



Caractérisation de la diversité microbienne de l'air des espaces clos

Carole Gaüzere

► To cite this version:

Carole Gaüzere. Caractérisation de la diversité microbienne de l'air des espaces clos. Sciences du Vivant [q-bio]. Université Montpellier 2 (Sciences et Techniques), 2012. Français. NNT: . tel-02804415

HAL Id: tel-02804415

<https://hal.inrae.fr/tel-02804415>

Submitted on 5 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

UNIVERSITE MONTPELLIER II
SCIENCES ET TECHNIQUES DU LANGUEDOC

THESE

Pour obtenir le grade de
Docteur de l'UNIVERSITE MONTPELLIER II
Spécialité : Microbiologie / Parasitologie
Ecole Doctorale : SIBAGHE

Présentée par

Carole GAÜZERE

CARACTERISATION DE LA DIVERSITE MICROBIENNE DE L'AIR DES ESPACES CLOS

Soutenue publiquement le 20 Mars 2012

Directeur de thèse

Jean-Jacques GODON

Co-Encadrants

Marina MOLETTA-DENAT et Enric ROBINE

JURY

Président :

Philippe HINSINGER

Docteur, INRA, ED SIBAGHE, Université Montpellier II, Montpellier

Rapporteurs :

Anne-Marie DELORT

Professeur, CNRS, Université Blaise Pascal, Clermont Ferrand

Caroline DUCHAINE

Professeur, Université de Laval, Québec

Examineurs :

Michael DUBOW

Professeur, Université Paris Sud, Paris

Marina MOLETTA-DENAT

Docteur, Ingénieur de Recherche, CSTB, Marne-la-Vallée

Jean-Jacques GODON

Docteur, INRA, LBE, Narbonne

***A FLORIAN,
AUX MEILLEURS PARENTS DU MONDE,
A MES DEUX SŒURETTES : SABINE ET MARINE,
A MES GRANDS PARENTS.***

REMERCIEMENTS

Merci !!!

Voilà c'est fini !!! Une page se tourne dans ce qui a marqué le début de mon exil dans la capitale. Je me rappelle encore le jour où j'ai déclaré que non, je n'irais jamais vivre à Paris (première contradiction !). Ici, se termine (enfin !) mon long parcours scolaire avec l'obtention de ce si convoité grade de docteur ! Et pourtant, il est clair dans ma mémoire que j'avais juré de ne pas faire de thèse (seconde contradiction !).

Avant de présenter les acteurs majeurs de ce travail, je souhaite rendre hommage à ceux qui m'ont donné le goût des études et de la science : mes instituteurs (Mme et Mr Armand, ainsi que Mme Violet), mais également tous les merveilleux chercheurs de l'UPPA ! Merci !

Je souhaite également remercier mon professeur de biologie en terminale (dont je ne citerai pas volontairement le nom) pour m'avoir collé un 2 au BAC blanc et pour l'avoir gentiment commenté d'un « vous ne ferez jamais rien de votre vie dans la biologie ». Ma note au BAC lui avait déjà donné tort, mais le reste se passe de commentaires !

Cette thèse a été réalisée au sein du pôle Recherche et Innovation pour l'Hygiène des Bâtiment (RIHB) du Centre Scientifique et Technique du Bâtiment et du Laboratoire de Biotechnologie de l'environnement (LBE) de l'INRA de Narbonne. Je tiens donc à remercier Messieurs **Jean-Christophe VISIER**, **Christian COCHET** et **Jean-Philippe STEYER**, pour m'avoir accueilli au sein de leurs établissements respectifs.

Je souhaite adresser toute ma gratitude à mon directeur de thèse Monsieur **Jean-Jacques GODON**. Je garderai en mémoire notre dîner dans ce restaurant de Seattle. Contrairement à ce que tu penses, tu as été pour moi bien plus qu'un « directeur de thèse de papier ». Merci pour toutes ces discussions et pour avoir su apporter TA vision à ce travail. Merci également pour tes mails, qui me rendaient immanquablement le sourire, lorsque l'administration avait décidé de se liguier contre nous !!!

Je tiens également à remercier chaleureusement les membres de mon jury. Que Mesdames **Anne-Marie DELORT** et **Caroline DUCHAINE** trouvent ici l'expression de mon plus profond respect pour leurs travaux et de mes plus sincères remerciements pour avoir accepté de juger ce travail (les aléas de Chronopost n'ayant pas forcément facilité les choses !). Un grand merci également à Messieurs **Michael DUBOW** et **Philippe HINSINGER** pour leur présence dans ce jury et les discussions passionnantes qui ont contribué à faire de cette soutenance un moment inoubliable.

Je suis aussi très reconnaissante envers Messieurs **Patrick DABERT** et **Philippe HINSINGER**, pour leurs encouragements et leurs conseils toujours justes et constructifs lors de mes comités de thèse.

Je dois remercier Monsieur **Enric ROBINE**, responsable du pôle RIHB, pour m'avoir ouvert les portes de son laboratoire durant mon stage de M2 puis durant ces trois années de thèse, mais également pour sa confiance et l'autonomie qu'il m'a laissée tout au long de ce travail.

Je tiens à exprimer toute ma reconnaissance à celle sans qui rien n'aurait été possible, Madame **Marina MOLETTA-DENAT**. Merci pour m'avoir fait confiance à l'issue de mon stage de M2. Merci pour avoir été présente à tout moment, malgré la distance. Merci de m'avoir consolée quand les grèves des transports parisiens mettaient mes nerfs à rude épreuve, quand il est clairement apparu que mes échantillons étaient contaminés ou quand il a fallu recommencer l'analyse des séquences après un mois de travail complet !

Merci pour ta patience, tes conseils, ton soutien et ton aide de tous les instants. Merci d'avoir été pour moi un mentor, une amie et une grande sœur.

Les mots ne seront jamais suffisants pour décrire à quel point tes innombrables qualités m'ont enrichi.

Un grand merci également à **Jonathan, Manon, Lalie** et ta maman pour m'avoir toujours accueilli à bras ouverts lors de mes périples narbonnais.

Je souhaite remercier vivement Madame **Joëlle LE ROUX** et Monsieur **Faisl BOUSTA** qui m'ont si aimablement permis de pouvoir faire une étude dans ce lieu magique qu'est le musée du Louvre. Je les remercie sincèrement pour leur aide et j'en profite également pour remercier tous les agents du musée pour leur gentillesse et leur disponibilité.

Un énorme merci aux narbonnais du LBE, et en particulier à **Anaïs, Valérie** et **Nathalie** pour leur aide technique, scientifique et amicale si précieuse.

Merci également à **Olivier**, je n'ai que de bons souvenirs de cette campagne de prélèvements dans le nord. Il ne faisait pas froid et cela sentait super bon (surtout les petits pois-carottes). Merci pour ton aide tout au long de la thèse notamment lorsque j'avais des questions essentielles sur l'ED, MOTHUR, DOTHUR, STATFINGERPRINTS, pourquoi mes PCR ne fonctionnent pas et j'en passe ! Je te dois une sacrée quantité de croissants et chocolatinas !!!

J'en arrive à ceux qui m'ont supportée au quotidien dans cette vaste entreprise qu'est le CSTB, et qui pour l'essentiel se sont avérés de grands amis !

Stéphane : merci pour ton aide et tes conseils toujours avisés. Merci de t'être soucié de moi du début à la fin de ce travail. Merci d'être comme tu es, prévenant et à l'écoute (et on peut dire que j'ai beaucoup parlé !) de ceux qui t'entourent.

Malya : ma belle, ces presque deux années en ta compagnie dans le bureau ont été rythmées par de nombreux fous rires, de longues et bruyantes conversations (en français et en arabe !), quelques moments de cafards mais j'espère juste une chose, avoir été aussi présente et une aussi bonne amie que tu l'as été pour moi (tu m'as quand même beaucoup aidé avec Flo !). Merci également à ton gentil mari et à ton petit bout.

Bruno : Comme tu me l'as écrit, je pense que nous avons été tous les deux très chanceux dans l'attribution des bureaux. Merci pour ces conversations qui finissaient toujours par me rendre plus joyeuse, même quand la fatigue de la fin de thèse se faisait sentir. Merci pour ton aide technique lorsque je m'acharnais en vain sur mes fichiers Excel ! Ne change surtout pas !

Yaël : Mon tour est également venu ! Merci de m'avoir montré la voie (de ta sagesse ...) ! Merci pour ton amitié et ton aide. Nos chemins professionnels se séparent mais pas nos chemins personnels.

Marie-Cécile : malgré ton exil nantais, tu resteras à jamais dans mon cœur, l'un des membres de la première équipe du paysager ! Que de bons souvenirs en ta compagnie, et quelle joie de pouvoir partager nos souvenirs du Sud ! Merci pour tout ce que tu as fait pour moi en cette fin de thèse (relecture assidue de la thèse) et surtout pour ton soutien incondicional !

Maha : Merci pour tes conseils et ton aide durant mon stage puis durant la première année de ma thèse. Le Canada c'est loin, mais j'espère pouvoir te rendre visite de nouveau. Merci ! Ton courage et la ténacité dont tu as fait preuve durant ta thèse ont été une réelle source d'inspiration pour moi.

Ruki : Ma compagne de stage et puis de thèse ! Il te reste encore un peu de temps, mais je sais que tu feras un grand docteur (Ce n'est pas la taille qui compte, hein !). Je te souhaite le meilleur !

Merci à toutes les personnes du CSTB, qui à un moment ou un autre, m'ont prodigué des conseils scientifiques, fourni une aide matérielle et technique, ou tout simplement humaine : **Catherine, Céline, Claudine, Clémence, Christelle, Christophe, Isabelle, Josiane, Marjorie, Olivier, Romain et Sébastien**.

Merci aux Statisticiens de l'OQAI pour leur aide, leur encouragements et leur amitié : **Anthony** (Merci pour l'ordi et l'écran, tu as sauvé ma santé physique à la fin de cette thèse), **Claire** (Merci pour tes explications sur les tests statistiques), **Mory** (ton enthousiasme et ta joie de vivre me manqueront) et **Jean Paul** (Merci pour ces discussions et ta bonne humeur).

Un grand merci à tous les autres collègues du CSTB, qui de près ou de loin, ont contribué à ce travail !

Un merci particulier à mes deux **Manon**, stagiaires exemplaires, dont l'aide a été plus que précieuse.

Merci **Juan**, mon « pote » de congrès à Seattle !!!

Que serais-je sans les merveilleuses personnes qui ont partagé ma vie durant mes cinq années universitaires et qui, bien que souvent éloignées de plusieurs centaines de kilomètres, m'ont toujours apporté leur soutien et leur amitié. Merci à mes acolytes d'amphi, de TD et de TP, on a bien rigolé (et travaillé, quand même !), merci ma **Jenou**, merci **Carole** et merci **Wil** (tu te rappelles cette soirée de Saint Valentin 2008 et les cours sur "comment rédiger un CV" le lendemain ?!?).

Merci aux amis de Pau : **Alexis, Caillou, Chrono, Denis, Elodie, Flavie, Harry, Mimi, PA, Séb, Solène, Titi et Walex**.

Merci aux amies d'enfance pour leur soutien et leurs encouragements : **Cloé, Eva et Lise**.

Merci **Agnès**, merci **Jean** déjà pour avoir sauvé mon pot de thèse, et pour m'avoir permis d'être un peu plus sereine le jour de la soutenance. Merci pour votre amitié et promis maintenant, on va pouvoir retourner au cinéma et se faire des bons petits restos !!!

Merci aux copines de Paris : **Anne et Hélène** ! Merci d'avoir été aussi présentes d'un bout à l'autre de la thèse. Merci pour votre aide morale, vos conseils, nos fous rires, nos soirées "filles", merci d'avoir rempli ma vie parisienne ! Et merci d'être venues me soutenir pour le grand jour, cela signifie beaucoup pour moi.

Merci à tous les membres de ma famille ! Merci d'avoir égaillé mes vacances (quand je pouvais en prendre !), merci pour tous ces bons repas ! Merci de m'avoir soutenue ! Merci pour les apéros, les spectacles et les lotos ! Merci d'avoir rempli ma valise lorsqu'il était temps pour moi de rentrer dans la capitale !

Papa, Maman ... Merci d'être de si merveilleux parents ! Merci de m'avoir toujours soutenue et encouragée ! Merci pour votre amour et votre fierté qui m'ont portée aussi loin. Que dire de plus, sinon que je vous aime et que je n'y serais jamais arrivée sans vous !

Merci à ma sœur **Sabine** ! Comment pourrais-je jamais assez te remercier pour l'aide technique que tu m'as apportée (50 000 séquences ça a été long à traiter, mais sans toi cela m'aurait pris des années !). Merci pour ton support moral, même si on se dispute souvent, on sait toutes les deux que cela ne dure pas longtemps !

Merci à ton "futur", ce n'est pas facile de supporter la jumelle de sa copine, mais il a également fait preuve de beaucoup de patience !!! Merci **Damien** !

Je remercie également ma seconde sœur (de cœur !). Merci **Marine** ! Malgré la distance (le Japon, ce n'est quand même pas la porte à côté !), tu es restée extrêmement présente par tous tes messages et encouragements. Merci à toutes les deux, je vous aime !!!

Il me reste à remercier le plus important ... Mon p'tit cœur ! Je ne peux qu'être heureuse d'avoir voulu faire une thèse, sans celle-ci notre histoire n'existerait pas ! Ces derniers mois ont été difficiles pour tous les deux ! Merci de m'avoir tenu la main et de m'avoir prêté ton épaule pour pleurer ! Merci d'avoir été si patient ! Merci d'avoir cru en moi, même quand je n'y croyais plus moi-même ! Merci de m'avoir supportée (et ce n'était pas toujours simple !). Enfin merci pour tout ton amour ! J'espère pouvoir faire aussi bien quand ton tour sera venu ! Il ne me reste qu'à ajouter que je t'aime, mais tu le sais déjà !

Un merci particulier à ma belle famille dans son ensemble. Merci à tes parents pour leur soutien. Merci à tes oncles et tantes pour leurs encouragements et leur aide (surtout **Josette**, bien meilleure que le correcteur orthographique de Word !).

