifidobacterium*. Dans ce contexte, bien que l'analyse comparative basée sur le gène 16S ARNr ait été et continue d'être exploitée comme l'approche standard pour les enquêtes phylogénétiques bactériennes, elle présente plusieurs limites qui empêchent l'évaluation du degré réel de similarité génétique entre deux génomes microbiens, en effet, cela ne garantit pas une discrimination précise entre des espèces récemment divergées ou entre deux taxons bactériens appartenant à des groupes bactériens distants s'ils possèdent des séquences de gènes 16S ARNr hautement similaires, ne capturant ainsi pas les différences phylogénétiques (Alessandri *et al.*, 2021).

Récemment, la taxonomie des bifidobactéries a bénéficié de l'utilisation d'une approche multi-locus ou multi-gène basée sur des marqueurs moléculaires alternatifs tels que *clpC*, *dnaB*, *dnaG*, *dnaJ1*, *purF*, *rpoC* et / ou *xfp* (Milani *et al.*, 2016).

Chapitre 03 :

Approches de délimitation

des espèces

- 1. Définition de délimitation des espèces**
- 2. Méthodes de délimitation**
 - 2.1. Modèle Assemble Species Automatic Partitioning ASAP**
 - 2.2. Modèle General Mixed Yule Coalescent GMYC**
 - 2.3. Modèle Automatic Barcoding Gap Discovery ABGD**
 - 2.4. Modèle Bayesian Poisson Tree Processes bPTP**
 - 2.5. Modèle multi-rate Poisson Tree Processes mPTP**

L'identification des espèces est cruciale pour un large éventail de recherches biologiques, y compris les études sur l'évolution, la conservation et la biodiversité. Cependant, différents critères opérationnels sont utilisés pour l'identification des espèces, en fonction du concept d'espèce qui est invoqué (De Queiroz, 2007). Certaines des approches largement utilisées pour valider les espèces présumées reposent sur la comparaison des distances génétiques intra- et interspécifiques, l'objectif de la délimitation moléculaire des espèces est de construire un schéma taxonomique pour un ensemble d'échantillons et d'inférer une délimitation de novo des unités taxonomiques opérationnelles OTU (Mallo et Posada, 2016).

1.1. Définition de délimitation des espèces

La délimitation des espèces est le processus qui consiste à déterminer quels groupes d'organismes individuels constituent différentes populations d'une même espèce et lesquels constituent des espèces différentes. Les espèces jouent un rôle central dans toutes les branches de la recherche biologique et constituent l'unité fondamentale de mesure de la biodiversité. La délimitation des espèces est donc une activité essentielle à la conservation de la biodiversité et se situe à l'avant-garde de la science moderne de la biodiversité (Rannala et Yang, 2020).

1.2. Méthodes de délimitation

Il existe diverses méthodes de délimitation moléculaire des espèces, diffèrent les unes des autres à plusieurs égards.

Il existe deux catégories principales de méthodes pour la délimitation des espèces, la première comprend les méthodes qui calculent la vraisemblance de partitions concurrentes d'hypothèses d'espèces dans le cadre du "coalescent multi-espèces". Dans cette catégorie, les méthodes les plus populaires sont SpedeSTEM, BPP et BFD, ont été conçues pour les données multi locus. Elles sont très exigeantes en termes de puissance de calcul et ont donc été principalement appliquées à des ensembles de données avec un nombre limité de séquences et d'espèces. Une deuxième catégorie de méthodes correspond à des méthodes exploratoires. Ces méthodes sont largement utilisées car elles sont faciles à appliquer sur des ensembles de données de code-barres ADN, même volumineux, et précisément parce qu'elles ne nécessitent pas d'hypothèses d'espèces préalablement définies. Les plus populaires sont le GMYC (modèle général de Yule-Coalescent mixte), PTP (processus d'arbre de Poisson), tous deux développés initialement dans un cadre de vraisemblance maximale, et plus tard étendus à un cadre bayésien, et ABGD (découverte automatique de l'écart de code-barres) (Luo *et al.*, 2018).

1.2.1. Modèle Assemble Species Automatic Partitioning ASAP

Une nouvelle méthode pour créer des partitions d'espèces à partir d'alignements de séquences à un seul locus. ASAP est suffisamment efficace pour diviser des ensembles de données contenant jusqu'à 104 séquences en espèces putatives en quelques minutes. Bien que basé sur la théorie de l'évolution, ASAP est la mise en œuvre d'un algorithme de regroupement hiérarchique qui utilise uniquement des distances génétiques par paires, évitant ainsi la charge de calcul de la reconstruction phylogénétique. Il est important de noter qu'ASAP propose des partitions d'espèces classées par un nouveau système de score qui n'utilise aucune connaissance préalable de la diversité intraspécifique. ASAP est un programme autonome qui peut être utilisé soit via une interface web graphique, soit téléchargé et compilé pour une utilisation locale (Puillandre *et al.*, 2021).

1.2.2. Modèle General Mixed Yule Coalescent GMYC

Est une méthode très populaire qui peut être utilisée pour délimiter les espèces à l'aide de données de séquence, il utilise un arbre ultramétrique et tente de détecter la transition dans l'arbre où le modèle de ramification passe de l'attribution à la spéciation (une lignée par espèce) à l'attribution au processus de coalescence intra-espèce (plusieurs lignées par espèce) (Michonneau, 2016).

1.2.3. Modèle Automatic Barcoding Gap Discovery ABGD

ABGD a été utilisé dans plusieurs études de codage-barres, en utilisant généralement les paramètres par défaut ou légèrement modifiés. On peut s'attendre à ce qu'ABGD fonctionne mieux lorsque l'arbre génétique est essentiellement monophylétique (c'est-à-dire qu'il n'y a pas de tri incomplet de la lignée). Comme d'autres méthodes de codage-barres, il utilise uniquement des informations provenant d'un seul locus. Il est peu coûteux en termes de calcul et peut être appliqué à de grands échantillons de séquences. Ses faiblesses comprennent sa dépendance envers les calculs de distance simple et les opérations de regroupement, ainsi que l'incapacité d'utiliser toutes les informations dans les données de séquence (Gibbs, 2018).

1.2.4. Modèle Bayesian Poisson Tree Processes bPTP

Une version mise à jour de la méthode PTP originale avec des valeurs de support bayésiennes, nécessite un arbre d'entrée raciné. Il suppose deux distributions exponentielles indépendantes (une pour la spéciation et une autre pour la coalescence) pour modéliser les longueurs des branches (Zhang *et al.*, 2013).

1.2.5. Modèle multi-rate Poisson Tree Processes mPTP

Le nouveau modèle mPTP tient compte de la variation stochastique entre les espèces en ajustant plusieurs distributions exponentielles indépendantes pour chaque espèce délimitée (Kapli *et al.*, 2017).

Les méthodes bPTP et mPTP semblent toutes deux être des méthodes cohérentes, mais sont sensibles à l'exactitude de l'arbre d'entrée, à la taille de la population, au temps de divergence, au ratio de la taille de la population par rapport au temps de divergence, à la migration génique en cours, et ont tendance à diviser les espèces en trop (Luo *et al.*, 2018).

Deuxième partie :
Partie expérimentale

Chapitre 04:

Méthodologie

1. Source des séquences
2. BLASTn
3. Marqueurs ARNr 16S
4. Alignement multiple des séquences
5. Nettoyage des séquences
6. Construction de l'arbre phylogénétique
7. Délimitation des espèces
 - 1.1. ASAP (Assemble Species by Automatic Partitioning)
 - 1.2. ABGD (Automatic Barcode Gap Discovery)
 - 1.3. mPTP (modèle multi-rate Poisson Processes)
 - 1.4. bPTP (le modèle Bayesian Poisson Tree Processes)

Dans ce chapitre, nous détaillons le matériel utilisé ainsi que les étapes qui ont été suivies afin de construire un arbre phylogénétique du genre *Bifidobacterium* en utilisant les séquences disponibles sur la banque de données, GenBank.

1.1. Source des séquences

Il existe plusieurs bases de données en ligne où l'on peut collecter des séquences ADN pour la reconstruction d'un arbre phylogénétique, nous avons utilisé la banque de données GenBank pour télécharger les séquences nucléotidiques de genre *Bifidobacterium*.

1.1.1. GenBank

GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) est une base de données publique de séquences nucléotidiques gérée par le National Center for Biotechnology Information (NCBI). Elle contient des millions de séquences de différentes espèces provenant de diverses sources, telles que les génomes, les ARN, l'ADN mitochondrial et d'autres molécules associées à la biologie moléculaire. Les données stockées dans GenBank sont disponibles gratuitement en ligne et peuvent être utilisées pour une variété de recherches en biologie moléculaire et en génomique comparative (Sayers *et al.*, 2019).

Dans notre étude, nous avons effectué une recherche de séquences de *Bifidobacterium* en utilisant la plateforme GenBank. Les étapes générales que nous avons suivies sont les suivantes :

- Nous avons commencé par accéder au site web de GenBank: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

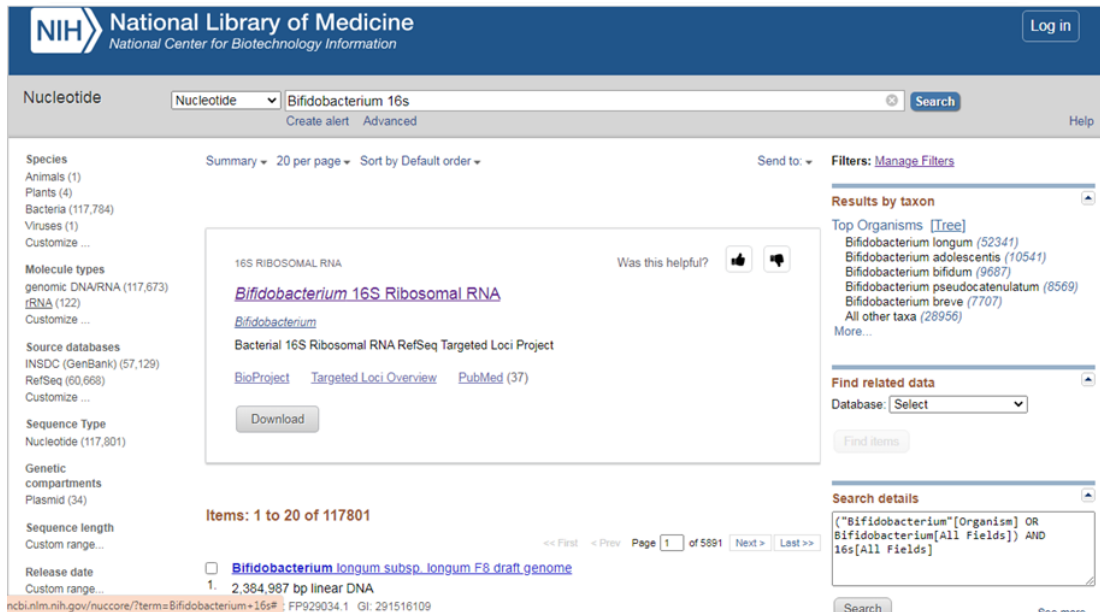


Figure 05. Interface du GenBank.

- Dans la barre de recherche de GenBank, nous avons saisi les mots-clés "Bifidobacterium 16S" pour spécifier les critères de recherche et obtenu un total de 117801 séquences. Ensuite, nous avons sélectionné les cases à côté des séquences selon nos critères et choisi 300 séquences. Ces séquences ont été téléchargées au format Fasta. Nous avons utilisé le Bloc-notes comme lecteur de fichier.

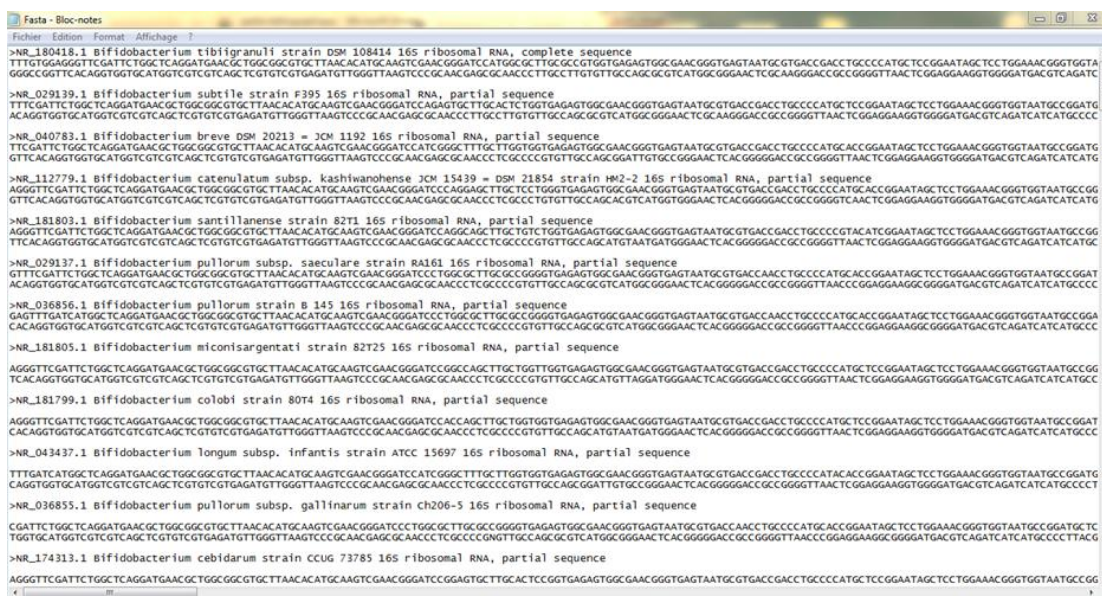


Figure 06. Fichier format Fasta.

Nous avons ajouté un groupe externe (out-group) aux séquences que nous avons téléchargées.

Afin de créer une racine pour l'arbre phylogénétique, nous avons inclus un groupe externe (out-group) dans les séquences que nous avons téléchargées. Pour bien choisir le groupe externe, il doit être lié de manière étroite au groupe étudié, mais moins lié que les relations entre les espèces étudiées. Ceci est crucial pour comprendre comment les caractéristiques ont évolué le long de l'arbre phylogénétique (Horiike, 2016). Dans cette étude, *Gardnerella swidsinskii* a été sélectionné comme groupe externe.

1.2. BLASTn

Basic local Alignment Search Tool permis d'identifier des régions de similarité locale entre séquences nucléotidiques ou protéiques est l'un des outils les plus fréquemment utilisés pour comparer les séquences et calcule la significativité des résultats (Newell *et al.*, 2013).

Nous avons utilisé BLASTn, disponible dans le lien: <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/> pour comparer les séquences et effectuer une sélection.

Nous avons suivi les étapes suivantes :

- Nous avons saisi le numéro d'accèsion (NR. 181805).
- Nous avons entré le fichier des séquences.
- Nous avons choisi l'organisme *Bifidobacterium* (taxid :1678) comme filtre, pour restreindre la recherche aux séquences de cet organisme spécifiques.
- Nous avons Choisi (Séquences hautement similaires (mégablaste).
- Nous avons Cliquez sur le signe plus (+) à côté de Paramètres d'algorithme pour développer la liste des paramètres, et avons sélectionné un maximum de 500 séquences.
- Nous avons filtré les séquences en fonction de leur taille et de la couverture par rapport à la requête (Query-cover).
- Nous avons téléchargé 105 Séquences au format Fasta.

Il y a 87 espèces différentes parmi les 105 séquences téléchargées sont présentées dans le tableau suivant :

Tableau 02. Nombre de séquences téléchargées par espèces.

N°	Espèces	Nombre des séquences
1.	<i>B. pluvialisilvae</i>	1
2.	<i>B. catulorum</i>	1
3.	<i>B. saimiriisciurei</i>	1
4.	<i>B. callimiconis</i>	1
5.	<i>B. tissier</i>	1
6.	<i>B. bifidum</i>	5
7.	<i>B. avesani</i>	1
8.	<i>B. vespertilionis</i>	1
9.	<i>B. samirii</i>	1
10.	<i>B. thermophilum</i>	1
11.	<i>B. porcinum</i>	1
12.	<i>B. thermacidophilum</i>	1
13.	<i>B. apri</i>	1
14.	<i>B. boum</i>	1
15.	<i>B. tsurumiense</i>	1
16.	<i>B. miconis</i>	1
17.	<i>B. scardovii</i>	1
18.	<i>B. ramosum</i>	1
19.	<i>B. goeldii</i>	1
20.	<i>B. biavatii</i>	1
21.	<i>B. amazonense</i>	1
22.	<i>B. simiiventris</i>	1
23.	<i>B. callitrichos</i>	1
24.	<i>B. rousetti</i>	1
25.	<i>B. santillanense</i>	1
26.	<i>B. pongonis</i>	1
27.	<i>B. merycicum</i>	1
28.	<i>B. angulatum</i>	1
29.	<i>B. pseudocatenulatum</i>	1
30.	<i>B. catenulatum</i>	1
31.	<i>B. moukalabense</i>	1
32.	<i>B. adolescentis</i>	3
33.	<i>B. ruminantium</i>	1
34.	<i>B. faecal</i>	1
35.	<i>B. dentium</i>	1
36.	<i>B. catenulatum</i>	1
37.	<i>B. myosotis</i>	1
38.	<i>B. reuteri</i>	1
39.	<i>B. oedipodis</i>	1
40.	<i>B. leontopithecii</i>	1
41.	<i>B. hapali</i>	1
42.	<i>B. aerophilum</i>	1
43.	<i>B. platyrrhinorum</i>	1
44.	<i>B. saguinibicoloris</i>	1

45.	<i>B. stellenboschense</i>	1
46.	<i>B. aesculapii</i>	1
47.	<i>B. animalis</i>	3
48.	<i>B. canis</i>	1
49.	<i>B. castoris</i>	1
50.	<i>B. choerinum</i>	1
51.	<i>B. pseudolongum</i>	2
52.	<i>B. choloepi</i>	1
53.	<i>B. gallicum</i>	1
54.	<i>B. dolichotidis</i>	1
55.	<i>B. cuniculi</i>	1
56.	<i>B. magnum</i>	1
57.	<i>B. pullorum</i>	3
58.	<i>B. phasiani</i>	1
59.	<i>B. longum</i>	5
60.	<i>B. breve</i>	1
61.	<i>B. colobi</i>	1
62.	<i>B. cebidarum</i>	1
63.	<i>B. saguini</i>	1
64.	<i>B. miconisargentati</i>	1
65.	<i>B. callitrichidarum</i>	1
66.	<i>B. eulemuris</i>	1
67.	<i>B. lemurum</i>	1
68.	<i>B. commune</i>	1
69.	<i>B. bohemicum</i>	1
70.	<i>B. bombi</i>	1
71.	<i>B. mizhiense</i>	1
72.	<i>B. asteroides</i>	1
73.	<i>B. choladohabitans</i>	1
74.	<i>B. apousia</i>	1
75.	<i>B. polysaccharolyticum</i>	1
76.	<i>B. coryneforme</i>	2
77.	<i>B. indicum</i>	1
78.	<i>B. xylocopae</i>	2
79.	<i>B. actinocoloniiforme</i>	1
80.	<i>B. minimum</i>	1
81.	<i>B. psychraerophilum</i>	1
82.	<i>B. crudilactis</i>	1
83.	<i>B. aquikefiri</i>	1
84.	<i>B. mongoliense</i>	1
85.	<i>B. tibiigranuli</i>	1
86.	<i>B. subtile</i>	1
87.	<i>Gardenerella swidsinskii</i>	1

1.3. Marqueurs ARNr 16S

L'ARNr 16S (ARN ribosomique 16S) est une molécule d'ARN (acide ribonucléique) qui fait partie de la sous-unité ribosomique 30S des ribosomes, des complexes cellulaires responsables de la traduction de l'information génétique contenue dans l'ARN messager en protéines. Il est codé par le gène ARNr est le gène ARNr 16S, présent dans l'ensemble des espèces bactériennes en un nombre variable de copies il est composé d'environ 1500 nucléotides et est constitué de sept régions conservées et de neuf régions hypervariables, et donc souvent utilisée comme marqueur moléculaire pour étudier la diversité et la phylogénie des bactéries (Renvoisé, 2012).

L'utilisation de l'ARNr 16S comme marqueur présente des inconvénients, notamment la difficulté de différencier les espèces très proches. Malgré cela l'ARNr 16S est largement utilisé en biologie moléculaire et en taxonomie microbienne en raison de sa conservation et de sa présence universelle. Grâce à la séquençage et à la comparaison des séquences d'ARNr 16S de différentes espèces, il est possible de déterminer leurs relations phylogénétiques et de reconstruire des arbres évolutifs. Cette technique, connue sous le nom de phylogénie moléculaire, permet d'identifier et de classer les organismes, y compris les bactéries, en fonction de leur similarité génétique (Lee, 2006).

Dans cette étude, nous avons recherché de *Bifidobacterium* en utilisant des séquences d'ARNr 16S comme marqueurs.

1.4. Alignement multiple des séquences

L'alignement multiple des séquences est une étape essentielle en construction phylogénétique, peut être effectué à l'aide de divers logiciels bioinformatiques, tels que, Bioedit, Clustal Omega, MUSCLE ou Mega, Dans notre étude l'alignement des séquences nucléotidiques a été réalisé en utilisant l'algorithme MUSCLE intégré au logiciel MEGA version 11. Le logiciel MEGA version 11 est disponible en téléchargement sur le lien suivant: www.megasoftware.net.

L'objectif de l'alignement multiple des séquences est de comparer deux ou plusieurs séquences biologiques (ADN, ARN, protéines) afin d'identifier les régions similaires et les régions différentes entre ces séquences. De plus l'alignement multiple peut être appliqué à la prédiction de la structure tridimensionnelle des protéines, à l'identification de mutations ou de variations génétiques, ainsi qu'à la construction d'arbre phylogénétiques (Diniz et Canduri, 2017).

Pour effectuer l'alignement nous avons suivi les étapes suivantes :

- Nous avons téléchargé la dernière version de logiciel MEGA.
- Le fichier des séquences (format Fasta) est importé dans le MEGA.
- En cliquant sur l'icône (Align) puis (Edit / Build Alignement).
- Nous avons sélectionné (Create New Alignement) et cliqué sur OK, une boîte de dialogue apparaîtra demandant (Are you building a DNA or protein sequence alignment ?) nous avons cliqué sur le bouton (DNA).
- Dans le menu principal de l'explorateur d'alignement, nous avons sélectionné (Data / open / Retrieve sequences from file).
- Nous avons appuyé sur (Edit) puis (Select All) sélectionner tous les sites pour chaque séquence de l'ensemble de données.
- Nous avons cliqué sur (MUSCLE), un petit menu a apparu, et choisi l'option (align DNA).
- Selon le nombre de séquences impliquées et la méthode choisie, l'alignement peut prendre de quelques secondes à quelques heures.
- Une fois l'alignement terminé nous avons enregistré notre nouveau fichier (format FASTA).

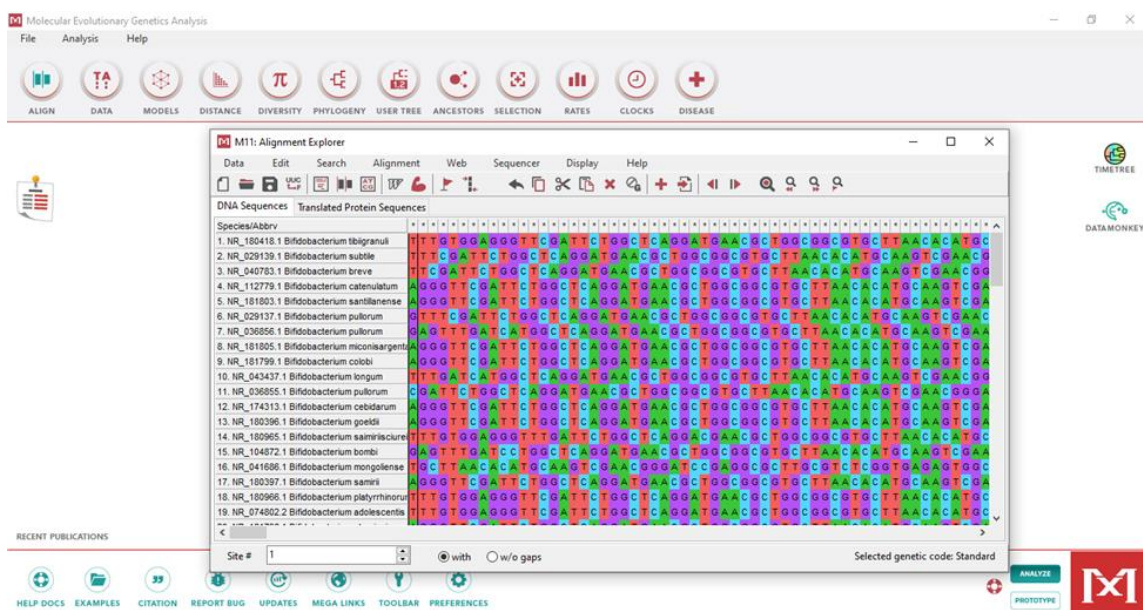


Figure 07. Interface de logiciel MEGA 11 pour l'alignement multiple des séquences.

1.5. Nettoyage des séquences

L'alignement multiple des séquences est souvent incomplet ou très divergent, ce qui peut conduire à un mauvais alignement et à des lacunes importantes. Cela ralentit les calculs et peut avoir un impact sur les conclusions sans être biologiquement pertinent. Le nettoyage de l'alignement en supprimant les problèmes courants tels que les lacunes, les séquences divergentes, les insertions et les suppressions importantes et les extrémités de séquences mal alignées, peut améliorer considérablement les analyses (Tumescheit *et al.*, 2021).

Il existe des méthodes et plusieurs logiciels et plateformes en ligne qui permettent de nettoyer les séquences mal alignées, tels que (BioEdit, BMGE, Gblocks, MEGA, MAFFT ...). Dans notre étude, le résultat d'alignement a été nettoyé manuellement à l'aide de logiciel MEGA.

1.6. Construction de l'arbre phylogénétique

Nous avons utilisé la plateforme NG-Phylogeny, disponible à l'adresse suivante: <https://ngphylogeny.fr/>, pour construire notre arbre phylogénétique. Après avoir accédé à la plateforme NG-Phylogeny, nous avons suivi les étapes suivantes :

- Une fois connectés à la plateforme de NG-phylogeny nous avons été dirigés vers l'interface utilisateur.
- Nous avons cliqué sur l'option **phylogeny analysis** dans la barre de menu.
- Un petit menu contextuel est apparu, offrant différentes options, nous avons sélectionné l'option **à la carte**.
- La fenêtre qui est apparue à l'écran présente les quatre étapes de construction de l'arbre: (**Multiple Alignment, Alignment Curation, Tree Inference, Tree Rendering**) chaque étape comprend des sous menus à partir desquels nous pouvons choisir les logiciels que nous souhaitons utiliser. Nous avons déjà effectué la première et deuxième étape, qui consiste à aligner plusieurs séquences et nettoyer les séquences nucléiques, et nous avons choisi la méthode **MrBayes**. Ensuite nous avons appuyé sur le bouton **Create Workflow** pour lancer la construction de l'arbre phylogénétique.

1.6.1. MrBayes

L'inférence bayésienne présente plusieurs avantages par rapport à d'autres méthodes d'inférence phylogénétique, notamment une interprétation facile des résultats, la possibilité

d'incorporer des informations a priori (si de telles informations sont disponibles) et certains avantages computationnels (Huelsenbeck et Ronquist, 2001).

1.6.2. Visualisation de l'arbre

Nous avons utilisé le logiciel iTOL pour visualiser l'arbre phylogénétique, qui est un outil en ligne accessible depuis n'importe quel navigateur web moderne (<https://itol.embl.de/>). iTOL offre une variété de fonctionnalités courantes pour la visualisation des arbres phylogénétiques, et prend en charge plusieurs formats d'affichage, tels que racinés ou non racinés, rectangulaires ou radiaux. Pour notre étude, nous avons utilisé iTOL pour visualiser l'arbre phylogénétique et nous avons choisi de raciner manuellement l'arbre sur *Gardnerella swidsinskii*, le groupe externe, et avons opté pour un format d'affichage rectangulaire.

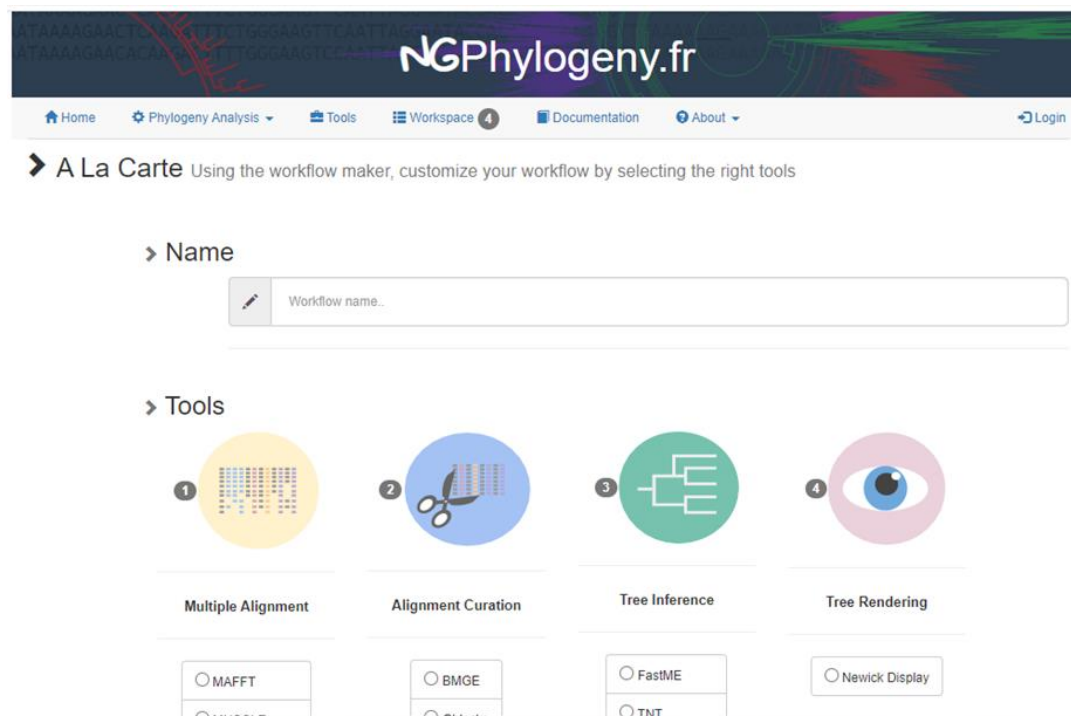


Figure 08. Interface de la plateforme NG-phylogeny.

1.7. Délimitation des espèces

Afin d'obtenir une connaissance approfondie de la diversité des espèces de *Bifidobacterium* et de permettre une classification précise et cohérente, nous avons employé diverses approches et méthodes. Ces méthodes incluent l'utilisation d'approches basées sur les arbres phylogénétiques ainsi que des approches intégratives qui combinent plusieurs types de données. Dans notre étude, nous avons appliqué quatre méthodes de délimitation. Parmi ces

méthodes, deux sont basées sur la distance génétique (ASAP et ABGD) et deux sont basées sur l'arbre phylogénétique (bPTP et, mPTP).