C'est sur ces mots que je vous laisse apprécier le fruit de mon dur labeur, en espérant que celui-ci soit aussi enrichissant pour vous qu'il l'a été pour moi.

*« Les bactéries premières souches de vie sur notre planète.
Voilà où il faut chercher réellement nos ancêtres.
Et qui croyait que l'on descendait du singe ?
Nous sommes tous nés de microbes que vous voyez aujourd'hui en pantalons ou en robes. »*

« L'homme descend de la bactérie, mais pas par copie conforme ! »

RESUME / ABSTRACT

CARACTERISATION DE LA DIVERSITE MICROBIENNE DE L'AIR DES ESPACES CLOS

RESUME :

L'occupation quasi constante des environnements intérieurs (en moyenne 90% du temps), expose en permanence les occupants à une large variété de microorganismes présents dans l'air de ces espaces. En raison de difficultés technologiques liées à la collecte et à l'analyse, ce domaine scientifique reste pourtant quasiment vierge et ce, malgré les retombées possibles dans le domaine de la santé. Le manque est particulièrement marqué, en ce qui concerne l'exposition des individus aux aérosols microbiens et plus globalement la gestion sanitaire de la qualité de l'air des espaces clos.

Cette étude a pour objectif la caractérisation de la diversité microbienne de l'air de différents espaces clos collectifs par une approche qualitative et quantitative. L'ensemble de l'étude a porté sur des environnements sensibles d'un point de vue des occupants (Hôpital), de la densité de fréquentation (Le Musée du Louvre) ou d'un temps d'exposition prolongé (Bureau).

L'originalité de cette thèse a résidé dans l'association d'une stratégie d'échantillonnage représentative des environnements étudiés et d'outils analytiques pertinents permettant d'étudier la microflore de l'air indépendamment de la cultivabilité des microorganismes. Pour la première fois, un séquençage haut débit (pyroséquençage 454) a été appliqué à des échantillons d'air intérieur permettant d'accéder à une diversité microbienne rare comme le sont les espèces pathogènes.

Les résultats montrent une diversité microbienne plus riche que celle habituellement observée par des méthodes culturales. Plusieurs microorganismes impliqués dans des problématiques sanitaires ont été retrouvés (*Borrelia* spp., *Burkholderia* spp., *Legionella* spp., *Neisseria* spp. et *Mycobacterium* spp.). Les résultats mettent en évidence une stabilité à la fois spatiale et temporelle pour les bactéries retrouvées dans l'air intérieur. Cette stabilité est à la fois qualitative (structure des communautés microbiennes) et quantitative (abondance des microorganismes). La forte présence de séquences d'origine humaine permet de considérer l'Homme comme le principal élément orientant la microflore bactérienne de l'air intérieur. Des « *cores species* » signant l'air intérieur anthropisé ont pu être identifiées.

MOTS CLES : AIR INTERIEUR, AEROSOLS MICROBIENS, OUTILS MOLECULAIRE, « CORE SPECIES ».

CHARACTERIZATION OF THE MICROBIAL DIVERSITY OF INDOOR AIR ENVIRONMENTS

ABSTRACT :

The constant occupation of indoor environments (average 90% of the time), constantly confront the occupants to a wide variety of micro-organisms from the air of these spaces. Due to technological difficulties related to the collection and the analysis of airborne micro-organisms, this field of study remains scanty, despite the potential health impact. The lack is particularly pronounced in terms of understanding of the risks of contamination of people by bioaerosols and overall health management of air quality of confined spaces.

This study aims to characterize dynamics of the microbial diversity of different indoor environments. The entire study involved representative environments (hospital, office and museum).

The originality of this thesis is the combination of a representative sampling strategy on environments studied and of analytical tools relevant to study the microflora of the indoor air regardless of the culturability of micro-organisms. For the first time, a high throughput sequencing (454 pyrosequencing) was applied to samples of indoor air in order to assess microbial diversity and pathogenic species.

Several micro-organisms implicated in health problems were found (*Borrelia* spp., *Burkholderia* spp., *Legionella* spp., *Neisseria* spp. and *Mycobacterium* spp.). The results give a different and more varied qualitative picture than that usually observed by cultural methods. The results show a stability of both spatial and temporal microflora of indoor air. This stability is both qualitative (microbial community structure) and quantitative (abundance of micro-organisms). Man can be considered as the main factor driving the indoor air microflora due to the strong presence of sequences of human origin. 'Core species' signing the antropogenic indoor air were identified.

KEYWORDS: INDOOR AIR, AIRBORNE MICRO-ORGANISMS, MOLECULAR TOOLS, 'CORE SPECIES'.



Centre Scientifique et Technique du Bâtiment (CSTB)
84 avenue Jean Jaurès, Champs-sur-Marne,
77 447 Marne-la-Vallée Cedex 2

Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement (LBE)
Avenue des Etangs, 11 100 Narbonne



PUBLICATIONS ET COMMUNICATIONS ORALES

PUBLICATION DANS DES REVUES INTERNATIONALES A COMITE DE LECTURE

Reliable procedure for molecular analysis of airborne microflora in three indoor environments: an office and two different museum contexts.

C. Gaüzère, M. Moletta-Denat, F. Boust, S. Moularat, G. Orial, S. Ritoux, J-J. Godon, E. Robine. (Clean – Soil, Air, Water, sous press)

Stability of airborne microbes in the Louvre Museum over time.

C. Gaüzère, M. Moletta-Denat, H. Blanquart, S. Ferreira, S. Moularat, J-J. Godon, E. Robine (Indoor Air, soumis).

‘Core species’ in three sources of indoor air belonging to the human micro-environment to the exclusion of outdoor air.

C. Gaüzère, J-J. Godon, H. Blanquart, S. Ferreira, S. Moularat, E. Robine, M. Moletta-Denat (FEMS Microbiology Ecology, en révision).

It is new in the air: a review of indoor air microbiology.

C. Gaüzère, J-J. Godon, E. Robine, M. Moletta-Denat (En préparation).

Airborne microbial diversity in indoor day-nursing and teaching facilities environments.

M. Moletta-Denat, M. Derbez, M. Draghi, C. Gaüzère, G. Hersen, I. Lacaze, S. Ritoux, E. Robine (En préparation)

COMMUNICATIONS INTERNATIONALES

Airborne microbiology in museum through molecular approach: preliminary study. IAQ 2010, Chalon sur Saône, France (2010). Conférence.

Molecular analysis of the indoor air microbial diversity. 13th International Symposium on Microbial Ecology, Seattle, USA (2010). Poster.

Airborne microbiology in enclosed spaces through molecular approach. 14th International Aerosol Conference, Helsinki, Finlande (2010). Poster.

COMMUNICATIONS NATIONALES AVEC PUBLICATION DES ACTES

Etude des aérosols microbiens dans les sites patrimoniaux : approche moléculaire. 25^{ème} Congrès Français sur les Aérosols, Paris, France (2010). Conférence.

Etude de la diversité microbienne dans les espaces clos par une approche moléculaire : résultats préliminaires dans un bureau paysager et un musée. 26^{ème} Congrès Français sur les Aérosols, Paris, France (2011). Conférence.

TABLE DES MATIERES

INTRODUCTION	15
<i>I CONTEXTE</i>	15
<i>II PLAN DE LA THESE</i>	17
CHAPITRE 1 - SYNTHESE BIBLIOGRAPHIQUE	19
<i>I RAPPELS DE MICROBIOLOGIE</i>	19
I.1 De la microbiologie à la microbiologie de l'air	19
I.2 L'écologie microbienne	21
I.3 Outils de microbiologie	21
I.3.A Les méthodes de cultures « classiques »	21
I.3.B Les outils moléculaires	23
<i>II LES BIOAEROSOLS</i>	39
II.1 Définitions	39
II.2 L'aérosolisation : mécanismes	40
II.3 Dispersion et déposition	41
II.4 Rôle dans l'écologie microbienne	42
II.5 La survie des aérosols microbiens	43
II.5.A Rôle de l'humidité et de la température	43
II.5.B Les radiations	45
II.5.C L'ozone et autres « Open Air Factor »	46
<i>III ETUDE DES BIOAEROSOLS</i>	48
III.1 Difficultés spécifiques	48
III.2 La collecte	49
III.2.A L'impaction	49
III.2.B La filtration	51
III.2.C L'impaction en milieu liquide	51
III.2.D La concentration par aérocyclone	52
III.3 Méthode de comptage et d'étude	54
III.3.A La microscopie	54
III.3.B La culture	55
III.3.C La PCR	56
III.3.D La PCR quantitative en temps réel	57
III.3.E L'hybridation <i>in situ</i>	58
III.3.F Méthode d'identification : les inventaires	58
<i>IV LA DIVERSITE DES AEROSOLS MICROBIEN</i>	59
IV.1 Air extérieur	59
IV.1.A Diversité bactérienne et eucaryote	59
IV.1.B Variabilité spatiale et temporelle	61
IV.2 Les bioaérosols dans les espaces clos	63
IV.2.A Variabilités dans les espaces clos	66
IV.2.B Bactéries	67
IV.2.A Eucaryotes	74
IV.2.B Virus	79
IV.2.C Les sources	81

DEMARCHE	83
CHAPITRE 2 - RESULTATS ET DISCUSSION	87
<i>I PARTIE 1 - MISES AU POINT PRELIMINAIRES</i>	87
I.1 Elaboration des stratégies d'échantillonnage	87
I.2 Article 1 : Procédure expérimentale optimisée pour l'analyse moléculaire de l'air de trois environnements intérieurs.	87
I.3 Echantillonnage intégré	109
I.3.A Caractéristiques générales	109
I.3.B Vérification des débits de collecte et de la pression du système de collecte intégré	110
I.3.C Comparaison prélèvement intégré – prélèvement ponctuel	110
<i>II PARTIE 2 - ETUDE IN SITU DE LA DIVERSITE MICROBIENNE AEROPORTEE</i>	115
II.1 Article 2 : Stabilité temporelle des aérosols microbiens dans le Musée du Louvre.	115
II.2 Article 3 : Signature bactérienne et origine des bactéries de l'air des environnements intérieurs.	143
II.3 Résultats supplémentaires : Analyse de la diversité eucaryotes	171
II.3.A Matériel et Méthodes	171
II.3.B Résultats	172
II.3.C Discussion et conclusions	177
CHAPITRE 3 – DISCUSSION GENERALE ET CONCLUSIONS	179
<i>I LA COLLECTE DES AEROSOLS MICROBIENS EN ENVIRONNEMENT INTERIEUR</i>	179
<i>II IDENTIFICATION MOLECULAIRE DES AEROSOLS MICROBIENS DE L'AIR INTERIEUR</i>	180
<i>III IMPACTS SANITAIRES</i>	182
<i>IV CONCLUSIONS</i>	184
REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES	187
ANNEXES	207
<i>I ANNEXE A : TABLEAU RECAPITULATIF DES PRELEVEMENTS ET ANALYSES REALISEES.</i>	207
<i>II ANNEXE B : PROFILS CE-SSCP BACTERIES ET EUCARYOTES ISSUS DE L'ARTICLE 2.</i>	208
<i>III ANNEXE C : MATERIEL SUPPLEMENTAIRE PROVENANT DE L'ARTICLE 2.</i>	210
<i>IV ANNEXE D : MATERIEL SUPPLEMENTAIRE PROVENANT DE L'ARTICLE 3.</i>	243

FIGURES

- Figure 1 : Illustration d'un ballon à « col de cygne » utilisé par Pasteur pour la mise en évidence de germes dans l'air. 20
- Figure 2 : Arbre phylogénétique des trois domaines du vivant formé à partir de séquence d'ARNr 16S et 18S adapté de Woese *et al.* (1990) par Wheelis *et al.* (1992). 24
- Figure 3 : Arbre phylogénétique des principaux phyla du domaine Bacteria. 27
- Figure 4 : Schémas et principes des principaux outils d'empreinte moléculaire pour l'étude des écosystèmes microbiens. D'après Cresson (2006). 30
- Figure 5 : Principales étapes nécessaires à l'analyse de la diversité microbienne par les inventaires moléculaires. 32
- Figure 6 : Illustration du principe de séquençage selon la méthode de Sanger (Lamoril *et al.*, 2008). 33
- Figure 7 : Courbes de raréfactions de la diversité en phylotypes observés. D'après Tringe *et al.* (2008). 34
- Figure 8 : Techniques moléculaires d'étude et « *full cycle rRNA approach* ». D'après Wilderer *et al.* (2002) ; Dorigo *et al.* (2005) ; Cresson (2006). 35
- Figure 9 : Schéma récapitulant la liste non exhaustive d'outils de bioinformatiques en ligne disponibles pour le traitement de données de séquences microbiennes. 38
- Figure 10 : Différents bioaérosols observés au microscope électronique à balayage. A : bactéries ; b : Virus Respiratoire Syncytial (VRS) ; c : conidie de *Cladosporium herbarum* ; d : conidie de *Penicillium* ou d'*Aspergillus* ; e : pollens ; f : écaille d'insecte. D'après Wittmaack *et al.* (2005). 39
- Figure 11 : Effet de la température sur la cultivabilité d'un aérosol de *Serratia marcescens* et d'*Escherichia coli* d'après Ehrlich *et al.* (1970b). □, *Escherichia coli* ; Δ, *Serratia marcescens*. 44
- Figure 12 : Survie d'un "Semliki Forest virus" aérosolisé en fonction de différentes humidités relatives d'après Benbough (1969). ○, 20% HR ; ●, 49% HR ; □, 59% HR ; ■, 68% HR ; Δ, 84% HR ; ▲, 90% HR. 45
- Figure 13 : Viabilité en fonction de différents pourcentages d'OAF. Modifiée de Cox *et al.* (1973). 46
- Figure 14 : Représentation graphique du nombre de publications répertoriées dans Science Direct et traitant des analyses moléculaires sur procaryotes depuis 1991 dans trois environnements : l'air, le sol et l'eau (mots clés : 16S rDNA ; air ; soil ; water). 48
- Figure 15 : Principe de la collecte par impaction (Renoux et Boulaud, 1998). 49
- Figure 16 : Impacteur Andersen à six étages. (a) Schéma en coupe (Renoux et Boulaud, 1998) ; (b) Corps de l'appareil (Andersen, 1958). 50
- Figure 17 : Les impacteurs en milieu liquide. (a) Le « SKC BioSampler Impinger » ; (b) Le « All Glass Impinger ». 52
- Figure 18 : Photo du biocollecteur d'air Coriolis®μ (Bertin Technologies, Montigny-le-Bretonneux, France). 53
- Figure 19: Photo d'aérosols de *Staphylococcus epidermidis* colorés par le système LIVE/DEAD BacLight®. 55