1.7.1. ASAP (Assemble Species by Automatic Partitioning)

Nous avons accédé à la plateforme en utilisant le lien suivant <https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/asap/asapweb.html>

Nous avons téléchargé le fichier contenant les séquences alignées au format FASTA. Nous avons laissé les paramètres par défaut et cliqué sur le bouton GO pour démarrer le processus de délimitation, la durée peut varier en fonction de la taille des séquences et des paramètres sélectionnés.

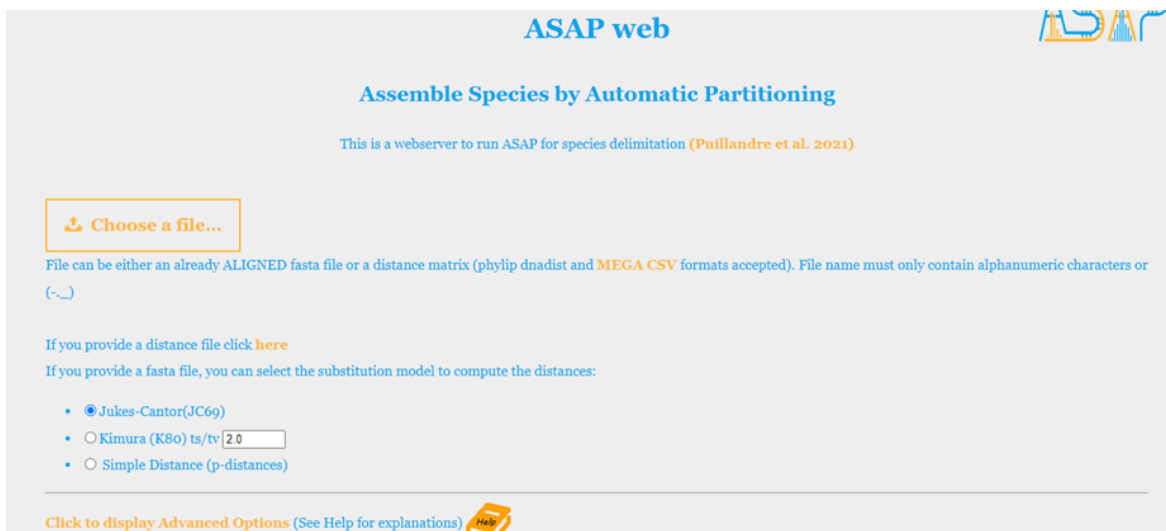


Figure 09. Interface de plateforme ASAP.

1.7.2. ABGD (Automatic Barcode Gap Discovery)

ABGD a été traité sur la plateforme en utilisant le lien suivant: <https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdweb.html>

Nous avons utilisé le jeu de données d'alignement, fichier FASTA, comme fichier d'entrée. Nous avons fixé le paramètre x (relative Gap width) =0,15 et nous avons laissé les autres paramètres par défaut puis cliqué sur le bouton GO.

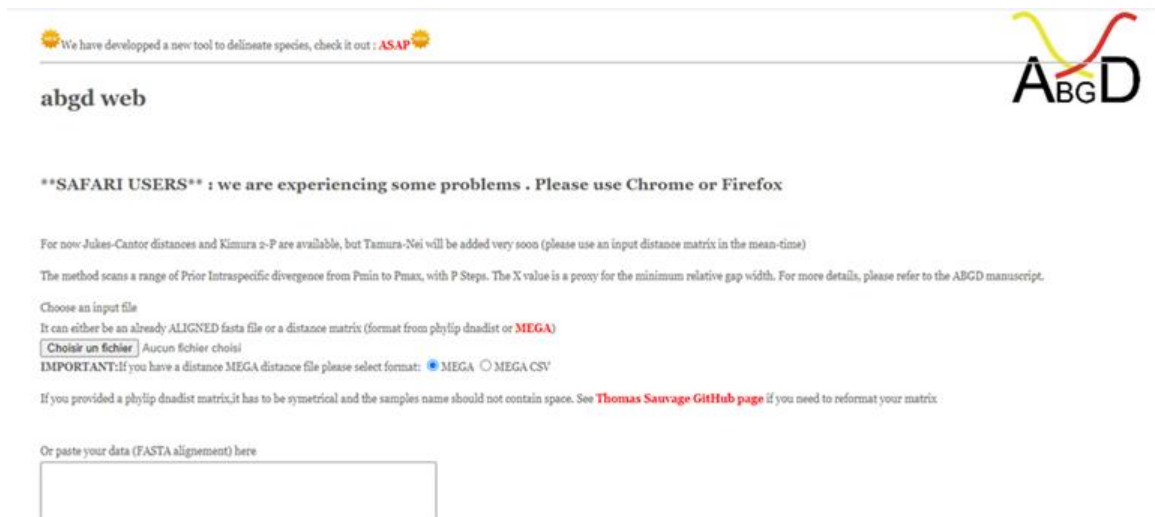


Figure 10. Interface de plateforme ABGD.

1.7.3. mPTP (modèle multi-rate Poisson Processes)

Nous avons accédé à la plateforme mPTP en utilisant le lien suivant: <https://mptp.h-its.org/#/tree>

Une fenêtre s'est ouverte, Ensuite, nous avons importé notre fichier contenant l'arbre phylogénétique au format ML. Après avoir introduit notre fichier, Nous avons sélectionné

L'Outgroupe ou le exo-groupe: *Gradnerrella swidsinskii*, son code de GenBank est: Nr. 171540). Ensuite, nous avons cliqué sur (model selection) pour démarrer le processus de délimitation.

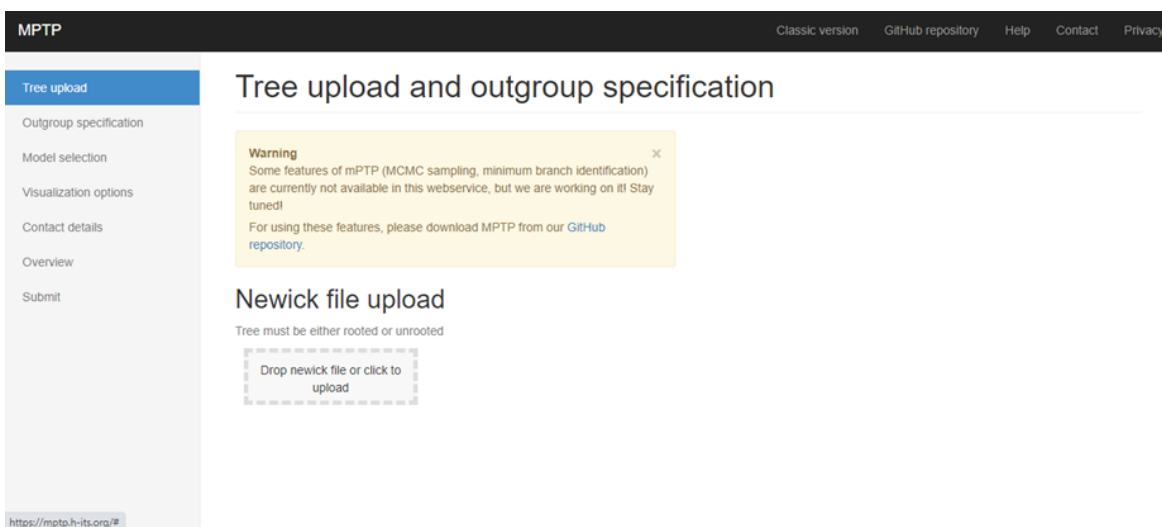


Figure 11. Interface de plateforme mPTP.

1.7.4. bPTP (Bayesian Poisson Tree Processes)

Nous avons accédé à la plateforme en utilisant le lien suivant: <https://species.h-its.org/>

Ensuite, nous avons importé le fichier de l'arbre phylogénétique au format Bayésien. Nous sélectionné l'option (Rooted) et saisi le nom du groupe externe *Gradnerrella swidsinski*.

De plus, nous avons ajouté notre adresse Gmail et cliqué sur le bouton (Submit).

bPTP web server GMYC web server About PTP and bPTP The Exelixis Lab

BPTP SPECIES DELIMITATION
bPTP web server
Look up jobs
Help
About PTP and bPTP
PTP paper
Download PTP and bPTP

SERVER STATUS
Free cluster nodes: 8
Total cluster nodes: 10

bPTP server: a Bayesian implementation of the PTP model for species delimitation
with PhyloMap for visualization

Please cite: [A General Species Delimitation Method with Applications to Phylogenetic Placements, Zhang, Jiajie, Kapli, P., Pavlidis, P., and Stamatakis, A. Bioinformatics \(Oxford, England\) 2013, 29 \(22\), 2869-2876](#)

bPTP is an updated version of the original maximum likelihood PTP (maximum likelihood PTP search result is part of the bPTP results), it adds Bayesian support (BS) values to delimited species on the input tree. Higher BS value on a node indicates all descendants from this node are more likely to be from one species. Note this web server only allows a single phylogenetic tree as input - to run on multiple trees (from Bayesian analysis or bootstrap), please download the [bPTP and PTP standalone](#).

If you are not familiar with Bayesian analysis, please [read this first](#).

The server will only accept Newick format or NEXUS format with no annotations on the tree.
Here is an [example of Newick format](#) and an [example of NEXUS format](#).

Special note on taxa name: A valid taxa name should only contains letters, numbers, _ and -; and should NOT be pure numbers. Any other characters, in particular space, \$, #, %, (and), will cause errors!

My phylogenetic input tree, if input file contains multiple trees, only the first tree will be used:
 Aucun fichier choisi

My tree is:
Unrooted If unrooted, the tree will be rooted at the longest branch.

No. MCMC generations:

Figure 12. Interface de plateforme bPTP.

Chapitre 05 :

Résultats et discussion

Ce chapitre expose les résultats exhaustifs obtenus à partir du téléchargement et de la modification des séquences, de la création de l'arbre phylogénétique, ainsi que de la délimitation des espèces.

Les résultats détaillent l'identification et la caractérisation des différentes espèces, ainsi que leur positionnement dans l'arbre phylogénétique selon les marqueurs moléculaires analysés. Des analyses complémentaires ont également été effectuées pour évaluer leur biodiversité et leur conservation. Ces résultats fournissent une base solide pour approfondir la compréhension de la phylogénie et de l'évolution de ces espèces dans leur environnement naturel.

1.1. Résultats et discussion

Genbank permet de rechercher et de télécharger plusieurs séquences génétiques de *Bifidobacterium* provenant d'espèces différentes. Dans notre étude, nous avons examiné 105 séquences d'ARNr 16S provenant de 87 espèces de *Bifidobacterium* avec des longueurs allant de 1228 à 1530 pb et chacune ayant un numéro d'accès associé. L'alignement multiple des séquences est une étape essentielle pour comprendre les relations entre ces séquences et pour comparer et analyser leurs similitudes et leurs différences.



Figure 13. Affichage d'alignement multiple des séquences de *Bifidobacterium* par le logiciel MEGA

Pour examiner de manière approfondie les relations évolutives entre les différentes espèces de genre *Bifidobacterium*, un arbre phylogénétique basé sur l'ARNr 16S a été construit à partir de 105 séquences de *Bifidobacterium*, comprenant 87 espèces différentes. Dans notre cas, l'arbre phylogénétique est représenté par la méthode de MrBayes.

Tree scale: 0.1

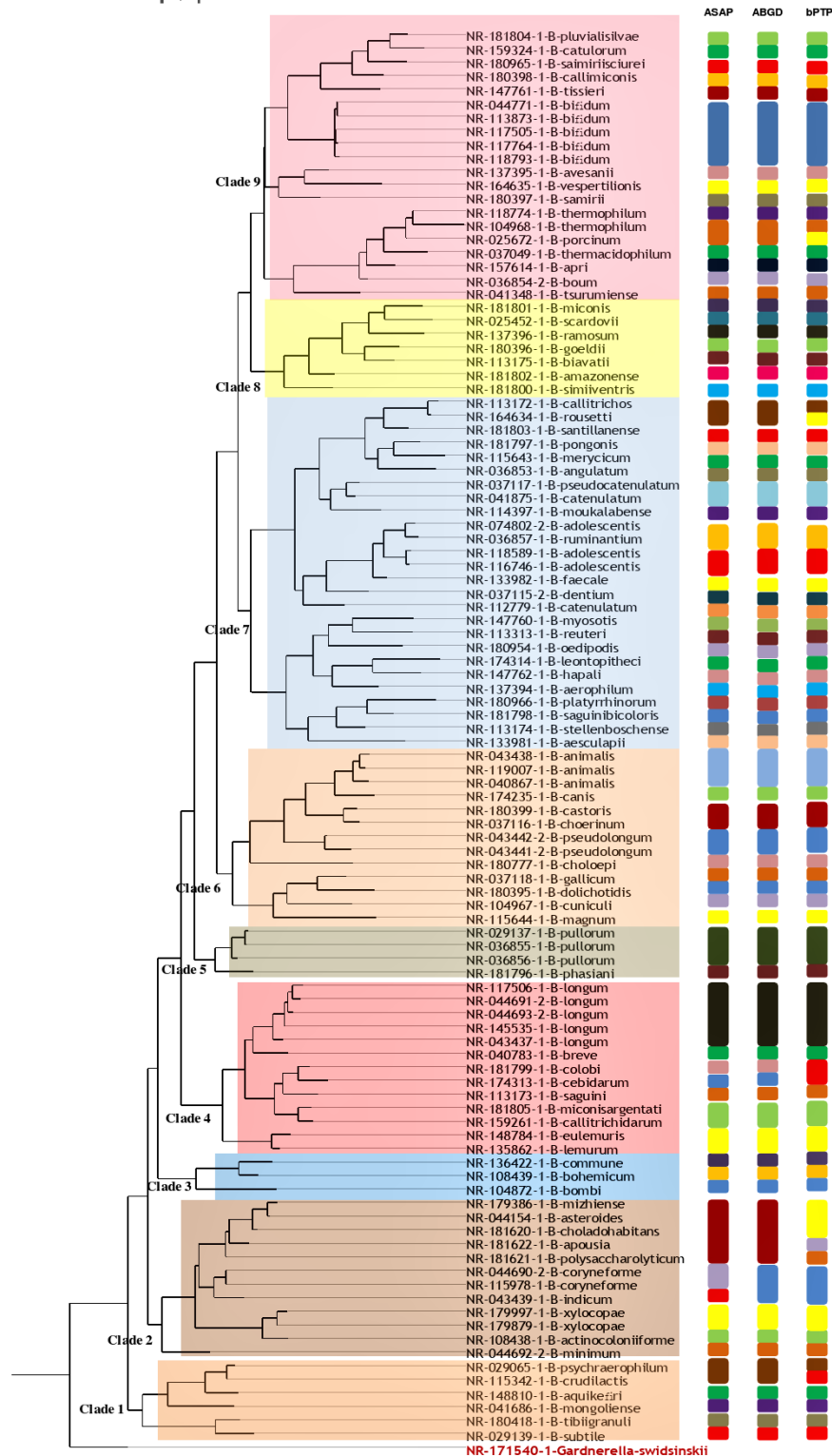


Figure 14. Résultats de l'analyse de délimitation des espèces de *Bifidobacterium* sur l'arbre phylogénétique par inférence Bayésienne. Les barres de couleur à droite de chaque clade correspondent aux résultats des analyses de délimitation des espèces basées sur: ASAP et ABGD, bPTP et mPTP.

Il est possible de distinguer neuf clades principaux dans l'arbre bayésien :

Le résultat de l'inférence bayésienne phylogénétique a permis d'obtenir un arbre qui comporte neuf clades principaux.

Le Clade 1 se subdivise en deux sous-clades: le premier inclut deux espèces, *B. subtile* et *B. tibiigranuli*, tandis que le deuxième regroupe quatre espèces, *B. mongoliense*, *B. aquikefiri*, *B. crudilactis*, et *B. psychraerophilum*.

Le Clade 2 se divise également en deux sous-clades: le premier sous-clade est constitué d'une seule espèce, *B. minimum*, tandis que le deuxième sous-clade comprend plusieurs subdivisions ou branches supplémentaires, à savoir *B. actinocoloniiforme*, *B. xylocopae*, *B. xylocopae*, *B. indicum*, *B. coryneforme*, *B. coryneforme*, *B. polysaccharolyticum*, *B. apousia*, *B. choladohabitans*, *B. asteroides*, et *B. mizhiense*.

Le Clade 3 est également subdivisé en deux sous-clades: le premier sous-clade ne comprend qu'une seule espèce, *B. bombi*, tandis que le deuxième sous-clade contient deux espèces, *B. bohemicum* et *B. commune*.

Le Clade 4 est subdivisé en deux sous-clades: le premier contient deux espèces, *B. lemurum* et *B. eulemuris*, tandis que le deuxième sous-clade comprend onze espèces, à savoir *B. callitrichidarum*, *B. miconisargentati*, *B. saguini*, *B. cebidarum*, *B. colobi* et plusieurs occurrences de *B. longum*.

Le Clade 5 est subdivisé en deux sous-clade: le premier sous-clade comprend une seule espèce, *B. phasiani*, tandis que le deuxième sous-clade comprend trois espèces, *B. pullorum*, *B. pullorum*, *B. pullorum*.

Le Clade 6 se subdivise en deux sous-clade: le premier sous-clade comprend quatre espèces, *B. magnum*, *B. cuniculi*, *B. dolichotidis*, *B. gallicum*, tandis que le deuxième sous-clade comprend neuf espèces, *B. choloepi*, *B. pseudolongum*, *B. pseudolongum*, *B. choerinum*, *B. castoris*, *B. canis*, *B. animalis*, *B. animalis*, *B. animalis*.

Le Clade 7 est le plus grand parmi les autres clades et se divise en deux sous-clade distincts: le premier sous-clade comprend autre branche supplémentaire, *B. aesculapii*, *B. stellenboschense*, *B. saguinibicoloris*, *B. platyrrhinorum*, *B. aerophilum*, *B. hapali*, *B. leontopithecii*, *B. oedipodis*, *B. reuteri*, *B. myosotis*, tandis que le deuxième sous-clade comprend autre branche supplémentaire: *B. catenulatum*, *B. dentium*, *B. faecal*, *B. adolescentis*, *B. adolescentis*, *B. ruminantium*, *B. adolescentis*, *B. moukalabense*,

B. catenulatum, *B. pseudocatenulatum*, *B. angulatum*, *B. merycicum*, *B. pongonis*, *B. santillanense*, *B. rousetti*, *B. callitrichos*.

La Clade 8 se subdivise en deux sous clade: le premier sous clade comprend une seule espèce: *B. simiiventris*, tandis que le deuxième sous clade comprend six espèces: *B. amazonense*, *B. biavatii*, *B. goeldii*, *B. ramosum*, *B. scardovii*, *B. miconis*.

Enfin, le clade 9 est subdivisé en quatre sous clade: le premier sous clade comprend sept espèces: *B. tsurumiense*, *B. boum*, *B. apri*, *B. thermoacidophile*, *B. porcinum*, *B. thermophilum*, *B. thermophilum*, le deuxième sous clade comprend trois espèces: *B. samirii*, *B. vespertilionis*, *B. avesanii*, le troisième sous clade comprend cinq espèces: *B. bifidum*, *B. bifidum*, *B. bifidum*, *B. bifidum*, *B. bifidum*, le quatrième sous clade comprend cinq espèces: *B. tissier*, *B. callimiconis*, *B. saimiriisciurei*, *B. catulorum*, *B. pluvialisilvae*.

La Figure 14 montre les résultats de chaque méthode de délimitation des espèces, représentés par des barres aux extrémités de l'arbre phylogénétique. Les identifications morphologiques ont été comparées aux résultats de la délimitation moléculaire phylogénétique des espèces.

Les résultats de délimitation des espèces ont montré :

- 75 mOTU par la méthode ABGD.
- 77 mOTU par la méthode ASAP.
- 79 mOTU par la méthode bPTP.
- 11 mOTU par la méthode mPTP.

Les résultats de la délimitation des espèces ont montré :

Les trois méthodes de délimitation des espèces utilisées (ASAP, ABGD, bPTP) ont généralement abouti aux mêmes résultats que les identifications morphologiques, bien qu'il y ait eu des exceptions.

Pour les espèces *B. thermophilum* NR104968 et *B. porcinum* NR025672 du neuvième clade, les méthodes ASAP et ABGD ont considéré les deux espèces comme une seule, mais ont identifié *B. thermophilum* NR104968 et *B. thermophilum* NR118774 comme distinctes. Cependant, la méthode bPTP a séparé les trois espèces. Cela suggère que *B. thermophilum* NR104968 est une espèce à part entière distincte des autres.

Dans le septième clade, la méthode bPTP a différencié les deux espèces *B. callitrichos* NR113172 et *B. rousetti* NR164634, tandis que les méthodes ABGD et ASAP les ont regroupées en une seule espèce, conformément aux identifications morphologiques.

Pour le quatrième clade, les méthodes ABGD et ASAP ont séparé les deux espèces *B. colobi* NR181799 et *B. cebidarum* NR174313, ce qui correspond aux identifications morphologiques. Cependant, la méthode bPTP les a regroupées.

Dans le deuxième clade, les méthodes ABGD et ASAP ont regroupé cinq espèces en une seule: *B. mizhiense* NR179386, *B. asteroides* NR044154, *B. choladohabitans* NR181620, *B. apousia* NR181622, *B. polysaccharolyticum* NR181621 en une seule entité taxonomique (mOTU), tandis que la méthode bPTP a identifié trois espèces distinctes. Il est possible que les trois espèces soient en réalité le même groupe.

Dans le même clade, les méthodes ABGD et bPTP ont regroupé trois espèces, *B. coryneforme* NR044690, *B. coryneforme* NR115978, et *B. indicum* NR043439, tandis que la méthode ASAP a séparé *B. indicum* NR043439.

Dans le premier clade, les méthodes ASAP et ABGD ont regroupé deux espèces *B. psychraerophilum* NR029065 et *B. crudilactis* NR115342, tandis que la méthode bPTP les a séparées, ce qui correspond à l'identification morphologique.

La méthode mPTP a identifié 11 espèces distinctes

Tableau 03. Résultat de multi-rate Poisson Tree Processes-mPTP.

N°	Espèce
MOTU-1	NR-044692-2-Bifidobacterium-minimum
	NR-181620-1-Bifidobacterium-choladohabitans
	NR-181622-1-Bifidobacterium-apousia
	NR-181621-1-Bifidobacterium-polysaccharolyticum
	NR-044154-1-Bifidobacterium-asteroides
	NR-179386-1-Bifidobacterium-mizhiense
	NR-108438-1-Bifidobacterium-actinocoloniiforme
	NR-179879-1-Bifidobacterium-xylocopae

	<p>NR-179997-1-<i>Bifidobacterium-xylocopae</i></p> <p>NR-043439-1-<i>Bifidobacterium-indicum</i></p> <p>NR-115978-1-<i>Bifidobacterium-coryneforme</i></p> <p>NR-044690-2-<i>Bifidobacterium-coryneforme</i></p>
MOTU-2	<p>NR-164635-1-<i>Bifidobacterium-vespertilionis</i></p> <p>NR-137395-1-<i>Bifidobacterium-avesanii</i></p> <p>NR-180397-1-<i>Bifidobacterium-samirii</i></p> <p>NR-147761-1-<i>Bifidobacterium-tissieri</i></p> <p>NR-180398-1-<i>Bifidobacterium-callimiconis</i></p> <p>NR-180965-1-<i>Bifidobacterium-saimiriisciurei</i></p> <p>NR-181804-1-<i>Bifidobacterium-pluvialisilvae</i></p> <p>NR-159324-1-<i>Bifidobacterium-catulorum</i></p> <p>NR-118793-1-<i>Bifidobacterium-bifidum</i></p> <p>NR-044771-1-<i>Bifidobacterium-bifidum</i></p> <p>NR-117505-1-<i>Bifidobacterium-bifidum</i></p> <p>NR-113873-1-<i>Bifidobacterium-bifidum</i></p> <p>NR-117764-1-<i>Bifidobacterium-bifidum</i></p> <p>NR-113313-1-<i>Bifidobacterium-reuteri</i></p> <p>NR-041348-1-<i>Bifidobacterium-tsurumiense</i></p> <p>NR-036854-2-<i>Bifidobacterium-boum</i></p> <p>NR-157614-1-<i>Bifidobacterium-apri</i></p> <p>NR-037049-1-<i>Bifidobacterium-thermacidophilum</i></p> <p>NR-025672-1-<i>Bifidobacterium-porcinum</i></p> <p>NR-118774-1-<i>Bifidobacterium-thermophilum</i></p> <p>NR-104968-1-<i>Bifidobacterium-thermophilum</i></p>

MOTU-3	<p>NR-112779-1-<i>Bifidobacterium-catenulatum</i></p> <p>NR-037115-2-<i>Bifidobacterium-dentium</i></p> <p>NR-133982-1-<i>Bifidobacterium-faecale</i></p> <p>NR-036857-1-<i>Bifidobacterium-ruminantium</i></p> <p>NR-074802-2-<i>Bifidobacterium-adolescentis</i></p> <p>NR-118589-1-<i>Bifidobacterium-adolescentis</i></p> <p>NR-116746-1-<i>Bifidobacterium-adolescentis</i></p> <p>NR-036853-1-<i>Bifidobacterium-angulatum</i></p> <p>NR-181797-1-<i>Bifidobacterium-pongonis</i></p> <p>NR-115643-1-<i>Bifidobacterium-merycicum</i></p> <p>NR-181803-1-<i>Bifidobacterium-santillanense</i></p> <p>NR-113172-1-<i>Bifidobacterium-callitrichos</i></p> <p>NR-164634-1-<i>Bifidobacterium-rousetti</i></p> <p>NR-114397-1-<i>Bifidobacterium-moukalabense</i></p> <p>NR-037117-1-<i>Bifidobacterium-pseudocatenulatum</i></p> <p>NR-041875-1-<i>Bifidobacterium-catenulatum</i></p>
MOTU-4	<p>NR-133981-1-<i>Bifidobacterium-aesculapii</i></p> <p>NR-113174-1-<i>Bifidobacterium-stellenboschense</i></p> <p>NR-180966-1-<i>Bifidobacterium-platyrrhinorum</i></p> <p>NR-147760-1-<i>Bifidobacterium-myosotis</i></p> <p>NR-181798-1-<i>Bifidobacterium-saguinibicoloris</i></p> <p>NR-025452-1-<i>Bifidobacterium-scardovii</i></p> <p>NR-137396-1-<i>Bifidobacterium-ramosum</i></p> <p>NR-181802-1-<i>Bifidobacterium-amazonense</i></p>

	<p>NR-181800-1-<i>Bifidobacterium-simiiventris</i></p> <p>NR-180396-1-<i>Bifidobacterium-goeldii</i></p> <p>NR-181801-1-<i>Bifidobacterium-miconis</i></p> <p>NR-113175-1-<i>Bifidobacterium-biavatii</i></p> <p>NR-137394-1-<i>Bifidobacterium-aerophilum</i></p> <p>NR-174314-1-<i>Bifidobacterium-leontopithecii</i></p> <p>NR-147762-1-<i>Bifidobacterium-hapali</i></p>
MOTU-5	<p>NR-180777-1-<i>Bifidobacterium-choloepi</i></p> <p>NR-115644-1-<i>Bifidobacterium-magnum</i></p> <p>NR-104967-1-<i>Bifidobacterium-cuniculi</i></p> <p>NR-180395-1-<i>Bifidobacterium-dolichotidis</i></p> <p>NR-037118-1-<i>Bifidobacterium-gallicum</i></p> <p>NR-043441-2-<i>Bifidobacterium-pseudolongum</i></p> <p>NR-043442-2-<i>Bifidobacterium-pseudolongum</i></p> <p>NR-174235-1-<i>Bifidobacterium-canis</i></p> <p>NR-040867-1-<i>Bifidobacterium-animalis</i></p> <p>NR-043438-1-<i>Bifidobacterium-animalis</i></p> <p>NR-119007-1-<i>Bifidobacterium-animalis</i></p> <p>NR-037116-1-<i>Bifidobacterium-choerinum</i></p> <p>NR-180399-1-<i>Bifidobacterium-castoris</i></p>
MOTU-6	<p>NR-040783-1-<i>Bifidobacterium-breve</i></p>
MOTU-7	<p>NR-043437-1-<i>Bifidobacterium-longum</i></p> <p>NR-145535-1-<i>Bifidobacterium-longum</i></p> <p>NR-044693-2-<i>Bifidobacterium-longum</i></p> <p>NR-117506-1-<i>Bifidobacterium-longum</i></p> <p>NR-044691-2-<i>Bifidobacterium-longum</i></p>

MOTU-8	NR-174313-1-<i>Bifidobacterium-cebidarum</i> NR-181799-1-<i>Bifidobacterium-colobi</i> NR-113173-1-<i>Bifidobacterium-saguini</i> NR-159261-1-<i>Bifidobacterium-callitrichidarum</i> NR-181805-1-<i>Bifidobacterium-miconisargentati</i>
MOTU-9	NR-148784-1-<i>Bifidobacterium-eulemuris</i> NR-135862-1-<i>Bifidobacterium-lemurum</i>
MOTU-10	NR-181796-1-<i>Bifidobacterium-phasiani</i> NR-180954-1-<i>Bifidobacterium-oedipodis</i> NR-036856-1-<i>Bifidobacterium-pullorum</i> NR-036855-1-<i>Bifidobacterium-pullorum</i> NR-029137-1-<i>Bifidobacterium-pullorum</i>
MOTU-11	NR-104872-1-<i>Bifidobacterium-bombi</i> NR-108439-1-<i>Bifidobacterium-bohemicum</i> NR-136422-1-<i>Bifidobacterium-commune</i> NR-041686-1-<i>Bifidobacterium-mongoliense</i> NR-148810-1-<i>Bifidobacterium-aquikefiri</i> NR-115342-1-<i>Bifidobacterium-crudilactis</i> NR-029065-1-<i>Bifidobacterium-psychraerophilum</i> NR-029139-1-<i>Bifidobacterium-subtile</i> NR-180418-1-<i>Bifidobacterium-tibiigranuli</i>

D'après les résultats que nous avons obtenus, nous concluons que la délimitation des espèces par ces quatre méthodes nous aide à comprendre la diversité des espèces présentes dans l'arbre phylogénétique en identifiant les groupes qui représentent des entités

taxonomiques distinctes. De plus, la méthode bPTP a donné les meilleurs résultats par rapport aux autres méthodes.

Cette classification des neuf clades principaux permet de regrouper des espèces qui partagent des probablement des caractéristiques communes en fonction de leurs relations évolutives. Cette analyse phylogénétique bayésienne peut donc aider à mieux comprendre la diversité et les relations entre différentes espèces de *Bifidobacterium*.

Il convient toutefois de noter que cette classification est basée sur plusieurs critères et hypothèses qui peuvent être remises en question ou affinées par d'autres méthodes d'analyse ou des données complémentaires. De plus, la diversité réelle de *Bifidobacterium* peut être encore plus complexe, avec des variations intra-espèces et des relations évolutives plus nuancées. Néanmoins, cette analyse bayésienne fournit un premier aperçu intéressant de la diversité de *Bifidobacterium*.

Dans l'ensemble, cette classification des neuf clades principaux fournit une première étape importante pour mieux comprendre la diversité des espèces de *Bifidobacterium* et peut faciliter la recherche future sur cette importante bactérie de l'intestin humain et d'autres environnements.