Figure 20 : Répartition de la diversité de l'air extérieur de 5 inventaires d'ADNr 16S regroupant 768 séquences.	60
Figure 21 : Photo en microscopie électronique à balayage de <i>Legionella</i> .	72
Figure 22 : Schéma de la méthodologie générale employée lors de l'étude sur la diversité de l'air des espaces clos.	85
Figure 23 : Bacterial CE-SSCP profiles obtained with a nested PCR.	100
Figure 24 : Comparison of two bacterial CE-SSCP profiles of bioaerosols collected using the cyclone device: Single PCR (black) and nested PCR (grey).	100
Figure 25 : Bacterial and eukaryotic CE-SSCP profiles of bioaerosols collected in two museums: the Louvre Museum (black) and the Decorative Arts Museum (grey). Black arrows highlight major common peaks.	103
Figure 26 : Bacterial and eukaryotic CE-SSCP profiles of bioaerosols collected in the open-plan office (grey) and in the Louvre Museum (black). Black arrows highlight major common peaks.	103
Figure 27 : Photographie du porte filtre avec média filtrant.	109
Figure 28 : Schématisation du bureau paysager investigué et positionnement du Compteur Optique de Particules (COP) dans le volume (position 1) et dans la gaine (position 2).	110
Figure 29 : Suivi de la concentration particulaire par domaine de taille dans le bureau et dans la gaine de reprise d'air.	111
Figure 30 : Profils granulométriques obtenus à partir des mesures faites dans la gaine et dans l'enceinte du bureau les 16 et 17 avril 2010.	112
Figure 31 : Profils CE-SSCP obtenus à partir d'un prélèvement cyclonique dans l'enceinte de la pièce (en bleu) et d'un prélèvement intégré dans la gaine aéraulique (en orange). A. Diversité bactérienne globale observée par CE-SSCP. B. Diversité eucaryote globale observée par CE-SSCP.	112
Figure 32 : Représentation schématique de la méthodologie adoptée pour l'étude de la stabilité du filtre sur quatre semaines.	113
Figure 33 : Suivi des communautés bactériennes à raison d'un profil par semaine.	114
Figure 34 : Suivi des communautés bactériennes sur une durée d'un an.	114
Figure 35 : Particle concentrations measured by the Grimm OPC.	121
Figure 36 : Temporal monitoring of bacterial (left graphic) and fungal (right graphic) concentrations in the Louvre Museum.	121
Figure 37 : Representation of the mean bacterial CE-SSCP profile and it standard deviation (+ 2SD).	123
Figure 38 : Representation of the mean eukaryote CE-SSCP profile and it standard deviation (+ 2SD).	123
Figure 39 : A. Distribution of microbial phyla in each of the environmental samples. Working from the centre outwards, the circles represent the samples for day 1, day 157 and day 164. B. Rarefaction curves determined from 16S rDNA libraries for indoor bioaerosols.	129
Figure 40 : Sequences were grouped into OTUs at a 97% level of sequence similarity. OTUs overlapping between day 1, day 157 and day 164 samples are shown in the inset. Sequence abundances are presented and OTU abundances are given in brackets.	129

Figure 41 : Location of sampling sites in the Louvre Museum and positioning of the cyclone-like device (reference 1).	133
Figure 42 : A schematic view of the sampling filtration system used at the three sites.	148
Figure 43 : A. Distribution of microbial phyla in each of the environmental samples. Circles represent, from the centre outwards, the hospital, the museum and the office area. B. The most representative phyla found in each sample. C. Rarefaction curves determined from 16S rDNA libraries for indoor bioaerosols. D. Sequences were grouped into OTUs at a 97% level of sequence similarity. OTUs overlapping between the museum, office and hospital are shown in the inset. Sequence abundances are given in brackets.	155
Figure 44 : Environmental origin of the closest bacterial relatives in public databases according to 16S rDNA similarities. A. Percentage abundances for all sequences. B. Percentage abundances for common sequences. The closest bacterial relatives recovered from several environments are shown under 'other environments (OE)'. Sequences for which the environment of the closest relatives was not found in the database are not presented. The term 'Waste' was used for aerobic and anaerobic treatment processes, biogas and digestors.	160
Figure 45 : A. Phyla were projected onto a correlation circle (1st and 4th factor: factors enabling a better representativity of indoor samples). B. Diagrammatic representation of PCA on samples from 15 sampling sites and 31 phyla: ● Indoor sites cited in the literature (6,014 sequences), ○ Indoor sites investigated during this study (26,297 sequences), ▲ human origin (154,583 sequences), ◆ outdoor sites cited in the literature (735 sequences).	162
Figure 46 : Répartition des phyla eucaryotes dans chacun des échantillons d'air du musée du Louvre. Les cercles représentent, en partant de l'intérieur, l'échantillon J1 et J164.	172
Figure 47 : Répartition des phyla fongiques de chacun des échantillons d'air du musée du Louvre. Les cercles représentent, en partant de l'intérieur, l'échantillon J1 et J164.	173
Figure 48 : Courbes de raréfaction déterminées à partir de bibliothèques ADNr 18S pour les échantillons d'air J1 et J164.	174
Figure 49 : Répartition des phyla eucaryotes dans chacun des échantillons d'air intérieur. Les cercles représentent, en partant de l'intérieur, le musée et le bureau.	175
Figure 50 : Répartition des genres fongiques retrouvés dans les échantillons d'air du musée et du bureau. Les cercles représentent, en partant de l'intérieur, le musée et le bureau.	175
Figure 51 : Courbes de raréfaction déterminées à partir de bibliothèques ADNr 16S pour les échantillons d'air du musée et du bureau.	176
Figure 52 : Extrait de la base de données « AirInt ».	181
Figure 53 : Profils CE-SSCP Bactéries de l'air du musée du Louvre au cours du temps.	208
Figure 54 : Profils CE-SSCP Eucaryotes de l'air du musée du Louvre au cours du temps.	209

TABLEAUX

Tableau 1 : Cultivabilité des bactéries de divers habitats d'après Amann <i>et al.</i> (1995).	22
Tableau 2 : Cultivabilité des bactéries et des champignons aéroportés. D'après Peccia et Hernandez, (2006).	57
Tableau 3 : Concentrations en cellules bactériennes et fongiques totales dans des prélèvements atmosphériques (aérosols, nuages et précipitations) pour différents sites, classés par concentration croissante pour chaque type de masse d'air.	61
Tableau 4 : Principaux symptômes associés à l'exposition à des biocontaminants des environnements intérieurs (Stetzenbach, 1998).	63
Tableau 5 : Récapitulatif bibliographique des principales concentrations bactériennes et fongiques retrouvées dans différents espaces clos.	65
Tableau 6 : Genres bactériens retrouvés dans des échantillons d'air intérieur par culture (les espèces sont précisées lorsqu'elles sont connues).	68
Tableau 7 : Pourcentage d'abondance des principales espèces retrouvées dans 4 inventaires moléculaires.	70
Tableau 8 : Récapitulatif de la proportion de séquences connues ou inconnues dans deux études sur l'air intérieur (Angenent <i>et al.</i> , 2005 ; Tringe <i>et al.</i> , 2008).	71
Tableau 9 : Agents infectieux bactériens ayant une transmission en aérosols. D'après Stetzenbach <i>et al.</i> (2004).	72
Tableau 10 : Genres fongiques (champignons et levures) retrouvés dans des échantillons d'air intérieur (les espèces sont précisées lorsqu'elles sont connues). Voir la légende du Tableau 6 pour le détail des références.	76
Tableau 11 : Agents fongiques mis en cause dans des cas d'allergies respiratoires. D'après Stetzenbach <i>et al.</i> (2004).	77
Tableau 12 : Principaux virus identifiés comme étant responsables d'infections touchant le tract respiratoire.	79
Table 13 : Synopsis of operating conditions for aerosol sampling.	93
Table 14 : Details of the different primers and probes used for molecular analysis.	97
Table 15 : Results of the validation of collection devices and of amplification methods for CE-SSCP analysis.	97
Table 16 : Analysis of bacterial diversity in indoor air samples.	124
Table 17 : Phylogenetic positioning and abundance of bacterial phylotypes in the three indoor bioaerosols. Only phylotypes with an abundance of more than 0.5% in one bioaerosol or more are presented. Phylotypes found in three, two or one samples are presented respectively as white-on-black shading, dark grey shading and light grey shading.	124
Table 18 : Synopsis of information from the samples and the analyses performed. * Samples for which Q-PCR values were below limits of detection.	133
Table 19 : Details of the different primers and probes used for molecular analyses.	135

Table 20 : Phylogenetic positioning and abundance of bacterial phylotypes in the three indoor bioaerosols. Only phylotypes with an abundance of more than 1% in one bioaerosol or more are presented. Phylotypes found at three, two or one sites are presented respectively in white-on-black, dark grey and light grey shading.	151
Table 21 : Analysis of bacterial diversity in the air of indoor environments.	154
Table 22 : Sequence numbers per thousand of known pathogenic genera at each site. The site where pathogenic species were identified is shown in brackets. Bold numbers indicate the most numerous per thousand for each site.	157
Tableau 23 : Analyse de la diversité eucaryote de deux échantillons d'air intérieur (J1 et J164).	173
Tableau 24 : Analyse de la diversité eucaryote de l'air de deux environnements intérieurs (un musée et un bureau).	176
Tableau 25 : Liste de l'ensemble des prélèvements et analyses réalisés dans le cadre de la thèse.	207
Tableau 26 : Phylogenetic positioning and percentage sequence numbers for each bacterial phylotype. For each phylotype, one sequence was deposited in the GenBank database. Accession numbers of bacterial nucleotide sequences were FQ077208–FQ079780.	210
Tableau 27 : Phylogenetic positioning and percentage sequence numbers for each bacterial phylotype. For each phylotype, one sequence was deposited in the GenBank database. The accession numbers of bacterial nucleotide sequences were FQ074240–FQ077207.	243

ACP	Analyse en Composante Principale
ADN	Acide Désoxyribonucléique
ADNr	Acide Désoxyribonucléique ribosomal
AGI 30	All Glass Impinger 30
ARDRA	Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis
ARN	Acide Ribonucléique
ARNr	Acide Ribonucléique ribosomal
BET	Bromure d'Ethidium
CE-SSCP	Capillary Electrophoresis Single Strand Conformation Polymorphism
CLIN	Centre de Coordination de Lutte contre les Infections Nosocomiales
COP	Compteur Optique de Particules
COV	Composé Organique Volatile
CRT	Cyclic Reversible Termination
Ct	Cycle threshold
d ₅₀	Diamètre de coupure
DAPI	4,6-Diamidino-2-phenylindole
DGGE	Denaturing Gradient Gel Electrophoresis
FISH	Fluorescent In Situ Hybridization
HR	Humidité Relative
IN	Infection Nosocomiale
MAS 100	Microbial Air Sampler
NGS	Next Generation Sequencing
OAF	Open Air Factor
OTU	Operational Taxonomy Units
PCR	Polymerase Chain Reaction
PCRq	Polymerase Chain Reaction quantitative
QAI	Qualité de l'Air Intérieur
RAISIN	Réseau d'Alerte, d'Investigation et de Surveillance des Infections Nosocomiales
RDP	Ribosomal Database Project
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphism
RT-PCR	Retrotranscriptase Polymerase Chain Reaction
SRAS	Syndrome Respiratoire Aigu Sévère
TGGE	Temperature Gradient Gel Electrophoresis
UFC	Unité Formant Colonie
UV	Ultra-Violet
VNC	Viable Non Cultivable
VRS	Virus Respiratoire Syncytial

I CONTEXTE

L'air intérieur représente seulement 0,3 millionième de l'air troposphérique. Cinquante pour cent de la population vit en zone urbaine et passent jusqu'à 90% de son temps à l'intérieur, et ce tout au long de sa vie (garderie d'enfants, logements, bureaux, transports, établissements publics, maisons de retraite...). La population mondiale ne cesse de croître et les changements liés aux nouveaux modes de vie engendrent de nouvelles préoccupations en lien avec la qualité de l'air intérieur (QAI). Alors que l'eau et les aliments que nous ingérons sont contrôlés de façon systématique, la qualité microbienne de l'air n'est contrôlée que dans des environnements spécifiques comme les blocs opératoires ou les salles blanches.

Au cours des dernières années, la multiplication des alertes épidémiques dues aux aérosols microbiens (Syndrome Respiratoire Aigu Sévère (SRAS), légionellose, grippe aviaire ou porcine) a conduit à la reconsidération des risques liés à la QAI et à l'exposition des personnes aux divers polluants à l'intérieur des bâtiments. Loi du 12 juillet 2010 du Grenelle 2 de l'environnement, Art L 221-8, portant sur la surveillance obligatoire de la QAI pour le propriétaire ou exploitant dans certains Etablissements Recevant du Public (ERP), tels que les crèches et les écoles, révèle l'intérêt croissant pour la QAI. Cependant, les études menées sur ce sujet sont rares et très peu de données microbiologiques pertinentes sont disponibles à ce jour dans les bases de données internationales. En outre, le rôle de l'air dans la propagation des agents pathogènes est encore peu décrit comparé à d'autres environnements, laissant ce domaine scientifique quasiment vierge. La transmission d'agents infectieux ne peut pas toujours être évitée, notamment parce qu'il s'avère plus difficile de contrôler la diffusion d'agents pathogènes dans l'air que de prévenir la contamination de surfaces, de l'eau ou de la nourriture.

Aujourd'hui, nous disposons de données exclusivement sur la fraction cultivable, soit environ 0,1% de la diversité microbienne totale, conduisant à ignorer la majorité des espèces présentes dans l'air des environnements intérieurs et du risque sanitaire potentiellement associé à leur présence.