Conclusion

Conclusion

Notre étude visait à construire un arbre phylogénétique du genre *Bifidobacterium* en utilisant des séquences disponibles sur Genbank. Nous avons utilisé le programme Blast pour comparer les séquences et identifier des séquences similaires. Les séquences d'ARNr 16S alignées ont été introduites dans la plate-forme NG-phylogeny, et la méthode de Bayes a été utilisée pour construire l'arbre phylogénétique. Ensuite, nous avons utilisé les méthodes ASAP, ABGD, bPTP et mPTP pour délimiter les espèces.

Les méthodes ASAP, ABGD et bPTP ont donné des résultats presque similaires en ce qui concerne la délimitation des espèces, tandis que la méthode mPTP a donné un résultat différent. La méthode bPTP a été considérée comme la meilleure en raison de sa capacité à identifier les caractéristiques morphologiques et à confirmer la distribution des espèces dans l'arbre phylogénétique.

Les bactéries du genre *Bifidobacterium* sont essentielles pour la santé et la nutrition humaine, et elles se trouvent dans diverses écologies telles que l'intestin humain et animal, le sol, l'eau, les plantes et les produits fermentés. Cependant, l'obtention, l'alignement et la préparation des séquences génétiques pour l'analyse phylogénétique peuvent être difficiles pour les débutants. Il est important de savoir où trouver les données, comment les récupérer et comment les formater correctement. De plus, une interprétation précise des résultats de l'arbre phylogénétique est essentielle, ce qui peut impliquer la visualisation de l'arbre, l'identification des relations évolutives et l'évaluation de la robustesse des branches.

Bien que notre étude ait montré une cohérence dans les résultats des méthodes de délimitation des espèces, il est important de noter que des résultats fiables ne peuvent pas toujours être garantis. De nombreuses études ont souligné que la plupart des approches de délimitation des espèces moléculaires sont sujettes à divers biais (Carstens et *al.*, 2013).

Bibliographie

Bibliographie

1. **Alessandri, G., van Sinderen, D., & Ventura, M. 2021.** The genus *Bifidobacterium*: from genomics to functionality of an important component of the mammalian gut microbiota. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 19:1472-1487.
2. **Baum, D. 2008.** Reading a phylogenetic tree: The meaning of monophyletic groups. *Nature Education* 1(1).
3. **Biavati, B., Vescovo, M., Torriani, S., & Bottazzi, V. 2000.** *Bifidobacteria*: history, ecology, physiology and applications. *Annals of microbiology*, 50(2):117-132.
4. **Blair, C., & Bryson Jr, R. W. 2017.** Cryptic diversity and discordance in single locus species delimitation methods within horned lizards (Phrynosomatidae: Phrynosoma). *Molecular Ecology Resources*, 17(6):1168-1182.
5. **Brandt, K., & Barrangou, R. 2016.** Phylogenetic analysis of the *Bifidobacterium* genus using glycolysis enzyme sequences. *Frontiers in Microbiology*, 7, 657.
6. **Caputo, A., Fournier, P. E., & Raoult, D. 2019.** Genome and pan-genome analysis to classify emerging bacteria. *Biology direct*, 14(1):1-9.
7. **Carstens, B. C., Pelletier, T. A., Reid, N. M., & Satler, J. D. 2013.** How to fail at species delimitation. *Molecular ecology*, 22(17):4369-4383.
8. **Choudhuri, S. 2014.** *Bioinformatics for beginners: genes, genomes, molecular evolution, databases and analytical tools.* Elsevier.
9. **De Queiroz, K. 2007.** Species concepts and species delimitation. *Systematic biology*, 56(6):879-886.
10. **Diniz, W. J. D. S., Canduri, F. 2017.** *Bioinformatics: an overview and its applications.* Genet Mol Res, 16(1) :17.
11. **Dong, X., Xin, Y., Jian, W., Liu, X., & Ling, D. 2000.** *Bifidobacterium thermacidophilum* sp. nov., isolated from an anaerobic digester. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 50(1):119-125.
12. **Esaiassen, E., Hjerde, E., Cavanagh, J. P., Simonsen, G. S., & Klingenberg, C. 2017.** *Bifidobacterium* bacteremia: clinical characteristics and a genomic approach to assess pathogenicity. *Journal of clinical microbiology*, 55(7):2234-2248.

13. **Esteban-Torres, M., Ruiz, L., Lugli, G. A., Ventura, M., Margolles, A., & Van Sinderen, D. 2021.** Role of *Bifidobacteria* in Human and Animal Health and Biotechnological Applications. *Frontiers in Microbiology*, 12 .
14. **Gavini, F., Pourcher, A. M., Bahaka, D., Freney, J., Romond, C., & Izard, D. 1990.** Le genre *Bifidobacterium*. Classification, identification, aspects critiques. *Médecine et Maladies Infectieuses*. 20:53-62.
15. **Gibbs, J. 2018.** DNA barcoding a nightmare taxon: assessing barcode index numbers and barcode gaps for sweat bees. *Genome*, 61(1):21-31.
16. **Graham, S. W., Olmstead, R. G., & Barrett, S. C. 2002.** Rooting phylogenetic trees with distant outgroups: a case study from the commelinoid monocots. *Molecular biology and evolution*, 19(10):1769-1781.
17. **Horiike, T. 2016.** An introduction to molecular phylogenetic analysis. *Reviews in Agricultural Science*, 4, 36-45.
18. **Huelsenbeck, J. P., Ronquist, F. 2001.** MRBAYES:Bayesian inference of phylogenetic trees. *OUP Academic*, 17(8):754-755.
19. **Kapli, P., Lutteropp, S., Zhang, J., Kobert, K., Pavlidis, P., Stamatakis, A., & Flouri, T. 2017.** Multi-rate Poisson tree processes for single-locus species delimitation under maximum likelihood and Markov chain Monte Carlo. *Bioinformatics*, 33(11):1630-1638.
20. **Leahy, S. C., Higgins, D. G., Fitzgerald, G. F., & Van Sinderen, D. 2005.** Getting better with *Bifidobacteria*. *Journal of applied microbiology*, 98(6):1303-1315.
21. **Lee, H. Y. 2006.** Étude phylogénétique des [gamma]-protéobactéries basée sur les gènes 16S ARNr et des gènes codant pour des protéines. Thèse de doctorat université, Montréal, 109 p.
22. **Letunic, I., & Bork, P. 2021.** Interactive Tree Of Life (iTOL) v5: an online tool for phylogenetic tree display and annotation. *Nucleic acids research*, 49(W1), W293-W296.
23. **Lopez, P., Casane, D., Philippe, H. 2002.** Phylogénie et évolution moléculaires-Bio-informatique (5). *médecine/sciences*, 18(11):1146-1154.
24. **Lugli, G. A., Milani, C., Turroni, F., Duranti, S., Mancabelli, L., Mangifesta, M., & Ventura, M. 2017.** Comparative genomic and phylogenomic analyses of the Bifidobacteriaceae family. *BMC genomics*, 18(1):1-15.

25. Luo, A., Ling, C., Ho, S. Y., & Zhu, C. D. 2018. Comparison of methods for molecular species delimitation across a range of speciation scenarios. *Systematic Biology*, 67(5):830-846.
26. Mallo, D., L., & Posada, D. 2016. SimPhy: phylogenomic simulation of gene, locus, and species trees. *Systematic biology*, 65(2):334-344.
27. Marcobal, A., & Sonnenburg, J. L. 2012. Human milk oligosaccharide consumption by intestinal microbiota. *Clinical Microbiology and Infection*, 18 :12-15.
28. Michonneau, F. 2016. Using GMYC for species Delineation.
<https://francoismichonneau.net/gmyc-tutorial/> ,(consulté le 14 mai 2023).
29. Milani, C., Lugli, G. A., Duranti, S., Turrone, F., Bottacini, F., Mangifesta, M., & Ventura, M. 2014. Genomic encyclopedia of type strains of the genus *Bifidobacterium*. *Applied and environmental microbiology*, 80(20):6290-6302.
30. Milani, C., Turrone, F., Duranti, S., Lugli, G. A., Mancabelli, L., Ferrario, C., & Ventura, M. 2016. Genomics of the genus *Bifidobacterium* reveals species-specific adaptation to the glycan-rich gut environment. *Applied and Environmental Microbiology*, 82(4):980-991.
31. Newell, P. D., Fricker, A. D., Roco, C. A., Chandrangsu, P., & Merkel, S. M. 2013. A small-group activity introducing the use and interpretation of BLAST. *Journal of microbiology & Biology education*, 14(2):238-243.
32. O'Callaghan, A., Van Sinderen, D. 2016. *Bifidobacteria* and their role as members of the of the human gut microbiota. *Frontiers in microbiology*, 7:925.
33. Passerat B. 1961. Activité lactique des *Bifidobacterium* leur intérêt nutritionnel dans la cadre de l'hypolactasite de l'adulte. Thèse de doctorat d'étatK, université Limoges, France. 150 p.
34. Patwardhan, A., Ray, S., & Roy, A. 2014. Molecular markers in phylogenetic studies-a review. *Journal of Phylogenetics & Evolutionary Biology*, 2:1-9.
35. Puillandre, N., Brouillet, S., & Achaz, G. 2021. ASAP: assemble species by automatic partitioning. *Molecular Ecology Resources*, 21(2):609-620.
36. Rannala B., Yang Z. 2020. Species Delimitation. *Phylogenetics in the Genomic Era*. chapter No. 5. 5, pp. 1-18.

37. **Renvoisé, A. 2012.** Applicabilité de la PCR" universelle" 16S comme outil d'identification et de détection bactérienne en laboratoire hospitalier de bactériologie. Thèse de doctorat, université Aix-Marseille, France, 109 p.
38. **Rodriguez, C. I., & Martiny, J. B. 2020.** Evolutionary relationships among *bifidobacteria* and their hosts and environments. *BMC genomics*, 21(1):1-12.
39. **Rodríguez-Ezpeleta, N. 2007.** Une approche phylogénomique pour inférer l'évolution des eucaryotes. Thèse de doctorat, Université de Montréal, Canada, 246 p.
40. **Ruiz-Moyano, S., Totten, S. M., Garrido, D. A., Smilowitz, J. T., German, J. B., Lebrilla, C. B., & Mills, D. A. 2013.** Variation in consumption of human milk oligosaccharides by infant gut-associated strains of *Bifidobacterium breve*. *Applied and environmental microbiology*, 79(19):6040-6049.
41. **Sakanaka, M., Gotoh, A., Yoshida, K., Odamaki, T., Koguchi, H., Xiao, JZ, & Katayama, T. 2019.** Voies variées des *Bifidobacterium* associées à l'intestin du nourrisson pour assimiler les oligosaccharides du lait maternel: prévalence de l'ensemble de gènes et sa corrélation avec la formation de microbiote riche en bifidobactéries. *Nutriments*, 12 (1):71.
42. **Sayers, E. W., Cavanaugh, M., Clark, K., Ostell, J., Pruitt, K. D., & Karsch-Mizrachi, I. 2019.** GenBank. *Nucleic acids research*, 47(Database issue), D94.
43. **Scott, A. D., Baum, D. A. 2016.** Phylogenetic tree, Volume 3. *The encyclopedia of evolutionary biology*. pp. 270-276.
44. **Slavin, J. 2013.** Fiber and prebiotics: mechanisms and health benefits. *Nutrients*, 5(4):1417-1435.
45. **Tahiri, N. 2012.** Un nouvel algorithme pour retrouver les relations phylogénétiques entre la distribution géographique des espèces comme exigence partielle des espèces et leur composition génétique. Mémoire, université du Québec, Montréal, 152 p.
46. **Tumescheit, C., Firth, A. E., & Brown, K. 2022.** CIAAlign: A highly customisable command line tool to clean, interpret and visualise multiple sequence alignments. *PeerJ*, 10, e12983.
47. **Willems, M. 2018.** Nouveaux algorithmes pour l'inférence de réseaux phylogénétique. Thèse de doctorat en informatique, université Québec, Montréal, 243 p.

- 48. Zhang, J., Kapli, P., Pavlidis, P., Stamatakis, A. 2013.** A general species delimitation method with applications to phylogenetic placements. *Bioinformatics*, 29(22):2869-2876.

Liens de plateformes

www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/

<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>

www.megasoftware.net

<https://ngphylogeny.fr/>

<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/asap/asapweb.html>

<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdweb.html>

<https://mptp.h-its.org/#/tree>

<https://species.h-its.org/>

Annexes

Annexes 01: Résultat de multi-rate Poisson Tree Processes-mPTP

```
Command: . . /bin/mptp mptp --ml --multi --outgroup NR-171540-1-
Gardnerella-swidsinskii-strain --outgroup_crop --tree_file . .
/uploads/9rqouefri0m83bs6iaogipnt22. newick -output_file. .
/uploads/9rqouefri0m83bs6iaogipnt22. 1
```

```
Number of edges greater than minimum branch length: 187 / 206Null-
model score: 532. 666076 Best score for multi coalescent rate:532. 666076
```

```
Number of delimited species: 11
```

Species 1:

```
NR-044692-2-Bifidobacterium-minimum
NR-181620-1-Bifidobacterium-choladohabitans
NR-181622-1-Bifidobacterium-apousia
NR-181621-1-Bifidobacterium-polysaccharolyticum
NR-044154-1-Bifidobacterium-asteroides
NR-179386-1-Bifidobacterium-mizhiense
NR-108438-1-Bifidobacterium-actinocoloniiforme
NR-179879-1-Bifidobacterium-xylocopae
NR-179997-1-Bifidobacterium-xylocopae
NR-043439-1-Bifidobacterium-indicum
NR-115978-1-Bifidobacterium-coryneforme
NR-044690-2-Bifidobacterium-coryneforme
```

Species 2:

```
NR-164635-1-Bifidobacterium-vespertilionis
NR-137395-1-Bifidobacterium-avesanii
NR-180397-1-Bifidobacterium-samirii
NR-147761-1-Bifidobacterium-tissieri
NR-180398-1-Bifidobacterium-callimiconis
NR-180965-1-Bifidobacterium-saimiriisciurei
NR-181804-1-Bifidobacterium-pluvialisilvae
NR-159324-1-Bifidobacterium-catulorum
```

NR-118793-1-Bifidobacterium-bifidum
NR-044771-1-Bifidobacterium-bifidum
NR-117505-1-Bifidobacterium-bifidum
NR-113873-1-Bifidobacterium-bifidum
NR-117764-1-Bifidobacterium-bifidum
NR-113313-1-Bifidobacterium-reuteri
NR-041348-1-Bifidobacterium-tsurumiense
NR-036854-2-Bifidobacterium-boum
NR-157614-1-Bifidobacterium-apri
NR-037049-1-Bifidobacterium-thermacidophilum
NR-025672-1-Bifidobacterium-porcinum
NR-118774-1-Bifidobacterium-thermophilum
NR-104968-1-Bifidobacterium-thermophilum

Species 3:

NR-112779-1-Bifidobacterium-catenulatum
NR-037115-2-Bifidobacterium-dentium
NR-133982-1-Bifidobacterium-faecale
NR-036857-1-Bifidobacterium-ruminantium
NR-074802-2-Bifidobacterium-adolescentis
NR-118589-1-Bifidobacterium-adolescentis
NR-116746-1-Bifidobacterium-adolescentis
NR-036853-1-Bifidobacterium-angulatum
NR-181797-1-Bifidobacterium-pongonis
NR-115643-1-Bifidobacterium-merycicum
NR-181803-1-Bifidobacterium-santillanense
NR-113172-1-Bifidobacterium-callitrichos
NR-164634-1-Bifidobacterium-rousetti
NR-114397-1-Bifidobacterium-moukalabense
NR-037117-1-Bifidobacterium-pseudocatenulatum

NR-041875-1-Bifidobacterium-catenulatum

Species 4:

NR-133981-1-Bifidobacterium-aesculapii

NR-113174-1-Bifidobacterium-stellenboschense

NR-180966-1-Bifidobacterium-platyrrhinorum

NR-147760-1-Bifidobacterium-mynosotis

NR-181798-1-Bifidobacterium-saguinibicoloris

NR-025452-1-Bifidobacterium-scardovii

NR-137396-1-Bifidobacterium-ramosum

NR-181802-1-Bifidobacterium-amazonense

NR-181800-1-Bifidobacterium-simiiiventris

NR-180396-1-Bifidobacterium-goeldii

NR-181801-1-Bifidobacterium-miconis

NR-113175-1-Bifidobacterium-biavatii

NR-137394-1-Bifidobacterium-aerophilum

NR-174314-1-Bifidobacterium-leontopitheci

NR-147762-1-Bifidobacterium-hapali

Species 5:

NR-180777-1-Bifidobacterium-choloepi

NR-115644-1-Bifidobacterium-magnum

NR-104967-1-Bifidobacterium-cuniculi

NR-180395-1-Bifidobacterium-dolichotidis

NR-037118-1-Bifidobacterium-gallicum

NR-043441-2-Bifidobacterium-pseudolongum

NR-043442-2-Bifidobacterium-pseudolongum

NR-174235-1-Bifidobacterium-canis

NR-040867-1-Bifidobacterium-animalis

NR-043438-1-Bifidobacterium-animalis

NR-119007-1-Bifidobacterium-animalis

NR-037116-1-Bifidobacterium-choerinum

NR-180399-1-Bifidobacterium-castoris

Species 6:

NR-040783-1-Bifidobacterium-breve

Species 7:

NR-043437-1-Bifidobacterium-longum

NR-145535-1-Bifidobacterium-longum

NR-044693-2-Bifidobacterium-longum

NR-117506-1-Bifidobacterium-longum

NR-044691-2-Bifidobacterium-longum

Species 8:

NR-174313-1-Bifidobacterium-cebidarum

NR-181799-1-Bifidobacterium-colobi

NR-113173-1-Bifidobacterium-saguini

NR-159261-1-Bifidobacterium-callitrichidarum

NR-181805-1-Bifidobacterium-miconisargentati

Species 9:

NR-148784-1-Bifidobacterium-eulemuris-strain

NR-135862-1-Bifidobacterium-lemurum

Species 10:

NR-181796-1-Bifidobacterium-phasiani

NR-180954-1-Bifidobacterium-oedipodis

NR-036856-1-Bifidobacterium-pullorum

NR-036855-1-Bifidobacterium-pullorum

NR-029137-1-Bifidobacterium-pullorum

Species 11:

NR-104872-1-Bifidobacterium-bombi

NR-108439-1-Bifidobacterium-bohemicum

NR-136422-1-Bifidobacterium-commune

NR-041686-1-Bifidobacterium-mongoliense

NR-148810-1-Bifidobacterium-aquikefiri

NR-115342-1-Bifidobacterium-crudilactis

NR-029065-1-Bifidobacterium-psychraerophilum

NR-029139-1-Bifidobacterium-subtile

NR-180418-1-Bifidobacterium-tibiigranuli

Annexe 02: Résultat de Assemble Species by Automatic Partitioning-ASAP

Partition 1

Asap-Score: 2.500000

Proba: 1.317365e-01

Nb subsets with recursion:77 (without recursion: 76)

Subset[1] n: 1 ;id: NR 180418. 1 Bifidobacterium tibiigranuli

Subset[2] n: 1 ;id: NR 029139. 1 Bifidobacterium subtile

Subset[3] n: 1 ;id: NR 040783. 1 Bifidobacterium breve

Subset[4] n: 1 ;id: NR 112779. 1 Bifidobacterium catenulatum

Subset[5] n: 1 ;id: NR 181803. 1 Bifidobacterium santillanense

Subset[6] n: 3 ;id: NR 029137. 1 Bifidobacterium pullorum NR 036855. 1
Bifidobacterium pullorum NR 036856. 1 Bifidobacterium pullorum

Subset[7] n: 2 ;id: NR 181805. 1 Bifidobacterium miconisargentati NR
159261. 1 Bifidobacterium callitrichidarum

Subset[8] n: 1 ;id: NR 181799. 1 Bifidobacterium colobi

Subset[9] n: 5 ;id: NR 043437. 1 Bifidobacterium longum NR 145535. 1
Bifidobacterium longum NR 044693. 2 Bifidobacterium longum NR 044691. 2
Bifidobacterium longum NR 117506. 1 Bifidobacterium longum

Subset[10] n: 1 ;id: NR 174313. 1 *Bifidobacterium cebidarum*

Subset[11] n: 1 ;id: NR 180396. 1 *Bifidobacterium goeldii*

Subset[12] n: 1 ;id: NR 180965. 1 *Bifidobacterium saimiriisciurei*

Subset[13] n: 1 ;id: NR 104872. 1 *Bifidobacterium bombi*

Subset[14] n: 1 ;id: NR 041686. 1 *Bifidobacterium mongoliense*

Subset[15] n: 1 ;id: NR 180397. 1 *Bifidobacterium samirii*

Subset[16] n: 1 ;id: NR 180966. 1 *Bifidobacterium platyrrhinorum*

Subset[17] n: 2 ;id: NR 074802. 2 *Bifidobacterium adolescentis* NR 036857.
1 *Bifidobacterium ruminantium*

Subset[18] n: 1 ;id: NR 181796. 1 *Bifidobacterium phasiani*

Subset[19] n: 1 ;id: NR 036853. 1 *Bifidobacterium angulatum*

Subset[20] n: 2 ;id: NR 037117. 1 *Bifidobacterium pseudocatenulatum* NR
041875. 1 *Bifidobacterium catenulatum*

Subset[21] n: 1 ;id: NR 181804. 1 *Bifidobacterium pluvialisilvae*

Subset[22] n: 1 ;id: NR 180954. 1 *Bifidobacterium oedipodis*

Subset[23] n: 1 ;id: NR 180398. 1 *Bifidobacterium callimiconis*

Subset[24] n: 1 ;id: NR 043439. 1 *Bifidobacterium indicum*

Subset[25] n: 2 ;id: NR 044690. 2 *Bifidobacterium coryneforme* NR 115978.
1 *Bifidobacterium coryneforme*

Subset[26] n: 2 ;id: NR 118589. 1 *Bifidobacterium adolescentis* NR 116746.
1 *Bifidobacterium adolescentis*

Subset[27] n: 2 ;id: NR 113172. 1 *Bifidobacterium callitrichos* NR 164634.
1 *Bifidobacterium rousetti*

Subset[28] n: 5 ;id: NR 118793. 1 *Bifidobacterium bifidum* NR 044771. 1
Bifidobacterium bifidum NR 117505. 1 *Bifidobacterium bifidum* NR 113873. 1
Bifidobacterium bifidum NR 117764. 1 *Bifidobacterium bifidum*

Subset[29] n: 2 ;id: NR 043442. 2 *Bifidobacterium pseudolongum* NR 043441.
2 *Bifidobacterium pseudolongum*

Subset[30] n: 1 ;id: NR 147761. 1 *Bifidobacterium tissieri*

Subset[31] n: 1 ;id: NR 181801. 1 *Bifidobacterium miconis*

Subset[32] n: 1 ;id: NR 159324. 1 *Bifidobacterium catulorum*

Subset[33] n: 1 ;id: NR 181798. 1 *Bifidobacterium saguinibicoloris*

Subset[34] n: 1 ;id: NR 037118. 1 *Bifidobacterium gallicum*

Subset[35] n: 2 ;id: NR 179997. 1 Bifidobacterium xylocopae NR 179879. 1
Bifidobacterium xylocopae

Subset[36] n: 1 ;id: NR 037115. 2 Bifidobacterium dentium

Subset[37] n: 2 ;id: NR 025672. 1 Bifidobacterium porcinum NR 104968. 1
Bifidobacterium thermophilum

Subset[38] n: 1 ;id: NR 180395. 1 Bifidobacterium dolichotidis

Subset[39] n: 2 ;id: NR 180399. 1 Bifidobacterium castoris NR 037116. 1
Bifidobacterium choerinum

Subset[40] n: 1 ;id: NR 180777. 1 Bifidobacterium choloepi

Subset[41] n: 2 ;id: NR 148784. 1 Bifidobacterium eulemuris strain NR
135862. 1 Bifidobacterium lemorum

Subset[42] n: 1 ;id: NR 136422. 1 Bifidobacterium commune

Subset[43] n: 1 ;id: NR 181797. 1 Bifidobacterium pongonis

Subset[44] n: 1 ;id: NR 181802. 1 Bifidobacterium amazonense

Subset[45] n: 2 ;id: NR 043438. 1 Bifidobacterium animalis NR 119007. 1
Bifidobacterium animalis

Subset[46] n: 1 ;id: NR 036854. 2 Bifidobacterium boum

Subset[47] n: 1 ;id: NR 174314. 1 Bifidobacterium leontopithecii

Subset[48] n: 1 ;id: NR 115643. 1 Bifidobacterium merycicum

Subset[49] n: 1 ;id: NR 040867. 1 Bifidobacterium animalis

Subset[50] n: 1 ;id: NR 044692. 2 Bifidobacterium minimum

Subset[51] n: 1 ;id: NR 148810. 1 Bifidobacterium aquikefiri

Subset[52] n: 1 ;id: NR 113173. 1 Bifidobacterium saguini

Subset[53] n: 1 ;id: NR 133982. 1 Bifidobacterium faecale

Subset[54] n: 1 ;id: NR 181800. 1 Bifidobacterium simiiventris

Subset[55] n: 1 ;id: NR 115644. 1 Bifidobacterium magnum

Subset[56] n: 1 ;id: NR 114397. 1 Bifidobacterium moukalabense

Subset[57] n: 5 ;id: NR 179386. 1 Bifidobacterium mizhiense NR 044154. 1
Bifidobacterium asteroides NR 181620. 1 Bifidobacterium choladohabitans NR
181621. 1 Bifidobacterium polysaccharolyticum NR 181622. 1 Bifidobacterium
apousia

Subset[58] n: 1 ;id: NR 174235. 1 Bifidobacterium canis

Subset[59] n: 1 ;id: NR 037049. 1 Bifidobacterium thermacidophilum

Subset[60] n: 2 ;id: NR 029065. 1 Bifidobacterium psychraerophilum NR
115342. 1 Bifidobacterium crudilactis

Subset[61] n: 1 ;id: NR 147760. 1 Bifidobacterium myosotis

Subset[62] n: 1 ;id: NR 113174. 1 Bifidobacterium stellenboschense

Subset[63] n: 1 ;id: NR 113313. 1 Bifidobacterium reuteri

Subset[64] n: 1 ;id: NR 025452. 1 Bifidobacterium scardovii

Subset[65] n: 1 ;id: NR 041348. 1 Bifidobacterium tsurumiense

Subset[66] n: 1 ;id: NR 104967. 1 Bifidobacterium cuniculi

Subset[67] n: 1 ;id: NR 133981. 1 Bifidobacterium aesculapii

Subset[68] n: 1 ;id: NR 157614. 1 Bifidobacterium apri

Subset[69] n: 1 ;id: NR 113175. 1 Bifidobacterium biavatii

Subset[70] n: 1 ;id: NR 147762. 1 Bifidobacterium hapali

Subset[71] n: 1 ;id: NR 137396. 1 Bifidobacterium ramosum

Subset[72] n: 1 ;id: NR 137395. 1 Bifidobacterium avesanii

Subset[73] n: 1 ;id: NR 118774. 1 Bifidobacterium thermophilum

Subset[74] n: 1 ;id: NR 164635. 1 Bifidobacterium vesperlilionis

Subset[75] n: 1 ;id: NR 137394. 1 Bifidobacterium aerophilum

Subset[76] n: 1 ;id: NR 108438. 1 Bifidobacterium actinocoloniiforme

Subset[77] n: 1 ;id: NR 108439. 1 Bifidobacterium bohemicum

Partition 2

Asap-Score: 5. 500000

Proba: 6. 906188e-01

Nb subsets with recursion:76 (without recursion: 75)

Subset[1] n: 1 ;id: NR 180418. 1 Bifidobacterium tibiigranuli

Subset[2] n: 1 ;id: NR 029139. 1 Bifidobacterium subtile

Subset[3] n: 1 ;id: NR 040783. 1 Bifidobacterium breve

Subset[4] n: 1 ;id: NR 112779. 1 Bifidobacterium catenulatum

Subset[5] n: 1 ;id: NR 181803. 1 Bifidobacterium santillanense

Subset[6] n: 3 ;id: NR 029137. 1 Bifidobacterium pullorum NR 036855. 1
Bifidobacterium pullorum NR 036856. 1 Bifidobacterium pullorum

Subset[7] n: 2 ;id: NR 181805. 1 Bifidobacterium miconisargentati NR
159261. 1 Bifidobacterium callitrichidarum

Subset[8] n: 1 ;id: NR 181799. 1 Bifidobacterium colobi

Subset[9] n: 5 ;id: NR 043437. 1 Bifidobacterium longum NR 145535. 1
Bifidobacterium longum NR 044693. 2 Bifidobacterium longum NR 044691. 2
Bifidobacterium longum NR 117506. 1 Bifidobacterium longum

Subset[10] n: 1 ;id: NR 174313. 1 Bifidobacterium cebidarum

Subset[11] n: 1 ;id: NR 180396. 1 Bifidobacterium goeldii

Subset[12] n: 1 ;id: NR 180965. 1 Bifidobacterium saimiriisciurei

Subset[13] n: 1 ;id: NR 104872. 1 Bifidobacterium bombi

Subset[14] n: 1 ;id: NR 041686. 1 Bifidobacterium mongoliense

Subset[15] n: 1 ;id: NR 180397. 1 Bifidobacterium samirii

Subset[16] n: 1 ;id: NR 180966. 1 Bifidobacterium platyrrhinorum

Subset[17] n: 2 ;id: NR 074802. 2 Bifidobacterium adolescentis NR 036857.
1 Bifidobacterium ruminantium

Subset[18] n: 1 ;id: NR 181796. 1 Bifidobacterium phasiani

Subset[19] n: 1 ;id: NR 036853. 1 Bifidobacterium angulatum

Subset[20] n: 2 ;id: NR 037117. 1 Bifidobacterium pseudocatenulatum NR
041875. 1 Bifidobacterium catenulatum

Subset[21] n: 1 ;id: NR 181804. 1 Bifidobacterium pluvialisilvae

Subset[22] n: 1 ;id: NR 180954. 1 Bifidobacterium oedipodis

Subset[23] n: 1 ;id: NR 180398. 1 Bifidobacterium callimiconis

Subset[24] n: 3 ;id: NR 043439. 1 Bifidobacterium indicum NR 044690. 2
Bifidobacterium coryneforme NR 115978. 1 Bifidobacterium coryneforme

Subset[25] n: 2 ;id: NR 118589. 1 Bifidobacterium adolescentis NR 116746.
1 Bifidobacterium adolescentis

Subset[26] n: 2 ;id: NR 113172. 1 Bifidobacterium callitrichos NR 164634.
1 Bifidobacterium rousetti

Subset[27] n: 5 ;id: NR 118793. 1 Bifidobacterium bifidum NR 044771. 1
Bifidobacterium bifidum NR 117505. 1 Bifidobacterium bifidum NR 113873. 1
Bifidobacterium bifidum NR 117764. 1 Bifidobacterium bifidum

Subset[28] n: 2 ;id: NR 043442. 2 Bifidobacterium pseudolongum NR 043441.
2 Bifidobacterium pseudolongum