Pourtant un certain nombre d'outils sont à l'heure actuelle, disponibles. Les outils moléculaires ont été utilisés pour étudier la diversité microbienne de l'air extérieur (Radosevich *et al.*, 2002) et intérieur (Tringe *et al.*, 2008) permettant d'enrichir les bases de données internationales de nouvelles séquences « air » (environ 6 000 depuis 6 ans) qui s'ajoutent aux 450 000 séquences d'autres environnements, des plus communs (eaux, sols...) aux plus originaux (intestins de termites, rideaux de douche, fonds abyssaux...) accumulées depuis une vingtaine d'année. Ces nouvelles séquences ont permis d'augmenter considérablement la connaissance de la diversité microbienne de l'air et de valider leur pertinence dans l'étude des aérosols microbiens.

L'état actuel des connaissances fait apparaître des questions encore sans réponses, telles que :

- Quels sont les microorganismes présents dans l'air (abondance et diversité) ?
- Quel rôle peut jouer l'air dans les problématiques sanitaires ?

- L'air est-il impliqué dans la dispersion biogéographique et dans l'ubiquitisme de certaines espèces ?
- Qu'en est-il de la variabilité des microflores en aérosols ? Quelles peuvent être les sources naturelles ou anthropiques contribuant à la diversité microbienne observée dans l'air ?
- Quels éléments de gestion de la qualité microbiologique de l'air peut-on apporter lors d'une crise sanitaire (qu'elle soit d'origine accidentelle, épidémique ou terroriste) ?

Ces interrogations dénotent de la nécessité d'études supplémentaires apportant une nouvelle approche.

Dans ce contexte, ce travail de thèse a pour objectif de caractériser la diversité microbienne de l'air de différents espaces clos. En particulier, cette recherche aboutira (i) à la création d'une base de données des microorganismes aéroportés (Bactéries et Eucaryotes) présents dans des environnements intérieurs, (ii) à la description de la dynamique spatiale et temporelle de cette microflore en termes qualitatifs et quantitatifs, (iii) à la mise en évidence de premiers éléments concernant les sources de cette diversité et (iv) à la détermination des espèces signant la diversité microbienne de l'air intérieur.

L'originalité de ce travail réside :

- Dans le développement d'une méthodologie innovante dans la mesure où elle associe, pour la première fois, un échantillonnage représentatif des volumes investigués par l'utilisation d'un biocollecteur spécifique des espaces clos et d'une analyse de la microbiologie de l'air pertinente et réaliste.
- L'utilisation d'une approche tant qualitative que quantitative, des agents microbiens en aérosols, par l'association de plusieurs outils moléculaires basés sur l'ADN des microorganismes (Bactéries et Eucaryotes).
- La pertinence des données : en effet, très peu de données de séquences de l'air intérieur sont disponibles à ce jour dans les bases de données internationales. De ce fait, l'apport des données de séquences (identification et origine) et les connaissances inédites sur la dynamique spatio-temporelle des microorganismes en aérosols produites lors de ce projet de recherche permettront une avancée considérable dans le domaine de la microbiologie de l'air.

Ce travail de thèse a bénéficié du soutien financier du programme de recherche et développement « Maîtrises des risques » initié par le Centre Scientifique et Technique du Bâtiment (CSTB) en 2008 et du soutien de la Direction Générale de l'Armement (DGA) à travers un projet Recherche Exploratoire et Innovation, débuté en Novembre 2010. La thèse a été réalisée au pôle Recherche et Innovation pour l'Hygiène des Bâtiments du CSTB de Champs-sur-Marne et au Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement de l'INRA de Narbonne.

II PLAN DE LA THESE

Le manuscrit de thèse se base sur des articles scientifiques, rédigés en anglais et intégrés dans les résultats et discussions. Pour chacune des parties, une courte introduction permet de rappeler le contexte des travaux.

Le **chapitre 1** fait le point sur les connaissances actuelles relatives :

- A l'étude des microorganismes de façon générale et à travers les nouveaux outils appliqués à l'écologie microbienne,
- Aux aérosols biologiques et à leurs moyens d'étude,
- A La diversité microbienne de l'air et notamment celle des espaces clos.

Ce chapitre permet d'appréhender les enjeux scientifiques de la thèse.

Le **chapitre 2** se divise en deux parties. Chaque partie reprend les éléments de contexte, de méthodologie et de résultats/discussions.

La **partie 1** établit les mises au point préliminaires effectuées dans le cadre de ces travaux de thèse et sont présentées dans l'article intitulé **Reliable procedure for molecular analysis of airborne microflora in three indoor environments: an office and two different museum contexts**.

La **partie 2** caractérise la diversité microbienne de l'air de différents espaces clos.

Cette partie développe une vision à la fois qualitative et quantitative de la microflore aéroportée et aborde les fluctuations temporelles et spatiales pouvant être observées en environnement intérieur au travers de deux articles intitulés **Stability of airborne microbes in the Louvre Museum over time** et **'Core species' in three sources of indoor air belonging to the human micro-environment to the exclusion of outdoor air**. Enfin, les résultats de la diversité eucaryote retrouvée dans l'air de deux environnements : Le Musée du Louvre et un Bureau paysager, seront à leur tour présentés.

Le **chapitre 3** discute l'ensemble des résultats, synthétise les conclusions et présente les perspectives de ce travail

Pour finir, ce manuscrit est accompagné de quatre annexes. La première (annexe A) détaille l'ensemble des prélèvements et analyses réalisés au cours de cette thèse, la suivante (annexe B) présente la totalité des profils de CE-SSCP obtenus dans le cadre du suivi de l'article 2. Enfin, les annexes C et D correspondent aux informations recueillies dans la base de données issue des travaux du chapitre 2.

CHAPITRE 1 - SYNTHÈSE BIBLIOGRAPHIQUE

I RAPPELS DE MICROBIOLOGIE

I.1 DE LA MICROBIOLOGIE A LA MICROBIOLOGIE DE L'AIR

Les organismes microbiens occupent une place à part dans notre vision de la vie. Ils ne reçoivent que peu d'attention dans les traités de biologie et ils ont été très souvent ignorés par la plupart des biologistes. La grande majorité du temps, ils sont inconnus du public, excepté dans les cas de maladies. Pourtant, le fonctionnement de la biosphère est assuré par les activités du monde microbien. Leur rôle dans les cycles du carbone, de l'oxygène, de l'azote et du soufre permet d'assurer la vie sur les milieux terrestres et aquatiques.

Dans la plupart des esprits, lorsque l'on parle de biodiversité, les insectes terminent la chaîne alimentaire. Pourtant si l'on regarde l'intérieur d'un seul de ces insectes et si on examine son contenu sous un microscope, on observera des centaines de milliers d'espèces microbiennes distinctes. De la même manière, une main pleine de terre contient des milliards d'organismes microbiens (Pace, 1997). A l'heure actuelle, une faible part d'organismes non eucaryotiques a été décrite (en contraste avec le demi-million d'espèces d'insectes référencées) (Bull *et al.*, 1992). Le fait que les microbes soient très petits et donc invisibles à nos yeux, permet d'expliquer que notre connaissance du monde microbien soit si éparse (Pace, 1997).

Le développement de la microbiologie en tant que science à part entière est le fruit d'une longue réflexion qui s'étend sur plusieurs siècles et repose sur les observations d'un certain nombre de scientifiques restés célèbres.

Bien avant la découverte des microorganismes, il existait des suspicions concernant l'origine de certaines pathologies. Le philosophe romain **Lucrèce** (98-55 av. JC) et le médecin **Girolamo Fracastoro** (1478-1553) suggérèrent tous deux l'existence d'êtres vivants invisibles provoquant des maladies.

A partir de 1673, **Antonie Van Leewenhoeck** (1632-1723) consigna dans des lettres adressées à la Royal Society de Londres, les premières observations et descriptions de microorganismes. Le contenu de ces lettres montre sans doute possible qu'il avait vu des bactéries et des protozoaires (Gregory, 1961 ; Beck, 2000).

En 1835, **Agostino Bassi** (1773-1856) mit en évidence le rôle des microorganismes dans les maladies. Pour cela, il montra que la mise en péril de l'industrie de la soie en 1835 était due à une maladie d'origine fongique qui touchait le ver à soie (Prescott *et al.*, 1995).

Ce ne fut pas avant le XIX^{ème} siècle et le développement des méthodes de culture, que les microorganismes purent être étudiés et caractérisés (principalement par des critères nutritionnels) en tant qu'entités.

La microbiologie de l'air (ou aérobiologie) est une discipline mal connue pour laquelle on ne dispose que d'une très faible quantité de données. Pourtant les interrogations concernant la dissémination des maladies se sont très vite retrouvées au cœur des débats du XIX^{ème} siècle.

En 1866, **Salisbury** essaya d'appréhender la relation existant entre les microorganismes de l'air et la malaria qui sévissait dans l'Ohio et la vallée du Mississippi.

De nombreuses données furent rassemblées par **Christian Gottfried Ehrenberg** (1795-1876) jusqu'à supposer que des particules microscopiques dans un état viable peuvent être emportées sur de longues distances par le vent.

Pendant de nombreuses années, le mystère de la « génération spontanée » est resté très présent parmi les cercles scientifiques. Bien que cette théorie ait été clairement mise en doute à plusieurs reprises, ce n'est qu'en 1861 que les expériences de **Louis Pasteur** (1822-1895) permirent de la réfuter. Il exposa des flacons à l'air et démontra la présence de germes dans la poussière et l'air (Figure 1). Il développa pour cela un système de filtration des poussières de l'air sur du coton. Il montra ainsi l'existence dans l'air de microorganismes (Gregory, 1961).



Figure 1 : Illustration d'un ballon à « col de cygne » utilisé par Pasteur pour la mise en évidence de germes dans l'air.

Durant les vingt cinq dernières années du XIX^{ème} siècle, il fut réalisé à Paris une description des bactéries et champignons de l'atmosphère, avec une démarche identique à celle déjà mise en place pour l'étude des animaux et des plantes. Un observatoire fut créé au Parc Montsouris, l'une de ses tâches étant l'étude culturale et microscopique des poussières organiques et inorganiques présentes dans l'atmosphère, incluant les bactéries et les champignons (Gregory, 1961). Pendant 34 ans, **Pierre Miquel** (1850-1922) a été en charge de l'observatoire et a ainsi relaté l'influence des conditions atmosphériques, du lieu géographique, de l'altitude et des saisons, sur les microorganismes observés (Comtois, 1997).

I.2 L'ÉCOLOGIE MICROBIENNE

L'écologie microbienne vise à étudier les relations existantes entre les microorganismes mais également les liens établis entre ceux-ci et leur environnement. Cette compréhension passe par l'étude de la diversité génétique et métabolique présente au sein de l'écosystème ainsi que par la caractérisation physico-chimique des conditions du milieu.

Par définition, une communauté microbienne représente un groupe de microorganismes occupant un territoire déterminé. Une population se constitue de l'ensemble des individus d'une même espèce vivant sur un territoire commun. La connaissance des populations et des communautés est nécessaire à la compréhension des écosystèmes.

I.3 OUTILS DE MICROBIOLOGIE

L'étude de la diversité microbienne d'un écosystème (provenant de l'air, du sol, de l'eau ou de tout autre environnement) peut être effectuée grâce à deux méthodes distinctes : la culture et les méthodes moléculaires.

I.3.A Les méthodes de cultures « classiques »

Devant la faible diversité des morphologies observées chez les microorganismes, les limitations des observations microscopiques apparurent très vite. En 1881, **Robert Koch** (1843-1910) bouleversa la microbiologie par la mise au point de techniques d'isolement sur milieu solide, améliorant ainsi l'identification des bactéries.

Les méthodes basées sur la culture permettent d'identifier aisément les bactéries avec des exigences de croissance connues. En effet, elles reposent sur la capacité des microorganismes à se développer sur un milieu artificiel, dans des conditions nutritionnelles (matière organique, sels minéraux...) et physiques (température, humidité, pH...) préalablement identifiées. De plus, ces méthodes sont nécessaires lorsqu'il s'agit de prouver la viabilité des microorganismes dans l'environnement. Cette approche passe généralement par une étape d'isolement des cultures pures, parfois précédée d'une phase d'enrichissement visant à favoriser la croissance d'un microorganisme précis. Les caractéristiques morphologiques et physiologiques des souches isolées par culture constituent des références sur les capacités phénotypiques d'espèces non isolées mais phylogénétiquement proches de ces souches. La description et la classification des microorganismes en fonction de leur phénotype (morphologie, activités physiologiques, composition des parois ou niches écologiques occupées), n'apportent que peu d'information quant aux relations d'évolution liant les microorganismes entre eux (Hugenholtz et Pace, 1996).

Bien que traditionnellement utilisées pour l'étude des microorganismes, les techniques de culture sur boîtes de Pétri ont, tout comme les observations microscopiques, montré leurs limites. En effet, un certain nombre d'études met en évidence des écarts importants entre les résultats de culture et les dénombrements par microscopie (Terzieva *et al.*, 1996).

Le développement des outils moléculaires a conduit les microbiologistes à reconsidérer leur vision du monde microbien. Il est estimé que la fraction cultivable des microorganismes se situe entre 0,001% et 15% selon l'écosystème considéré (Amann *et al.*, 1995) (Tableau 1).

Les techniques de microbiologie classiques conduisent à une vision partielle des communautés microbiennes d'un écosystème en favorisant l'observation des microorganismes cultivables. Ceci suggère qu'une vaste majorité de la « vraie » diversité pourrait être ignorée si l'on s'attache exclusivement aux méthodes de culture. Ces différences peuvent s'expliquer par :

- la difficulté à reproduire les conditions exactes d'un milieu, notamment les relations entre microorganismes (parasitisme, synergie, commensalisme...) et/ou avec l'ensemble des paramètres de l'environnement (Van Elsas *et al.*, 2000).
- La présence dans n'importe quel habitat, de microorganismes se trouvant dans un état de dormance, appelé également état viable non cultivable (VNC) (Roszak et Colwell, 1987). Il s'agit en fait de cellules ayant perdu leur capacité à se multiplier mais qui présentent encore une activité cellulaire (Aertsen et Michiels, 2004). Ces cellules peuvent dans certaines conditions appropriées, devenir de nouveau cultivables (Mukamolova *et al.*, 2003).