Subset[29] n: 1 ;id: NR 147761. 1 Bifidobacterium tissieri

Subset[30] n: 1 ;id: NR 181801. 1 *Bifidobacterium miconis*

Subset[31] n: 1 ;id: NR 159324. 1 *Bifidobacterium catulorum*

Subset[32] n: 1 ;id: NR 181798. 1 *Bifidobacterium saguinibicoloris*

Subset[33] n: 1 ;id: NR 037118. 1 *Bifidobacterium gallicum*

Subset[34] n: 2 ;id: NR 179997. 1 *Bifidobacterium xylocopae* NR 179879. 1
Bifidobacterium xylocopae

Subset[35] n: 1 ;id: NR 037115. 2 *Bifidobacterium dentium*

Subset[36] n: 2 ;id: NR 025672. 1 *Bifidobacterium porcinum* NR 104968. 1
Bifidobacterium thermophilum

Subset[37] n: 1 ;id: NR 180395. 1 *Bifidobacterium dolichotidis*

Subset[38] n: 2 ;id: NR 180399. 1 *Bifidobacterium castoris* NR 037116. 1
Bifidobacterium choerinum

Subset[39] n: 1 ;id: NR 180777. 1 *Bifidobacterium choloepi*

Subset[40] n: 2 ;id: NR 148784. 1 *Bifidobacterium eulemuris* strain NR
135862. 1 *Bifidobacterium lemurum*

Subset[41] n: 1 ;id: NR 136422. 1 *Bifidobacterium commune*

Subset[42] n: 1 ;id: NR 181797. 1 *Bifidobacterium pongonis*

Subset[43] n: 1 ;id: NR 181802. 1 *Bifidobacterium amazonense*

Subset[44] n: 2 ;id: NR 043438. 1 *Bifidobacterium animalis* NR 119007. 1
Bifidobacterium animalis

Subset[45] n: 1 ;id: NR 040867. 1 *Bifidobacterium animalis*

Subset[46] n: 1 ;id: NR 036854. 2 *Bifidobacterium boum*

Subset[47] n: 1 ;id: NR 174314. 1 *Bifidobacterium leontopithecii*

Subset[48] n: 1 ;id: NR 115643. 1 *Bifidobacterium merycicum*

Subset[49] n: 1 ;id: NR 044692. 2 *Bifidobacterium minimum*

Subset[50] n: 1 ;id: NR 148810. 1 *Bifidobacterium aquikefiri*

Subset[51] n: 1 ;id: NR 113173. 1 *Bifidobacterium saguini*

Subset[52] n: 1 ;id: NR 133982. 1 *Bifidobacterium faecale*

Subset[53] n: 1 ;id: NR 181800. 1 *Bifidobacterium simiiventris*

Subset[54] n: 1 ;id: NR 115644. 1 *Bifidobacterium magnum*

Subset[55] n: 1 ;id: NR 114397. 1 *Bifidobacterium moukalabense*

Subset[56] n: 5 ;id: NR 179386. 1 *Bifidobacterium mizhiense* NR 044154. 1
Bifidobacterium asteroides NR 181620. 1 *Bifidobacterium choladohabitans* NR

181621. 1 Bifidobacterium polysaccharolyticum NR 181622. 1 Bifidobacterium apousia

Subset[57] n: 1 ;id: NR 174235. 1 Bifidobacterium canis

Subset[58] n: 1 ;id: NR 037049. 1 Bifidobacterium thermacidophilum

Subset[59] n: 2 ;id: NR 029065. 1 Bifidobacterium psychraerophilum NR 115342. 1 Bifidobacterium crudilactis

Subset[60] n: 1 ;id: NR 147760. 1 Bifidobacterium myosotis

Subset[61] n: 1 ;id: NR 113174. 1 Bifidobacterium stellenboschense

Subset[62] n: 1 ;id: NR 113313. 1 Bifidobacterium reuteri

Subset[63] n: 1 ;id: NR 025452. 1 Bifidobacterium scardovii

Subset[64] n: 1 ;id: NR 041348. 1 Bifidobacterium tsurumiense

Subset[65] n: 1 ;id: NR 104967. 1 Bifidobacterium cuniculi

Subset[66] n: 1 ;id: NR 133981. 1 Bifidobacterium aesculapii

Subset[67] n: 1 ;id: NR 157614. 1 Bifidobacterium apri

Subset[68] n: 1 ;id: NR 113175. 1 Bifidobacterium biavatii

Subset[69] n: 1 ;id: NR 147762. 1 Bifidobacterium hapali

Subset[70] n: 1 ;id: NR 137396. 1 Bifidobacterium ramosum

Subset[71] n: 1 ;id: NR 137395. 1 Bifidobacterium avesanii

Subset[72] n: 1 ;id: NR 118774. 1 Bifidobacterium thermophilum

Subset[73] n: 1 ;id: NR 164635. 1 Bifidobacterium vespertilionis

Subset[74] n: 1 ;id: NR 137394. 1 Bifidobacterium aerophilum

Subset[75] n: 1 ;id: NR 108438. 1 Bifidobacterium actinocoloniiforme

Subset[76] n: 1 ;id: NR 108439. 1 Bifidobacterium bohemicum

Annexe 03: Résultat Bayesian implementation of the PTP:

Most supported partition found by simple heuristic search

Species 1 (support = 1. 000)

NR-171540-1-Gardnerella-swidsinskii

Species 2 (support = 1. 000)

NR-181800-1-B-simiiventris

Species 3 (support = 0. 538)

NR-118793-1-B-bifidum, NR-117764-1-B-bifidum, NR-117505-1-B-bifidum, NR-113873-1-B-bifidum, NR-044771-1-B-bifidum

Species 4 (support = 0. 945)

NR-147761-1-B-tissieri

Species 5 (support = 0. 560)

NR-135862-1-B-lemurum, NR-148784-1-B-eulemuris

Species 6 (support = 0. 978)

NR-181802-1-B-amazonense

Species 7 (support = 0. 978)

NR-044692-2-B-minimum

Species 8 (support = 0. 978)

NR-180954-1-B-oedipodis

Species 9 (support = 0. 857)

NR-137396-1-B-ramosum

Species 10 (support = 1. 000)

NR-180777-1-B-choloepi

Species 11 (support = 0. 934)

NR-137394-1-B-aerophilum

Species 12 (support = 0. 956)

NR-112779-1-B-catenulatum

Species 13 (support = 0. 934)

NR-041686-1-B-mongoliense

Species 14 (support = 0. 967)

NR-115644-1-B-magnum

Species 15 (support = 1. 000)

NR-041348-1-B-tsurumiense

Species 16 (support = 0. 923)

NR-104872-1-B-bombi

Species 17 (support = 0. 681)

NR-025452-1-B-scardovii

Species 18 (support = 0. 681)

NR-181801-1-B-miconis

Species 19 (support = 0. 956)

NR-133981-1-B-aesculapii

Species 20 (support = 0. 923)

NR-104967-1-B-cuniculi

Species 21 (support = 0. 824)

NR-113174-1-B-stellenboschense

Species 22 (support = 0. 857)

NR-036854-2-B-boum

Species 23 (support = 0. 681)

NR-181798-1-B-saguinibicoloris

Species 24 (support = 0. 681)

NR-180966-1-B-platyrrhinorum

Species 25 (support = 0. 692)

NR-157614-1-B-apri

Species 26 (support = 0. 714)

NR-180395-1-B-dolichotidis

Species 27 (support = 0. 714)

NR-037118-1-B-gallicum

Species 28 (support = 0. 571)

NR-037049-1-B-thermacidophilum

Species 29 (support = 0. 802)

NR-147762-1-B-hapali

Species 30 (support = 0. 802)

NR-174314-1-B-leontopitheci

Species 31 (support = 0. 319)

NR-025672-1-B-porcinum

Species 32 (support = 0. 374)

NR-159261-1-B-callitrichidarum, NR-181805-1-B-miconisargentati

Species 33 (support = 0. 912)

NR-037115-2-B-dentium

Species 34 (support = 0. 901)

NR-180397-1-B-samirii

Species 35 (support = 0. 319)

NR-043439-1-B-indicum, NR-115978-1-B-coryneforme, NR-044690-2-B-coryneforme

Species 36 (support = 0. 209)

NR-118774-1-B-thermophilum

Species 37 (support = 0. 209)

NR-104968-1-B-thermophilum

Species 38 (support = 0. 802)

NR-164635-1-B-vespertilionis

Species 39 (support = 0. 802)

NR-137395-1-B-avesanii

Species 40 (support = 0. 549)

NR-043441-2-B-pseudolongum, NR-043442-2-B-pseudolongum

Species 41 (support = 0. 725)

NR-181803-1-B-santillanense

Species 42 (support = 0. 407)

NR-181621-1-B-polysaccharolyticum

Species 43 (support = 0. 648)

NR-133982-1-B-faecale

Species 44 (support = 0. 725)

NR-114397-1-B-moukalabense

Species 45 (support = 0. 495)

NR-041875-1-B-catenulatum, NR-037117-1-B-pseudocatenulatum

Species 46 (support = 0. 440)

NR-037116-1-B-choerinum, NR-180399-1-B-castoris

Species 47 (support = 0. 912)

NR-113313-1-B-reuteri

Species 48 (support = 0. 912)

NR-147760-1-B-myosotis

Species 49 (support = 0. 846)

NR-036853-1-B-angulatum

Species 50 (support = 0. 857)

NR-180398-1-B-callimiconis

Species 51 (support = 0. 714)

NR-180965-1-B-saimiriisciurei

Species 52 (support = 0. 659)

NR-115643-1-B-merycicum

Species 53 (support = 0. 659)

NR-181797-1-B-pongonis

Species 54 (support = 0. 593)

NR-113175-1-B-biavatii

Species 55 (support = 0. 593)

NR-180396-1-B-goeldii

Species 56 (support = 0. 407)

NR-116746-1-B-adolescentis, NR-118589-1-B-adolescentis

Species 57 (support = 0. 308)

NR-036857-1-B-ruminantium, NR-074802-2-B-adolescentis

Species 58 (support = 0. 626)

NR-148810-1-B-aquikefiri

Species 59 (support = 0. 484)

NR-159324-1-B-catulorum

Species 60 (support = 0. 484)

NR-181804-1-B-pluvialisilvae

Species 61 (support = 0. 429)

NR-108438-1-B-actinocoloniiforme

Species 62 (support = 0. 352)

NR-179879-1-B-xylocopae, NR-179997-1-B-xylocopae

Species 63 (support = 0. 308)

NR-181622-1-B-apousia

Species 64 (support = 0. 187)

NR-181620-1-B-choladohabitans, NR-044154-1-B-asteroides, NR-179386-1-B-mizhiense

Species 65 (support = 0. 505)

NR-108439-1-B-bohemicum

Species 66 (support = 0. 505)

NR-136422-1-B-commune

Species 67 (support = 0. 714)

NR-174235-1-B-canis

Species 68 (support = 0. 385)

NR-040867-1-B-animalis, NR-119007-1-B-animalis, NR-043438-1-B-animalis

Species 69 (support = 0. 319)

NR-164634-1-B-rousetti

Species 70 (support = 0. 319)

NR-113172-1-B-callitrichos

Species 71 (support = 0. 615)

NR-029139-1-B-subtile

Species 72 (support = 0. 615)

NR-180418-1-B-tibiigranuli

Species 73 (support = 0. 527)

NR-113173-1-B-saguini

Species 74 (support = 0. 242)

NR-174313-1-B-cebidarum, NR-181799-1-B-colobi

Species 75 (support = 0. 692)

NR-040783-1-B-breve

Species 76 (support = 0. 429)

NR-043437-1-B-longum, NR-145535-1-B-longum, NR-044693-2-B-longum, NR-044691-2-B-longum, NR-117506-1-B-longum

Species 77 (support = 0. 264)

NR-115342-1-B-crudilactis

Species 78 (support = 0. 264)

NR-029065-1-B-psychraerophilum

Species 79 (support = 0. 758)

NR-181796-1-B-phasiani

Species 80 (support = 0. 429)

NR-036856-1-B-pullorum, NR-036855-1-B-pullorum, NR-029137-1-B-pullorum

Annexe 04: Résultat de ABGD

Initial Partition with prior maximal distance P=1. 00e-03 ; Barcode gap distance = 0. 013

Distance JC69 Jukes-Cantor MinSlope=0. 150000

Download (left click and save) or see below the tree file corresponding to this partition: [click here](#)

Group[1] n: 1 ;id: NR 180418. 1 Bifidobacterium tibiigranuli

Group[2] n: 1 ;id: NR 029139. 1 Bifidobacterium subtile

Group[3] n: 1 ;id: NR 040783. 1 Bifidobacterium breve

Group[4] n: 1 ;id: NR 112779. 1 Bifidobacterium catenulatum

Group[5] n: 1 ;id: NR 181803. 1 Bifidobacterium santillanense

Group[6] n: 3 ;id: NR 029137. 1 Bifidobacterium pullorum NR 036856. 1 Bifidobacterium pullorum NR 036855. 1 Bifidobacterium pullorum

Group[7] n: 2 ;id: NR 181805. 1 Bifidobacterium miconisargentati NR 159261. 1 Bifidobacterium callitrichidarum

Group[8] n: 1 ;id: NR 181799. 1 Bifidobacterium colobi

Group[9] n: 5 ;id: NR 043437. 1 Bifidobacterium longum NR 145535. 1 Bifidobacterium longum NR 117506. 1 Bifidobacterium longum NR 044691. 2 Bifidobacterium longum NR 044693. 2 Bifidobacterium longum

Group[10] n: 1 ;id: NR 174313. 1 Bifidobacterium cebidarum

Group[11] n: 1 ;id: NR 180396. 1 Bifidobacterium goeldii

Group[12] n: 1 ;id: NR 180965. 1 Bifidobacterium saimiriisciurei

Group[13] n: 1 ;id: NR 104872. 1 Bifidobacterium bombi

Group[14] n: 1 ;id: NR 041686. 1 Bifidobacterium mongoliense

Group[15] n: 1 ;id: NR 180397. 1 Bifidobacterium samirii

Group[16] n: 1 ;id: NR 180966. 1 Bifidobacterium platyrrhinorum

Group[17] n: 2 ;id: NR 074802. 2 Bifidobacterium adolescentis NR 036857. 1 Bifidobacterium ruminantium

Group[18] n: 1 ;id: NR 181796. 1 Bifidobacterium phasianii

Group[19] n: 1 ;id: NR 036853. 1 Bifidobacterium angulatum

Group[20] n: 2 ;id: NR 037117. 1 Bifidobacterium pseudocatenulatum NR 041875. 1 Bifidobacterium catenulatum

Group[21] n: 1 ;id: NR 181804. 1 Bifidobacterium pluvialisilvae

Group[22] n: 1 ;id: NR 180954. 1 Bifidobacterium oedipodis

Group[23] n: 1 ;id: NR 180398. 1 Bifidobacterium callimiconis

Group[24] n: 3 ;id: NR 043439. 1 Bifidobacterium indicum NR 044690. 2 Bifidobacterium coryneforme NR 115978. 1 Bifidobacterium coryneforme

Group[25] n: 2 ;id: NR 118589. 1 Bifidobacterium adolescentis NR 116746. 1 Bifidobacterium adolescentis

Group[26] n: 2 ;id: NR 113172. 1 Bifidobacterium callitrichos NR 164634. 1 Bifidobacterium roussetti

Group[27] n: 5 ;id: NR 118793. 1 Bifidobacterium bifidum NR 044771. 1 Bifidobacterium bifidum NR 117505. 1 Bifidobacterium bifidum NR 113873. 1 Bifidobacterium bifidum NR 117764. 1 Bifidobacterium bifidum

Group[28] n: 2 ;id: NR 043442. 2 Bifidobacterium pseudolongum NR 043441. 2 Bifidobacterium pseudolongum