De nombreuses études ont démontré que la plupart des espèces bactériennes pathogènes pour l'Homme (par exemple *Campylobacter*, *Helicobacter pylori*, *Legionella pneumophila*, *Vibrio cholerae*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Listeria monocytogenes*, *Salmonella spp.* ...) pouvaient exister sous forme de bactéries viables mais non cultivables (Roszak *et al.*, 1984 ; Rollins et Colwell, 1986 ; Ozcakir, 2007).

Tableau 1 : Cultivabilité des bactéries de divers habitats d'après Amann *et al.* (1995).

La valeur pour l'air est donnée par Radosevich *et al.* (2002).

Habitat	Cultivabilité (%)*
Eau de mer	0,001-0,1
Eau douce	0,25
Lac mésotrophique	0,1-1
Eaux d'estuaires non pollués	0,1-1
Boues activées	1-15
Sédiments	0,25
Sol	0,3
Air	0,1

*Déterminée par le pourcentage d'unité formant colonies (UFC) par rapport au nombre de cellules totales dénombrées par comptage direct au microscope.

Par opposition aux méthodes de culture, les outils moléculaires permettent de détecter ces microorganismes viables non cultivables. Néanmoins, la culture se définit comme le fondement des bases de nos connaissances actuelles. Elle a permis d'accéder au développement des outils moléculaires. Elle reste la technique de référence pour l'étude des microorganismes de l'environnement, elle est préférentiellement utilisée dans le cadre réglementaire et les microbiologistes disposent d'un recul plus important sur les méthodes culturales que moléculaires.

I.3.B Les outils moléculaires

Malgré le développement des outils moléculaires depuis plus de 30 ans, peu d'études se sont intéressées à la diversité microbienne de l'air par des méthodes indépendantes de la cultivabilité.

I.3.B.a *L'horloge moléculaire*

L'utilisation de marqueurs moléculaires de l'espèce ainsi que le développement de la phylogénie moléculaire sont liés à l'émergence des technologies moléculaires dans les années soixante (Zuckerland et Pauling, 1965). Le concept de phylogénie moléculaire utilise les molécules comme des marqueurs de l'évolution des êtres vivants. Pour cela, il s'appuie sur la théorie de l'horloge moléculaire qui considère que des mutations s'accumulent au cours du temps dans le génome des êtres vivants. Pour cela, il faut supposer que :

- le taux d'accumulation des mutations dans le génome d'organismes différents est du même ordre de grandeur dans des régions homologues (régions soumises à la même pression de sélection).
- l'accumulation sera maximale pour des régions qui ne sont pas soumises à la pression de sélection naturelle (ne codant pas pour des gènes) et minimale dans les parties du génome soumises à une forte pression (c'est à dire les régions codant pour des fonctions essentielles à la survie de l'organisme).

Chaque séquence accumule les mutations à un rythme qui lui est propre et qui est dicté par l'intensité de la pression de sélection à laquelle elle est soumise. Pour reconstituer des phylogénies et ainsi dater la divergence entre deux espèces, il est possible d'utiliser différentes molécules en tant que marqueurs.

I.3.B.b *L'ARN ribosomique*

La séquence de l'ARN ribosomique (ARNr) s'est révélé particulièrement utile pour l'identification des organismes grâce à son haut niveau d'information, sa nature conservée, et sa présence dans tous les microorganismes de type procaryote ou archée (Woese *et al.*, 1990). En outre, les ADN ribosomiaux (ADNr) 16S et 18S possédaient les tailles les plus appropriées pour les techniques employées à l'époque.

L'ARNr répond notamment à plusieurs caractéristiques essentielles (Woese, 1987) :

1. Les ARNr étant indispensables pour la synthèse des protéines, leur présence est universelle. De plus, ils sont homologues chez tous les organismes.
2. Leur fonction est conservée, en outre leur séquence est suffisamment grande pour réaliser de multiples analyses phylogénétiques.
3. Leur rythme d'évolution est lent car la pression de sélection qui s'exerce sur l'ARNr n'est que peu soumise aux variations du milieu.
4. Ils sont constitués d'une alternance de séquences hautement conservées (spécifique de groupes de plus en plus larges) et de séquences variables (spécifiques de chaque espèce).

Actuellement, bien qu'il existe d'autres gènes marqueurs (la région ITS pour les champignons par exemple), les séquences d'ARNr 16S et 18S restent les plus utilisées lorsqu'il s'agit d'analyses de phylogénie microbienne. Le guide référence de la taxonomie procaryote, le *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, a adopté l'ADNr 16S pour la classification des procaryotes, remplaçant la caractérisation phénotypique traditionnelle (Boone *et al.*, 2001).

I.3.B.c L'analyse de la diversité microbienne

Le concept de diversité microbienne n'est pas bien défini. Il peut aussi bien faire référence (i) à la diversité génétique (taxonomique ou phylogénétique) couramment mesurée par des méthodes de génétique moléculaire, mais également (ii) à la diversité biochimique (physiologique) obtenue en laboratoire à l'aide de cultures pures. Les connaissances acquises quant à la diversité physiologique ou biochimique proviennent des moins de 1% des organismes pouvant être maintenu par culture et enrichissements. La diversité génétique provient des nombreuses applications liées aux techniques moléculaires, bien que celles-ci soient limitées pour l'identification de membres sous-représentés dans une communauté (Rusch *et al.*, 2007).

Par la comparaison des séquences d'ARNr, Carl Woese établit un arbre phylogénétique pouvant définir l'histoire de l'évolution. Il articula son arbre autour de trois domaines : Eucarya, Bacteria et Archaea (Figure 2) (Woese et Fox, 1977).

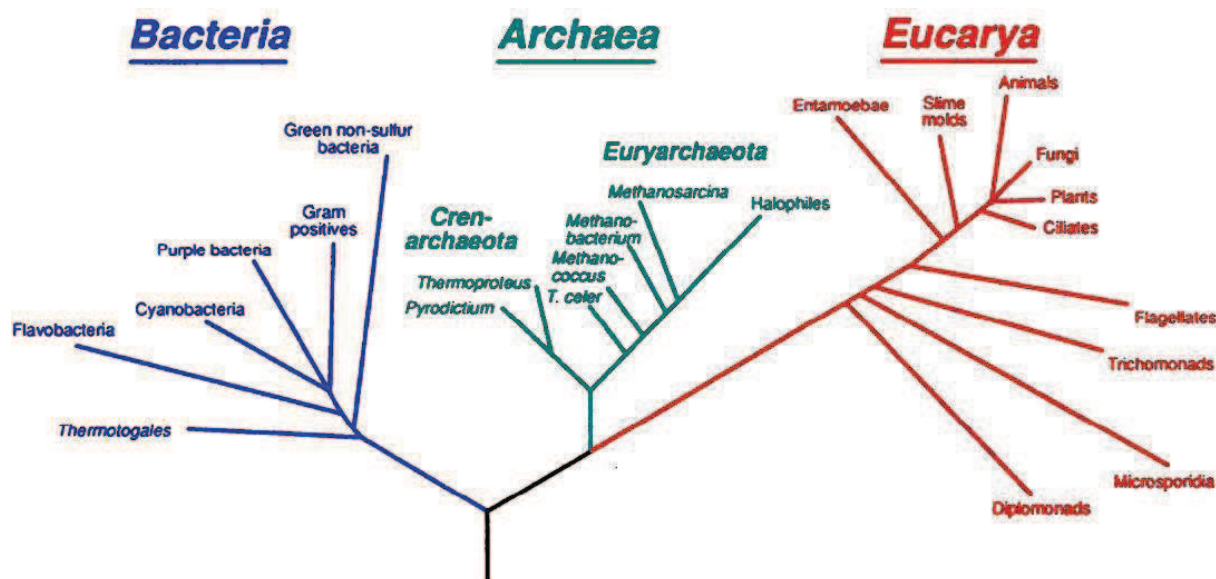


Figure 2 : Arbre phylogénétique des trois domaines du vivant formé à partir de séquences d'ARNr 16S et 18S adapté de Woese *et al.* (1990) par Wheelis *et al.* (1992).

Un tel arbre se construit en alignant par paires des séquences d'ARNr de différents organismes, les différences sont comptées et considérées comme des mesures de « distances évolutives » entre les organismes (Pace, 1997 ; Handelsman, 2004). Les domaines Bacteria et Archaea appartiennent tous deux au groupe des procaryotes bien qu'ils soient phylogénétiquement très distincts (Woese *et al.*, 1990). Il définit également 12 phyla ou divisions dans le domaine Bacteria, sur la base des séquences d'ARNr 16S obtenues à partir d'organismes cultivés (Woese, 1987).

La caractérisation phylogénétique d'un organisme s'appuie uniquement sur la séquence d'un gène et non sur une fonction cellulaire. L'analyse des séquences d'ARNr permet d'accéder à différents niveaux de taxonomie. Les séquences les plus conservées permettent la différenciation des hauts niveaux de classification (règnes, embranchements...). A l'inverse, les groupes microbiens ayant des analogies mais se différenciant par leurs régions « hyper variables », seront classés en genre, espèce et sous espèce (Amann *et al.*, 1995).

Le développement des méthodes indépendantes de la culture basées sur le gène de l'ARNr 16S, utilisé en association avec les analyses phylogénétiques, a révélé une importante part de microorganismes inconnus ou non cultivés, incluant des nouvelles divisions complètes de bactéries (Figure 3). Alors qu'en 1987, le nombre de phyla bactériens était estimé à 12 (Woese, 1987), en 1998, 36 phyla étaient identifiés (Hugenholtz *et al.*, 1998a) et finalement 52 en 2004. Les premiers phyla étaient basés sur l'analyse des microorganismes cultivés (les cyanobactéries, les spirochètes et les bactéries à gram positif). Néanmoins, la majorité des divisions bactériennes est très peu représentée en culture. Vingt-six des 52 divisions sont uniquement caractérisées par des séquences environnementales et n'ont pas de représentants cultivés (par exemple OP11 (Hugenholtz *et al.*, 1998b) ou WS6 (Dojka *et al.*, 2000)).

Néanmoins, il existe des limites à ce type d'approche. La phylogénie basée sur l'étude du gène de l'ARNr ne permet pas d'accéder à toutes les informations et notamment celles qui traitent des fonctions cellulaires ou de l'activité biochimique des groupes microbiens dans l'environnement. De plus, les échanges horizontaux de matériel génétique affectant l'évolution des cellules ne peuvent être identifiés que par l'étude de la cellule elle-même et de son génome entier (Rappé et Giovannoni, 2003). Cette approche ne révèle qu'une faible part de l'évolution cellulaire et elle est sujette à certains biais analytiques. En effet, une large variété d'artéfacts (séquences chimériques, erreurs de séquençage...) et des erreurs méthodologiques (mauvaise référence, alignement incorrect...) conduisent à un placement inadéquate de la séquence clonée au sein de l'arbre phylogénétique (Rappé et Giovannoni, 2003).

Selon Stackebrandt et Goebel, un pourcentage d'hybridation d'au moins 70% correspondrait à une identité de séquence d'au moins 96%. En d'autres termes, les séquences ADN des souches d'une même espèce peuvent différer de 4%. En considérant que le génome d'*Escherichia coli* est constitué de 4 millions de bases, deux souches peuvent présenter 10^5 nucléotides différents, ce qui expliquerait la variabilité phénotypique observable entre les diverses souches d'*Escherichia coli* et de manière générale, entre les souches d'une même espèce. Pour Stackebrandt et Goebel, lorsqu'il existe moins de 97% d'homologie entre les séquences des ARNr 16S de deux souches, alors celles-ci appartiennent à des espèces différentes. Par contre, si le pourcentage d'homologie est égal ou supérieur à 97%, le placement de deux souches dans une unique espèce ou dans deux espèces différentes doit reposer sur les résultats des hybridations ADN-ADN (Stackebrandt et Goebel, 1994).

La définition de l'espèce bactérienne la plus récente, a été donnée par le Comité Stackebrandt *et al.* en 2002. Ce comité s'est réuni les 6, 7 et 8 février 2002 à l'Université de Gand et a formulé les propositions suivantes (Stackebrandt *et al.*, 2002) :

- L'étude des pourcentages d'hybridation ADN-ADN ainsi que la stabilité thermique des hybrides demeure la référence pour définir une espèce bactérienne, lorsque les séquences des ARNr 16S des souches présentent plus de 97% d'homologie.

- Les hybridations ADN-ADN étant des techniques lourdes et délicates à mettre en œuvre, le comité préconise l'utilisation d'autres techniques (séquençage de divers gènes de ménage, séquençage de l'espace intergénique 16S-23S, analyse électrophorétique des protéines...) à condition que les résultats obtenus soient comparables à ceux des hybridations ADN-ADN. Le comité encourage également les taxonomistes à développer de nouvelles méthodes susceptibles de remplacer les hybridations ADN-ADN ou d'apporter des informations complémentaires.
- Toute description d'une nouvelle espèce devrait inclure la séquence de l'ARNr 16S de la souche type.
- Pour les bactéries d'intérêt médical ou vétérinaire, l'écologie et/ou le pouvoir pathogène peuvent prendre le pas sur les critères génétiques, ce qui peut conduire à conserver des nomenclatures distinctes pour des taxons très proches sur le plan génétique.

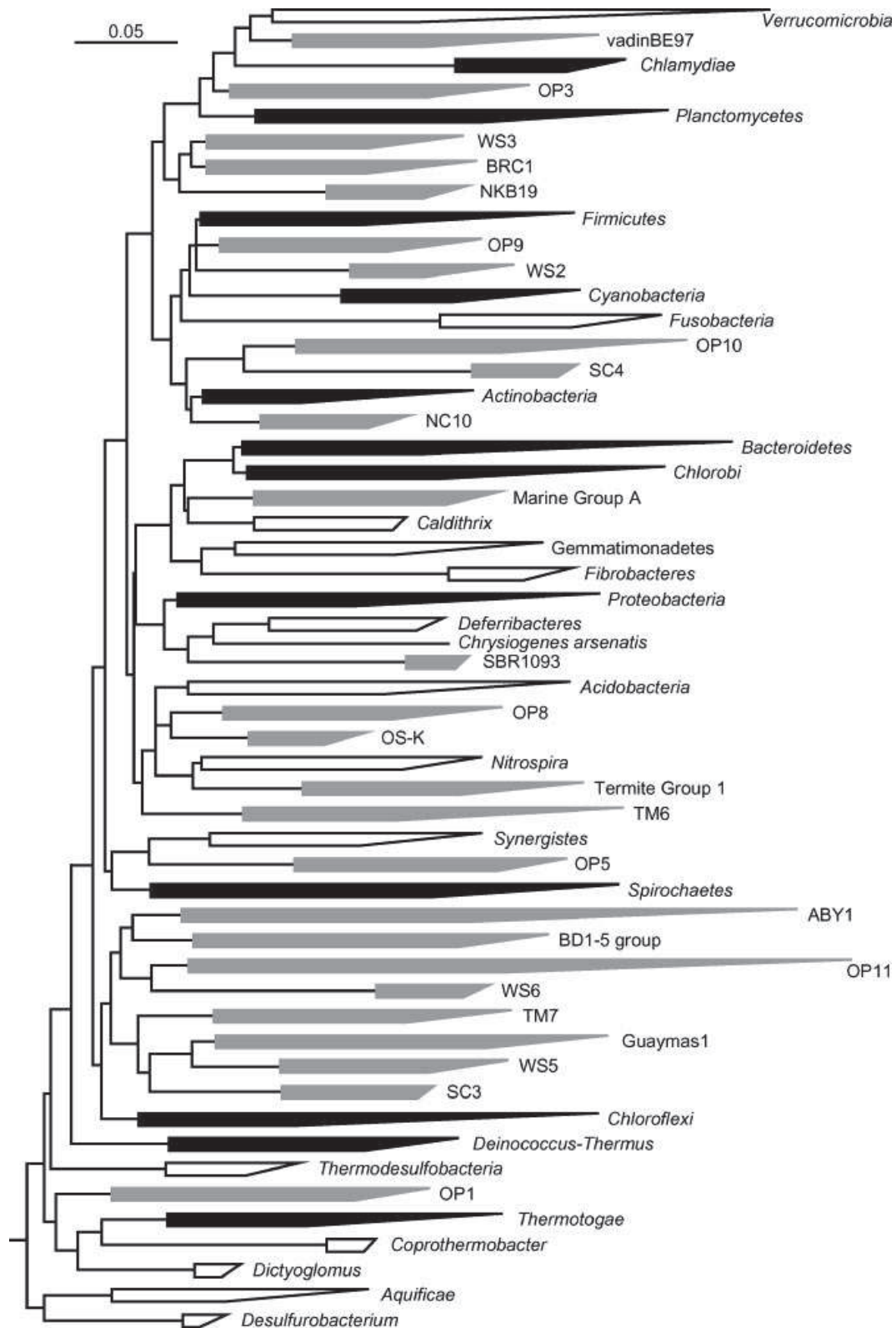


Figure 3 : Arbre phylogénétique des principaux phyla du domaine Bacteria.

Les branches noires correspondent aux 12 phyla initialement décrits par (Woese, 1987) ; les branches blanches correspondent aux 14 divisions ayant des représentants cultivés reconnus depuis 1987 ; en gris sont représentés les 26 phyla « candidats » n'ayant pas de représentants cultivés. Cet arbre a été construit par comparaison de 600 séquences d'ARNr 16S par la méthode des matrices de distance à l'aide du logiciel ARB (Rappé et Giovannoni, 2003).

I.3.B.d La PCR

Suite au développement des outils de biologie moléculaire dans les années 1960-1970, les méthodes moléculaires sont devenues incontournables pour l'identification des microorganismes. Ces vingt dernières années ont vu apparaître de nouvelles techniques pour la détection et l'identification des microorganismes et virus.

L'amplification ciblée d'ADN *in vitro* par PCR (Polymerase Chain Reaction ; Réaction de polymérisation en chaîne) a permis l'accès aux gènes et à leur séquence nucléotidique. Il s'agit en fait d'une réaction enzymatique qui va permettre l'amplification en multiples copies d'une séquence d'ADN (en général un gène spécifique ou une portion de gène). La PCR reste le moyen le plus simple et le plus rapide d'obtenir une quantité suffisante de matrice ADN. De plus, elle permet l'amplification directe de la séquence d'ADN 16S à partir des ADN d'une communauté microbienne. L'étape primordiale est le *design* des amorces car elles vont cibler la séquence d'ADN d'un microorganisme spécifique, d'un groupe microbien ou d'un gène de fonction (Peccia et Hernandez, 2006).

Les amorces utilisées pour une PCR sont de deux types : universelles lorsqu'elles ciblent l'un des trois domaines du vivant (Bactéries, Archées ou Eucaryotes) ou spécifiques lorsqu'elles visent un gène dont la séquence est plus ou moins conservée parmi un « groupe », un « genre » ou une « espèce » au sens phylogénétique des termes.

L'utilisation de la PCR permet de s'affranchir des biais associés à la culture des microorganismes. Elle a permis la mise au point de plusieurs outils notamment avec l'utilisation de l'ARNr 16S comme marqueur moléculaire de l'espèce. Néanmoins, elle n'est pas exempte de biais. Parmi ceux-ci, nous pouvons distinguer :

1. La possible contamination des réactifs et ainsi l'amplification d'ADN contaminant, n'est pas à exclure (Grahm *et al.*, 2003). Elle contribue à la détection de faux positifs (Hilali *et al.*, 1997 ; Mohammadi *et al.*, 2005).
2. La création de séquences recombinées ou chimériques (Liesack *et al.*, 1991).
3. L'amplification préférentielle de certaines séquences notamment celles liées au nombre de copie de l'opéron (Farrelly *et al.*, 1995 ; Johansen *et al.*, 1996 ; Suzuki et Giovannoni, 1996).
4. La pseudo universalité des amorces (Pace, 1997 ; Horz *et al.*, 2000).

Un examen minutieux des résultats doit être réalisé afin de s'affranchir de ces biais (Hughes *et al.*, 1994 ; Tanner *et al.*, 1998). De plus, tout comme les milieux de culture conditionnent la détection de certains microorganismes, les amorces sont réalisées à partir de séquences connues et influencent directement la détection de nouvelles séquences. En conclusion, l'ensemble des méthodes sont à utiliser en complément les unes des autres afin d'obtenir une vision globale de la diversité de l'environnement étudié.

La PCR quantitative (PCRq) est une déclinaison de cette technique. Contrairement à une PCR classique, elle permet à l'aide d'une sonde fluorescente de mesurer en temps réel l'amplification d'un fragment d'ADN, et ainsi de pouvoir quantifier l'ADN présent au départ dans l'échantillon. De nombreuses applications lui sont associées notamment dans le domaine médical (quantification d'un

gène cible ou de l'expression d'un gène), mais aussi en écologie microbienne où sa sensibilité et sa reproductibilité représentent des avantages certains.

Bien souvent, la PCR n'est qu'une étape préliminaire. Les produits de l'amplification peuvent être conservés et employés lors de l'identification ou de la quantification d'un microorganisme ou lors d'analyses de population et de diversité microbienne par l'utilisation de sondes nucléiques, de méthodes d'empreintes moléculaires ou d'inventaires moléculaires.

I.3.B.e Approche spécifique : les sondes nucléiques

Les sondes visent à obtenir des informations spécifiques sur des groupes microbiens, sur la présence d'un gène ou encore sur le niveau d'expression de celui-ci. Elles peuvent avoir des applications différentes mais reposent toutes sur le même principe. Un oligonucléotide complémentaire d'une séquence cible d'ARNr spécifique est construit (environ 20 nucléotides) puis marqué à son extrémité par une molécule rapporteuse fluorescente, radioactive ou enzymatique. Les bases de données, toujours plus importantes, fournissent les séquences nécessaires à l'élaboration de nombreuses sondes plus ou moins spécifiques (du domaine jusqu'au phylotype).

Trois modes d'utilisations de ces sondes sont applicables en microbiologie :

- L'hybridation *dot blot*

La première étape consiste à extraire les ARNr de l'échantillon avant de les fixer sur une membrane. La sonde peut être marquée par un radio-isotope ou une substance rapporteuse (Raskin *et al.*, 1994). La membrane est ensuite lavée avant la détection du marquage. Il est possible à l'aide d'une sonde de référence de quantifier la séquence cible dans l'échantillon à analyser.

- L'hybridation sur cellules entières en fluorescence

Sur un échantillon dont l'intégrité a été conservée, une ou plusieurs sondes sont appliquées afin d'observer « *in situ* » les microorganismes ou structures microbiennes hybridées avec les sondes. Dans un premier temps, un fixateur est appliqué à l'échantillon afin de stopper le métabolisme cellulaire et rendre les cellules perméables à la sonde. Les cellules sont par la suite hybridées à des sondes ciblant les groupes microbiens ou des gènes de fonction, sur une lame ou en milieu aqueux. L'utilisation de sondes fluorescentes permet une observation directe par microscopie à épifluorescence (DeLong *et al.*, 1989). L'emploi d'une combinaison de sondes ayant des spécificités variables vise à déterminer simplement l'abondance de certaines cellules ou de certains gènes.

- Les « puces à ADN »

Sur un support de type lame de verre ou lame de silicium vont être déposées des sondes. Par la suite, l'ADN simple brin, préalablement marqué, qui doit être analysé est mis en contact avec la puce et donc avec les sondes. Si l'ADN est complémentaire de la sonde oligonucléotidique, il va s'hybrider avec celle-ci et résister aux différents lavages. Aux endroits de la puce où il y aura

appariement des deux brins d'ADN, apparaîtra une fluorescence sous l'aspect d'un spot lumineux (Ye *et al.*, 2001 ; Wang *et al.*, 2002).

I.3.B.f Approche globale : les méthodes d'empreintes moléculaires

Alors que les techniques énoncées précédemment visent à identifier ou à quantifier une cible, les méthodes d'empreintes moléculaires ou de *fingerprints* donnent une image globale du monde microbien. La méthodologie à appliquer, peut être résumée ainsi :

- Extraction de l'ADN total des microorganismes (pouvant être extrait de n'importe quel milieu biologique ou environnemental).
- Le fragment d'ADN d'intérêt est ciblé par PCR.
- Séparation des fragments par électrophorèse.
- Obtention de bandes ou de pics apportant une image qualitative et/ou quantitative des microorganismes.

Le mode de séparation des fragments d'ADN distingue les différentes techniques de *fingerprints* (Figure 4). De ce fait, de nombreuses techniques ont vu le jour au cours des vingt dernières années. Le niveau de discrimination, qui dénote de la variabilité de l'échantillon, est défini par un site de restriction (RFLP, T-RFLP, ARDRA), par des modifications de base (CE-SSCP, DGGE, TGGE) ou par des modifications de longueur (RISA, ARISA).

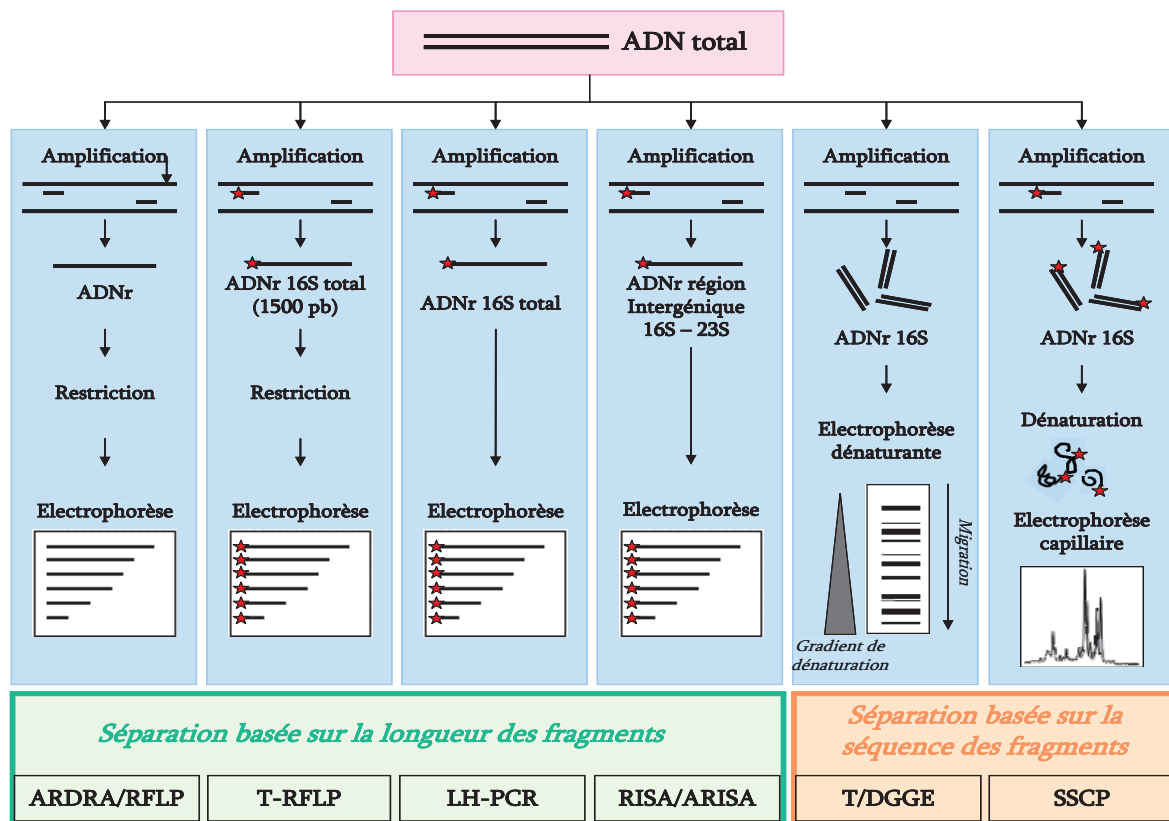


Figure 4 : Schémas et principes des principaux outils d'empreinte moléculaire pour l'étude des écosystèmes microbiens. D'après Cresson (2006).