Group[29] n: 1 ;id: NR 147761. 1 Bifidobacterium tissieri

Group[30] n: 1 ;id: NR 181801. 1 Bifidobacterium miconis

Group[31] n: 1 ;id: NR 159324. 1 Bifidobacterium catulorum

Group[32] n: 1 ;id: NR 181798. 1 Bifidobacterium saguinibicoloris

Group[33] n: 1 ;id: NR 037118. 1 Bifidobacterium gallicum

Group[34] n: 2 ;id: NR 179997. 1 Bifidobacterium xylocopae NR 179879. 1 Bifidobacterium xylocopae

Group[35] n: 1 ;id: NR 037115. 2 Bifidobacterium dentium

Group[36] n: 2 ;id: NR 025672. 1 Bifidobacterium porcinum NR 104968. 1 Bifidobacterium thermophilum

Group[37] n: 1 ;id: NR 180395. 1 Bifidobacterium dolichotidis

Group[38] n: 2 ;id: NR 180399. 1 Bifidobacterium castoris NR 037116. 1 Bifidobacterium choerinum

Group[39] n: 1 ;id: NR 180777. 1 Bifidobacterium choloepi

Group[40] n: 2 ;id: NR 148784. 1 Bifidobacterium eulemuris strain NR 135862. 1 Bifidobacterium lemurum

Group[41] n: 1 ;id: NR 136422. 1 Bifidobacterium commune

Group[42] n: 1 ;id: NR 181797. 1 Bifidobacterium pongonis

Group[43] n: 1 ;id: NR 181802. 1 Bifidobacterium amazonense

Group[44] n: 3 ;id: NR 043438. 1 Bifidobacterium animalis NR 040867. 1 Bifidobacterium animalis NR 119007. 1 Bifidobacterium animalis

Group[45] n: 1 ;id: NR 036854. 2 Bifidobacterium boum

Group[46] n: 1 ;id: NR 174314. 1 Bifidobacterium leontopithecii

Group[47] n: 1 ;id: NR 115643. 1 Bifidobacterium merycicum

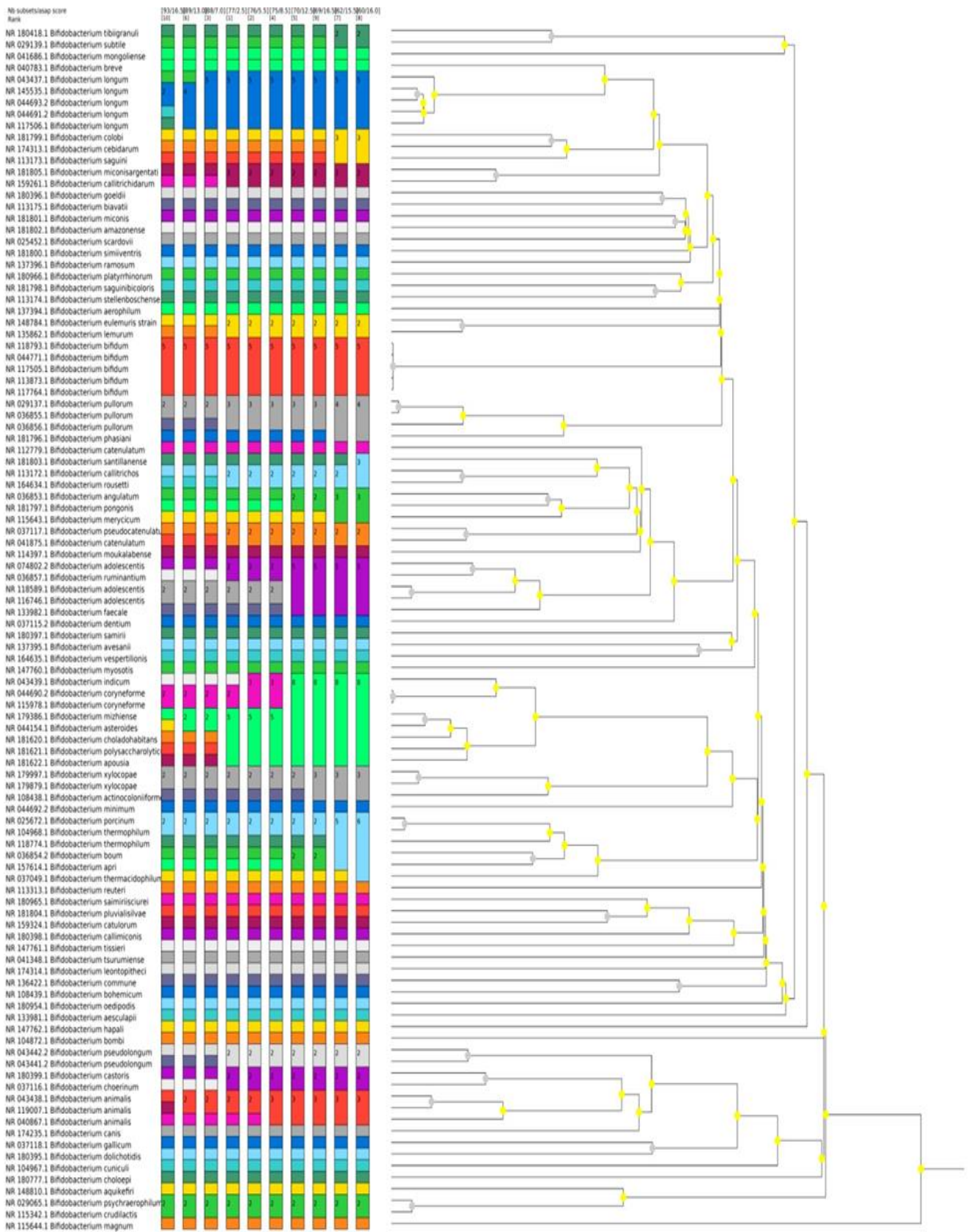
- Group[48] n: 1 ;id: NR 044692. 2 Bifidobacterium minimum
- Group[49] n: 1 ;id: NR 148810. 1 Bifidobacterium aquikefiri
- Group[50] n: 1 ;id: NR 113173. 1 Bifidobacterium saguini
- Group[51] n: 1 ;id: NR 133982. 1 Bifidobacterium faecale
- Group[52] n: 1 ;id: NR 181800. 1 Bifidobacterium simiiventris
- Group[53] n: 1 ;id: NR 115644. 1 Bifidobacterium magnum
- Group[54] n: 1 ;id: NR 114397. 1 Bifidobacterium moukalabense
- Group[55] n: 5 ;id: NR 179386. 1 Bifidobacterium mizhiense NR 181621. 1 Bifidobacterium polysaccharolyticum NR 181620. 1 Bifidobacterium choladohabitans NR 181622. 1 Bifidobacterium apousia NR 044154. 1 Bifidobacterium asteroides
- Group[56] n: 1 ;id: NR 174235. 1 Bifidobacterium canis
- Group[57] n: 1 ;id: NR 037049. 1 Bifidobacterium thermacidophilum
- Group[58] n: 2 ;id: NR 029065. 1 Bifidobacterium psychraerophilum NR 115342. 1 Bifidobacterium crudilactis
- Group[59] n: 1 ;id: NR 147760. 1 Bifidobacterium myosotis
- Group[60] n: 1 ;id: NR 113174. 1 Bifidobacterium stellenboschense
- Group[61] n: 1 ;id: NR 113313. 1 Bifidobacterium reuteri
- Group[62] n: 1 ;id: NR 025452. 1 Bifidobacterium scardovii
- Group[63] n: 1 ;id: NR 041348. 1 Bifidobacterium tsurumiense
- Group[64] n: 1 ;id: NR 104967. 1 Bifidobacterium cuniculi
- Group[65] n: 1 ;id: NR 133981. 1 Bifidobacterium aesculapii
- Group[66] n: 1 ;id: NR 157614. 1 Bifidobacterium apri
- Group[67] n: 1 ;id: NR 113175. 1 Bifidobacterium biavatii
- Group[68] n: 1 ;id: NR 147762. 1 Bifidobacterium hapali
- Group[69] n: 1 ;id: NR 137396. 1 Bifidobacterium ramosum
- Group[70] n: 1 ;id: NR 137395. 1 Bifidobacterium avesanii
- Group[71] n: 1 ;id: NR 118774. 1 Bifidobacterium thermophilum
- Group[72] n: 1 ;id: NR 164635. 1 Bifidobacterium vespertilionis
- Group[73] n: 1 ;id: NR 137394. 1 Bifidobacterium aerophilum

Group[74] n: 1 ;id: NR 108438. 1 Bifidobacterium actinocoloniiforme

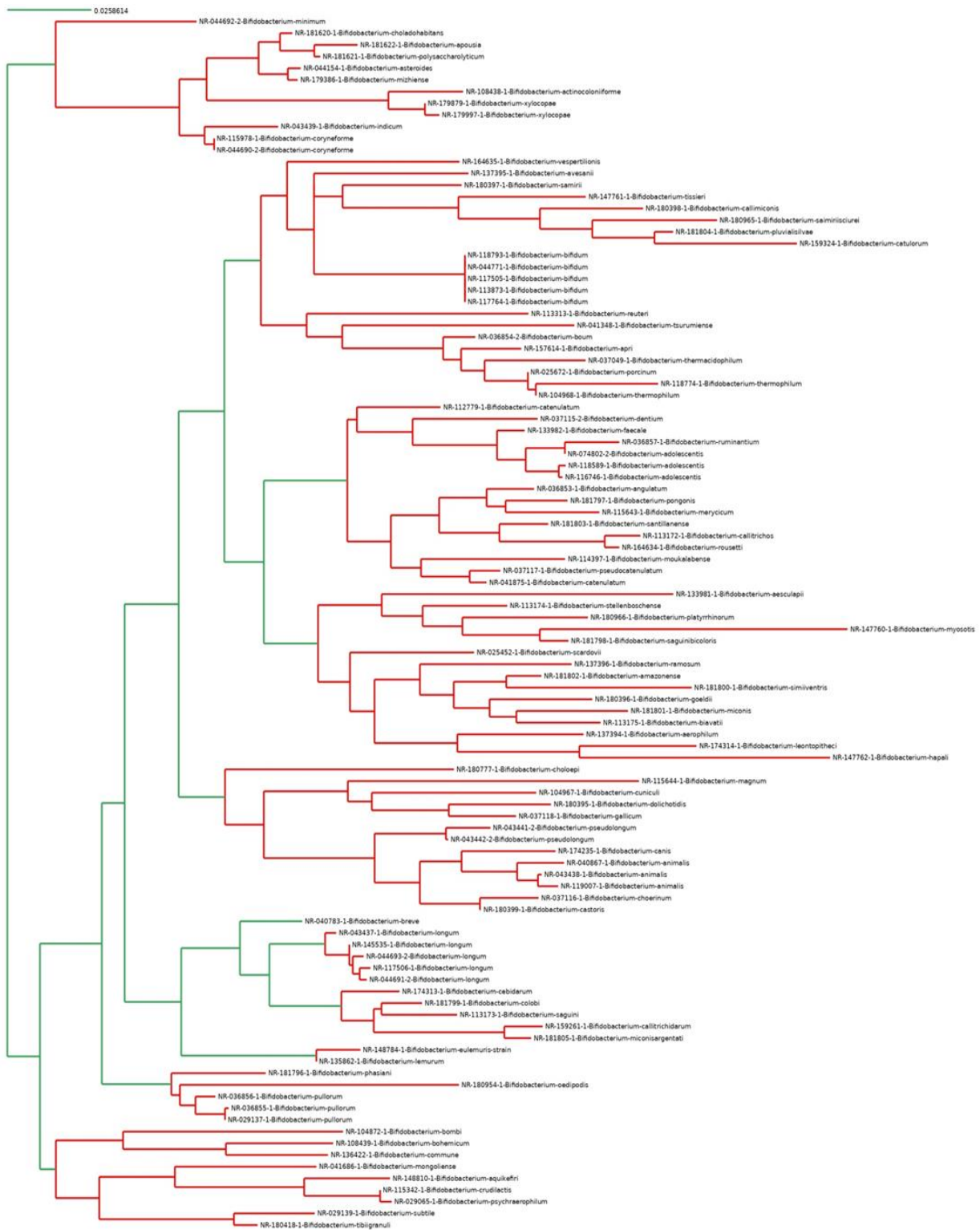
Group[75] n: 1 ;id: NR 108439. 1 Bifidobacterium bohemicum

Group[76] n: 1 ;id: NR 171540. 1 Gardnerella swidsinskii strain

Annex 05: Résultat de délimitation des espèces via ASAP



Annexe: L'arbre de délimitation par la méthode mPTP.



الملخص

تُستخدم جزيئة الـ 16S ARNr بشكل شائع كعلامة للتعرف الجزيئي على أنواع *Bifidobacterium*. تحتوي قواعد البيانات العامة مثل GenBank على العديد من تسلسلات الـ 16S ARNr كمرجع لأنواع *Bifidobacterium*، مما يمكن من المقارنة المحددة مع العينات المجهولة. ركزت الدراسة على التصنيف الجزيئي لأنواع *Bifidobacterium* المختلفة وبناء شجرة فيلوجينية بناءً على تسلسلاتها. تم مطابقة التسلسلات المحملة من قواعد البيانات باستخدام خوارزمية MUSCLE الموجودة في برنامج MEGA 11. تم بناء الشجرة الفيلوجينية بعد ذلك باستخدام منصة NG-phylogeny وباستخدام طريقة Bayésienne. تم توزيع التسلسلات في الشجرة الفيلوجينية إلى تسعة فروع رئيسية. تم تأكيد هذا التصنيف باستخدام أساليب تحديد أنواع الكائنات الحية مثل (ASAP و ABGD و bPTP و mPTP).

الكلمات المفتاحية: الشجرة الفيلوجينية، *Bifidobacterium*، ARNr16S، GenBank، MEGA، ASAP، ABGD، mPTP، bPTP.

Résumé

L'ARNr 16S est couramment utilisé comme marqueur pour l'identification moléculaire des espèces de *Bifidobacterium*. Les bases de données publiques, telles que GenBank, contiennent de nombreuses séquences d'ARNr 16S de référence pour les espèces de *Bifidobacterium*, ce qui permet une comparaison précise avec les échantillons inconnus. Cette étude s'est concentrée sur la classification moléculaire des différentes espèces de *Bifidobacterium* et la construction d'un arbre phylogénétique à partir de leurs séquences. Les séquences téléchargées à partir des bases de données ont été alignées à l'aide de l'algorithme MUSCLE du logiciel MEGA 11. L'arbre phylogénétique a ensuite été construit via la plateforme NG-phylogeny en utilisant la méthode Bayésienne. Les séquences ont été réparties dans l'arbre phylogénétique en neuf clades principaux. Cette classification a été confirmée à l'aide des méthodes de délimitation des espèces telles qu'ASAP, ABGD, bPTP et mPTP.

Mots clés: Arbre phylogénétique, *Bifidobacterium*, ARNr16S, Genbank, MEGA, ASAP, ABGD, mPTP, bPTP.

Abstract

The 16S rRNA is commonly used as a marker for the molecular identification of *Bifidobacterium* species. Public databases, such as GenBank, contain numerous reference 16S rRNA sequences for *Bifidobacterium* species, enabling accurate comparisons with unknown samples. The study focused on the molecular classification of different *Bifidobacterium* species and the construction of a phylogenetic tree using their sequences. The downloaded sequences from databases were aligned using the MUSCLE algorithm in MEGA 11 software. The phylogenetic tree was then built using the NG-phylogeny platform and the Bayesian method. The sequences were grouped into nine main clades in the phylogenetic tree. This classification was confirmed using species delimitation methods such as ASAP, ABGD, bPTP, and mPTP.

Keywords: Phylogenetic tree, *Bifidobacterium*, 16S rRNA, GenBank, MEGA, ASAP, ABGD, mPTP, bPTP.