Les techniques de T/DGGE (Temperature/Denaturing Gradient Gel Electrophoresis) ou de CE-SSCP (Capillary Electrophoresis Single Strand Conformation Polymorphism) s'appuient sur des différences de mobilités électrophorétiques dues à des divergences de conformations moléculaires, elles-mêmes influencées par la séquence nucléotidique des fragments d'ADN. Ces techniques nécessitent des fragments courts (500 pb pour la T/DGGE et 200 pb pour la CE-SSCP). En effet la mobilité électrophorétique diminue lorsque les fragments sont plus longs.

La T/DGGE est utilisée pour accéder à la diversité microbienne de communautés ainsi que pour des études de dynamique. Son principe repose sur la propriété selon laquelle deux fragments d'ADN d'une même longueur mais qui diffèrent d'un seul nucléotide, peuvent être séparés par électrophorèse sur gel d'acrylamide à travers un gradient croissant d'agents chimiques dénaturants comme l'urée et la formamide (DGGE) ou à travers un gradient linéaire de température (TGGE). Les fragments double brin migrent en fonction de leur taille jusqu'à l'obtention de conditions suffisamment dénaturantes où le double brin va s'ouvrir (en fonction de sa séquence nucléotidique) et ainsi ralentir sa migration. Une identification peut être réalisée par découpage et séquençage des bandes obtenues ou par hybridation avec des sondes oligonucléotidiques (Muyzer *et al.*, 1993 ; Muyzer et Smalla, 1998).

La CE-SSCP diffère de la T/DGGE par ses conditions de migration électrophorétique non dénaturantes. Les produits PCR sont dénaturés (formamide et chaleur) avant d'être renaturés (dans de la glace). Les fragments simple brin obtenus vont adopter des conformations secondaires stables déterminées par des interactions intramoléculaires (Orita *et al.*, 1989). En fonction de la structure adoptée, ces fragments repliés présenteront des différences de mobilité, ce qui permet leur séparation durant l'électrophorèse. Une identification est possible par clonage des produits PCR et par la suite, séquençage des clones co-migrants avec les pics du profil complexe, équivalant à l'ensemble des séquences de la communauté microbienne étudiée. En 1996, cette technique fut pour la première fois appliquée à l'écologie microbienne par Lee *et al.*, afin d'accéder à la diversité des communautés microbiennes d'une eau surfacique.

L'ARDRA (Amplified Ribosomal DNA Restriction Analysis) et la RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) sont deux techniques applicables après digestion des fragments d'ADN par une ou plusieurs enzymes de restriction. Ces techniques reposent sur la variabilité de taille des fragments digérés, mise en évidence après migration sur gel d'agarose. Elles sont fréquemment mises en œuvre pour la discrimination au sein d'une même famille, d'une espèce ou d'une sous espèce, en raison de leur rapidité (Vanechoutte *et al.*, 1992 ; Vanechoutte *et al.*, 1995 ; Stakenborg *et al.*, 2005). Bien que peu coûteuses, ces méthodes ne sont pas adaptées à l'étude de communautés complexes. En effet, chaque espèce donne lieu à un certain nombre de fragments, lorsque le nombre d'espèces présentes est trop important, le gel devient illisible. L'utilisation de la T-RFLP (Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism) a permis de palier ce problème en introduisant une amorce fluorescente afin de ne détecter qu'un seul fragment (Liu *et al.*, 1997). La méthode de LH-PCR (Length Heterogeneity) discrimine les microorganismes sur la base d'inégalités naturelles de longueur de la séquence d'ARNr 16S.

D'autres techniques séparent les fragments en fonction de leur taille : RISA (rRNA Intergenic Spacer Analysis) développée par Borneman et Triplett (1997) et ARISA (Automated RISA), qui est une version automatisée de RISA (Fisher et Triplett, 1999). Ces deux méthodes différencient la taille de la région intergénique 16S-23S. Maron *et al.* l'appliquèrent en 2005 pour l'étude de la variabilité de la

microflore de l'air extérieur, montrant ainsi une grande diversité dans la structure des communautés bactériennes. De plus, l'étude de deux échantillons révéla une importante variabilité dans le temps.

I.3.B.g Les inventaires moléculaires

En dépit de l'importance évidente des microorganismes, peu de choses sont connues quant à leur diversité : combien d'espèces ? Quelles fonctions écologiques remplissent ces espèces ? A l'heure actuelle, seules quelques approximations existent quant à la mesure de la diversité microbienne. Une analyse théorique suggère que la population bactérienne sur Terre avoisinerait les 10^{30} bactéries. Ce nombre représenterait à peine quelques ordres de grandeur de plus que le nombre d'étoiles de tout l'Univers connu (estimé à 10^{22} - 10^{24}) (Guazzaroni *et al.*, 2010).

Les inventaires moléculaires permettent d'accéder à une vision qualitative de la diversité microbienne indépendamment de la cultivabilité des microorganismes et ils ont par la même occasion confirmé que nous avons une vision partielle de celle-ci. Cette approche vise à inventorier et à identifier les différentes populations microbiennes présentes au sein des écosystèmes. Pour ce faire, l'ADN total de la communauté est extrait, puis l'ensemble des ADNr 16S ou 18S sont amplifiés à partir du mélange par PCR au moyen d'amorces spécifiques. Chaque fragment d'ADN est isolé par clonage dans un plasmide d'*Escherichia coli* avant d'être séquencé. Les séquences obtenues sont analysées afin de les situer phylogénétiquement vis-à-vis de microorganismes connus (Figure 5).

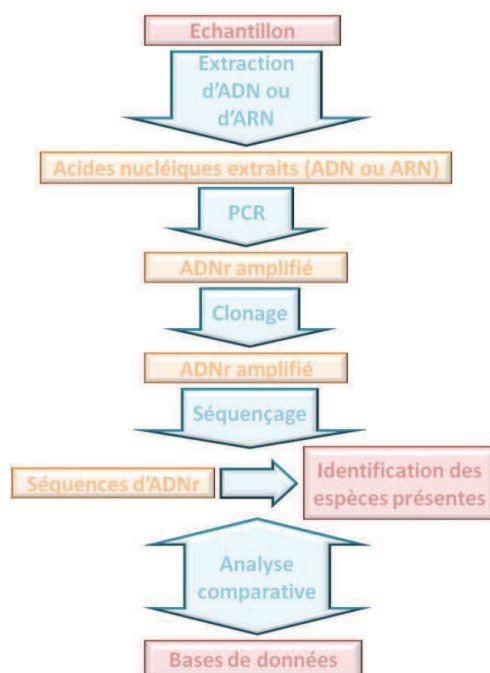


Figure 5 : Principales étapes nécessaires à l'analyse de la diversité microbienne par les inventaires moléculaires.

Les deux premières techniques de séquençage de l'ADN furent décrites en 1977. Il s'agissait de celle de Maxam-Gilbert (Maxam et Gilbert, 1977) et de celle de Sanger (Sanger *et al.*, 1977). A l'heure actuelle, la méthode de Sanger est principalement utilisée dans les laboratoires, elle est

également automatisée. Les signaux lumineux émis en fonction du nucléotide incorporé, sont analysés par un logiciel spécifique et le résultat de l'analyse peut être lu sous forme d'un électrophorégramme (Figure 6). Pour confirmer un résultat, toute réaction de séquençage d'un fragment d'ADN est systématiquement faite sur le brin sens et le brin antisens (Lamoril *et al.*, 2008). En général, cette technique permet d'obtenir des séquences de longueurs comprises entre 400 et 850 pb.

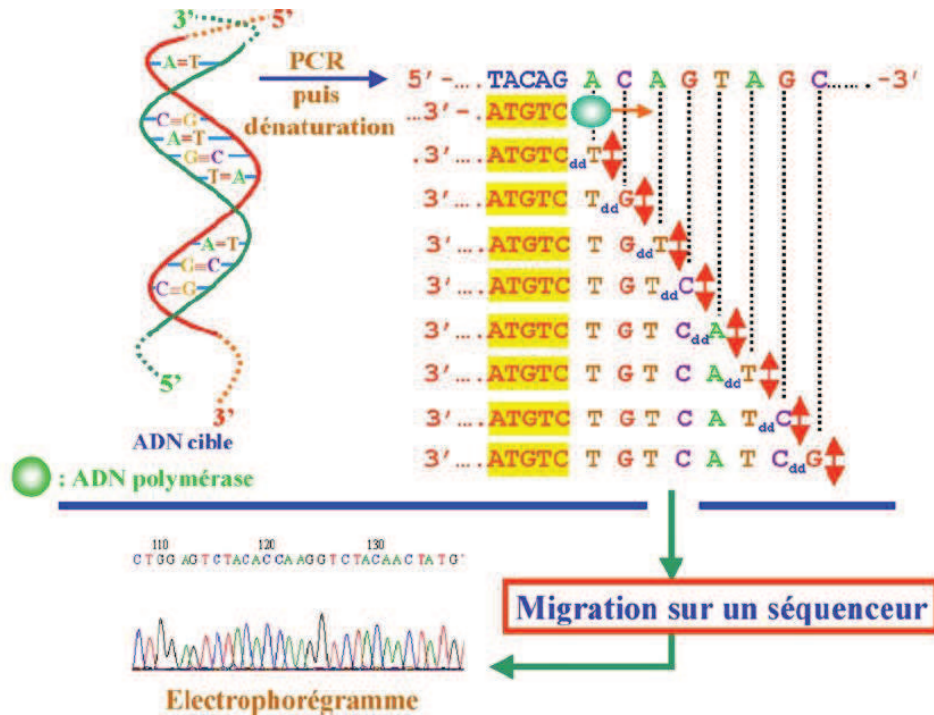


Figure 6 : Illustration du principe de séquençage selon la méthode de Sanger (Lamoril *et al.*, 2008).

Les nouveaux inventaires moléculaires réalisés viennent un peu plus chaque année enrichir les bases de données améliorant notre vision du monde microbien. Une étude menée en mer des Sargasses met en évidence quelques 1800 espèces microbiennes différentes dont 148 phylotypes bactériens jusque là inconnus (Venter *et al.*, 2004)

Par la suite, les séquences présentant plus de 97% de similarité vont être regroupées au sein d'unités phylogénétiques appelées OTU (Operational Taxonomy Units) (Stackebrandt et Goebel, 1994).

I.3.B.h La diversité microbienne : la décrire et l'estimer ?

Néanmoins, se pose la question de savoir comment accéder à une description correcte de la diversité d'une communauté ou de l'abondance de certaines espèces. Plusieurs méthodes ont été mises au point afin d'estimer au mieux la richesse d'un échantillon et ainsi pouvoir comparer la diversité des différents environnements. Des outils tels que le pourcentage de recouvrement ou les courbes de raréfaction permettent d'évaluer la pertinence de séquencer plus de séquences afin de décrire au plus juste la diversité. Ces courbes sont obtenues en traçant le nombre de phylotypes

observés en fonction du nombre de séquences analysées. Pour une diversité infinie, chaque nouvelle séquence analysée correspond à une nouvelle espèce. Au fur et à mesure que les nouvelles séquences analysées correspondent à des espèces déjà obtenues, la courbe s'infléchit pour finir en plateau lorsque toutes les espèces de l'échantillon ont été décrites. Cette approche permet de comparer la richesse observée au sein de différents sites, habitats ou ayant subi différents traitements, bien que les échantillons ne soient pas égaux en terme d'échantillonnage (Figure 7).

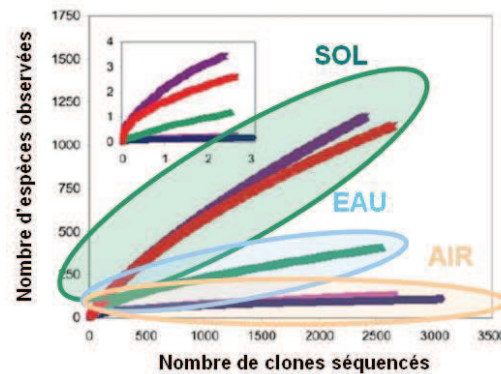


**Figure 7 : Courbes de raréfactions de la diversité en phylotypes observés.
D'après Tringe *et al.* (2008).**

Par contraste, les estimateurs de richesse (Chao1 ou ACE) évaluent la richesse totale de la communauté d'un échantillon. Ces estimations peuvent alors être comparées entre les différents échantillons. L'idée que la « vraie » diversité microbienne ne peut être estimée vient de l'utilisation de ces outils. En effet, beaucoup de courbes de raréfaction sont linéaires ou du moins, proches de la linéarité, en raison d'une haute diversité, mais également souvent à cause du faible nombre d'échantillons (Hughes *et al.*, 2001).

Dans les écosystèmes où la diversité est très importante, l'utilisation des inventaires moléculaires peut s'avérer coûteuse en temps et onéreuse. Devant ces inconvénients cette technique ne convient pas pour des études de dynamique, on lui préférera les techniques de *fingerprints* (Dorigo *et al.*, 2005).

Les séquences d'ARNr servent de base à de nombreuses applications moléculaires comme l'hybridation ou les techniques d'empreintes moléculaires, elles sont regroupées sous le terme de « *full cycle rRNA approach* » (Figure 8).

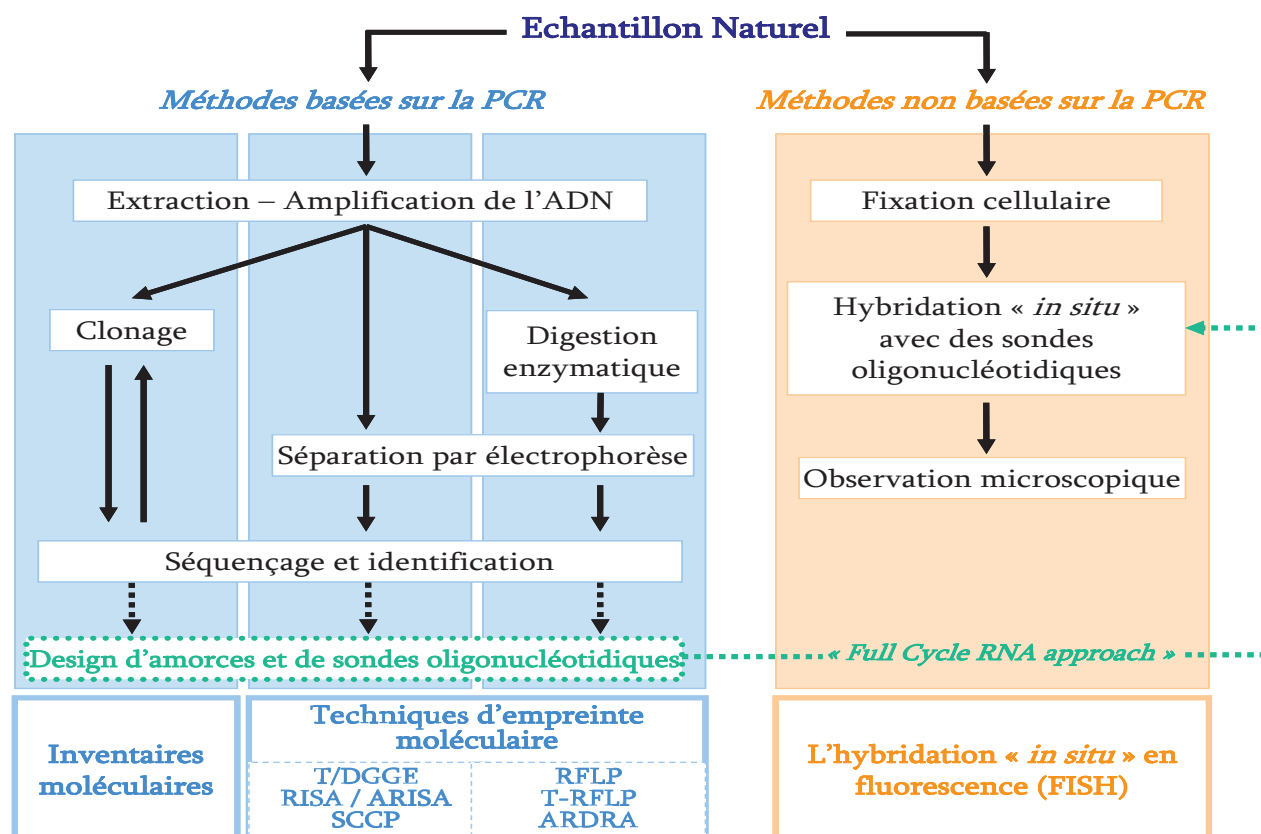


Figure 8 : Techniques moléculaires d'étude et « full cycle rRNA approach ». D'après Wilderer *et al.* (2002) ; Dorigo *et al.* (2005) ; Cresson (2006).

Ces techniques ont montré leur intérêt pour la caractérisation de communautés microbiennes de l'environnement en s'affranchissant de la culture et de l'isolation préalable. Bien qu'ayant un fort potentiel, les techniques moléculaires ont elles aussi leurs propres limites. Si les biais méthodologiques sont présents au long de chaque étape de l'analyse, la PCR reste une étape critique (§ 1.3.B.d).

1.3.B.i Les nouvelles technologies de séquençage ou Next Generation Sequencing (NGS)

Le pyroséquençage est une technique qui permet d'effectuer un séquençage plus rapide et à moindre coût qu'un séquençage par la méthode de Sanger. En effet, cette technique ne nécessite pas de clonage (donc un gain de temps et un coût moindre), et permet une lecture directe de la séquence obtenue après le séquençage.

Ces dernières années, de nombreuses entreprises ou institutions académiques ont tenté de développer de nouvelles technologies de séquençage intégrant le haut débit, la rapidité et un coût moindre.

De nombreuses technologies sont actuellement sur le marché. Deux de celles ci sont représentatives de la nouvelle génération des séquenceurs à haut débit : la technologie 454 et la technologie CRT Solexa/Illumina.

La compagnie 454 Life Science a développé une technologie de séquençage innovante caractérisée par la mise en œuvre de la nanotechnologie pour le séquençage (Margulies *et al.*, 2005). Cette technique permet de traiter avec un seul instrument plus de 20 millions de bases nucléotidiques par cycle de quatre heures, ce qui correspond à plus de 100 fois la capacité des instruments reposant sur les techniques actuelles. Une seule machine génère en réalité (avec plus de 99% d'exactitude) autant de données que 100 séquenceurs capillaires à haut débit. Cette technologie est fondée sur l'intégration de plusieurs technologies distinctes : le pyroséquençage, la technologie des plaques en fibre optique picotitrées qui contiennent 1,6 millions de puits, la PCR en émulsion (emPCR) dans des microréacteurs qui permettent de réaliser jusqu'à 300 000 réactions PCR en parallèle, ainsi que des technologies informatiques de pointe pour l'acquisition, le traitement et l'analyse des images.

La société Solexa/Illumina a développé une technologie de séquençage sur puce, fondée elle aussi sur l'intégration de plusieurs techniques : les biopuces à ADN, la nanotechnologie, une variante de la technique de Sanger appelée CRT (Cyclic Reversible Termination) et toujours, des technologies informatiques de pointe pour l'acquisition, le traitement et l'analyse des images. Les coûts de séquençage sont réduits par (i) la suppression de l'étape d'amplification de l'ADN, par (ii) le fait de travailler dans un volume de réaction très réduit, par (iii) le fait d'avoir une préparation minimale de l'échantillon, et de (iv) supprimer l'étape d'électrophorèse. Le principe de séquençage est basé sur l'incorporation réversible de nucléotides fluorescents et par lecture optique de la fluorescence. Il s'agit d'un séquençage en temps réel, basé sur la détection de la fluorescence en présence des 4 nucléotides marqués comme pour la technique de Sanger mais sans recours à l'électrophorèse. La très haute densité de la puce (plus de 100 millions de molécules par centimètres carrés) permet de séquencer environ 100 000 paires de bases par seconde. Des molécules de 25 paires de bases sont séquencées puis alignées, grâce à un logiciel, et comparées à une séquence de référence pour reconstituer la séquence. Cette technologie est utilisée pour les grands projets de reséquençages, mais également pour la reconnaissance de SNP et les mutations.

I.3.B.j Métagénomique : quels apports et quelles limites ?

Les séquences du gène de l'ARNr 16S chez les procaryotes et du gène de l'ARNr 18S chez les eucaryotes, sont à l'heure actuelle les principales mesures des relations phylogénétiques et ainsi de la biodiversité. La détermination d'un grand nombre de séquences dans divers environnements a mis en évidence une abondante diversité en microorganismes. Néanmoins, seule une fraction de celle-ci peut être correctement analysée (Dinsdale *et al.*, 2008).

La métagénomique est analogue à la génomique à une différence près. En métagénomique, l'étude ne se base plus sur un seul génome issu d'un clone ou d'un microorganisme cultivé et caractérisé en laboratoire, mais sur l'ensemble de la communauté microbienne présente dans un échantillon environnemental, aussi appelée « communauté génome ». La métagénomique inclut des investigations sur trois niveaux majeurs (le traitement de l'échantillon, le séquençage de l'ADN et l'analyse fonctionnelle), avec l'objectif final d'obtenir la vision la plus exhaustive possible du fonctionnement du monde microbien (Guazzaroni *et al.*, 2010).

De nouvelles techniques ainsi que de nouveaux outils ont été développés pour l'échantillonnage et le séquençage de données de métagénomique. Ces outils incluent :

1. La possibilité de réaliser et de visualiser une analyse comparative lorsqu'une séquence de référence est disponible.
2. Des techniques permettant l'assemblage de fragments de génome afin de recomposer le génome d'un taxon microbien non cultivé mais suffisamment abondant dans l'échantillon.
3. Une comparaison de l'ensemble du métagénome en s'affranchissant des différents biais liés à l'analyse (Rusch *et al.*, 2007).

Bien que le principe du pyroséquençage ait été décrit en 1985 (Ahmadian *et al.*, 2006), cette nouvelle technique n'a été publiée qu'en 1998 (Ronaghi *et al.*, 1998). Son utilisation rend possible l'obtention de suffisamment de séquences pour estimer au mieux la diversité de communautés plus ou moins complexes à large échelle (Lozupone et Knight, 2008).

Le travail de métagénomique est en pleine expansion. Son atout majeur réside dans le fait de travailler sans sélection préalable des gènes séquencés. En effet, l'étape de PCR réalisée en amont lors d'un séquençage classique, n'a pas lieu. L'objectif de cette technique repose sur une caractérisation globale de l'écosystème (Zemb, 2007).

Des efforts importants de séquençage ont été consentis ces dernières années sur de nombreux écosystèmes : un site de drainage minier acide (Tyson *et al.*, 2004 ; Edwards *et al.*, 2006), la mer des Sargasses (Venter *et al.*, 2004), les carcasses de baleines et le sol d'une ferme (Tringe *et al.*, 2005) ou encore The Global Ocean Sampling expedition (Rusch *et al.*, 2007). De telles études permettent d'établir un lien entre la phylogénie et la fonction, révélant une surprenante abondance de gènes de différents types et également de reconstruire les génomes complets de microorganismes n'ayant pas pu être cultivés (Guermazi *et al.*, 2008).

Une étude récente de Tringe *et al.* portant sur la microbiologie de l'air intérieur de centres commerciaux montre, au travers de données du métagénome bactérien, la sur-représentation de certains gènes. Il s'agit notamment de gènes codant pour des facteurs d'adhésion ou de mobilité et aussi pour des protéines jouant un rôle dans la pathogénicité, la résistance à la dessiccation et aux UV ou pour la survie au stress oxydatif ou à la privation en fer (Tringe *et al.*, 2008).

Bien que beaucoup de limitations techniques aient été dépassées au cours de la dernière décennie (extractions d'ADN multi-puits, l'isolation d'une seule cellule ou l'analyse de séquences par la technologie de pyroséquençage 454 (Margulies *et al.*, 2005)), il reste encore quelques difficultés :

- L'obtention d'une couverture du métagénome adéquate alors que les gènes des différents organismes sont présents dans différentes concentrations dans l'ADN utilisé pour la construction des banques de données ou pour le séquençage.
- L'existence de nombreux gènes inconnus dont il est difficile d'identifier la fonction.

La grande quantité de données générée par ces approches sans *a priori* engendre des difficultés de traitement, d'archivage et d'analyse (Chen et Pachter, 2005).

I.3.B.k Outils de bioinformatique

Les programmes de génomique donnent lieu à une augmentation sans précédent des volumes de données biologiques à traiter. En effet, il est nécessaire de stocker ces données dans d'importantes bases de données informatiques, afin de permettre à tous les biologistes d'y accéder de façon simple et rapide, de les analyser et de les comparer entre elles. Ces étapes passent souvent par le développement d'outils mathématiques et informatiques appropriés. On parle alors de bioinformatique (Figure 9).

Les données de séquençage ne donnent pas tout de suite accès aux informations sur les gènes, souvent morcelés dans le génome. L'informatique apporte une aide essentielle voir indispensable, pour l'identification et la reconstitution de gènes codant pour des protéines. A partir des connaissances obtenues sur plusieurs milliers de gènes, des programmes informatiques sont conçus afin de prédire la localisation des parties codantes des gènes et ainsi d'apporter une aide à l'identification des gènes codant pour une protéine ou une autre. Comparer automatiquement des séquences, permet de rechercher dans la masse de données existante, les gènes qui présentent des ressemblances avec une séquence étudiée, que ce soit dans le même organisme ou dans une toute autre espèce. Lorsque l'on connaît déjà la fonction de ces gènes similaires, il est possible de proposer un rôle pour les gènes étudiés. Celui-ci devra être confirmé expérimentalement. L'analyse bioinformatique vise à établir des classifications et à proposer des hypothèses sur la fonction présumée des gènes.

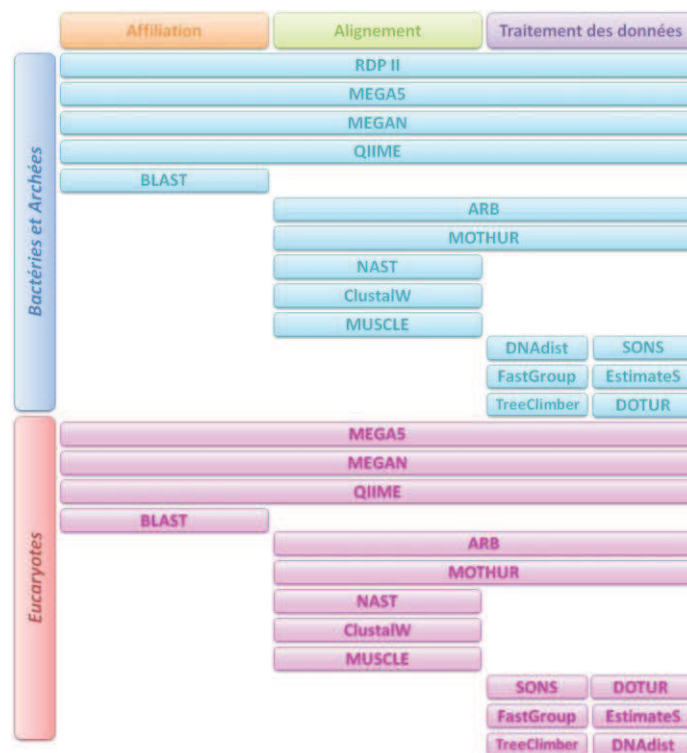


Figure 9 : Schéma récapitulant la liste non exhaustive d'outils de bioinformatiques en ligne disponibles pour le traitement de données de séquences microbiennes.

II LES BIOAEROSOLS

II.1 DEFINITIONS

Un aérosol est une suspension dans un milieu gazeux, de particules solides et/ou liquides, présentant une vitesse de chute négligeable (par convention $v \leq 25$ cm/s). Le terme de « bioaérosols » tient compte de la nature biologique de l'aérosol et notamment de ses propriétés, telles que la viabilité, le caractère infectieux ou allergénique (Renoux et Boulaud, 1998).

Les bioaérosols se présentent sous forme de cellules bactériennes, de fragments cellulaires, de spores fongiques, de pollens ou encore de composés libérés par les microorganismes présents dans la matrice de départ (endotoxines, mycotoxines, allergènes...) (Figure 10). On retrouve peu de microorganismes en tant que cellules individualisées lorsqu'ils sont sous formes d'aérosols. Dans la plupart des cas, ils sont sous forme d'agrégats (attachés les uns aux autres) ou fixés à des particules non viables (tels les particules de poussière, débris végétaux...) (Eduard *et al.*, 2001 ; Maron *et al.*, 2005).

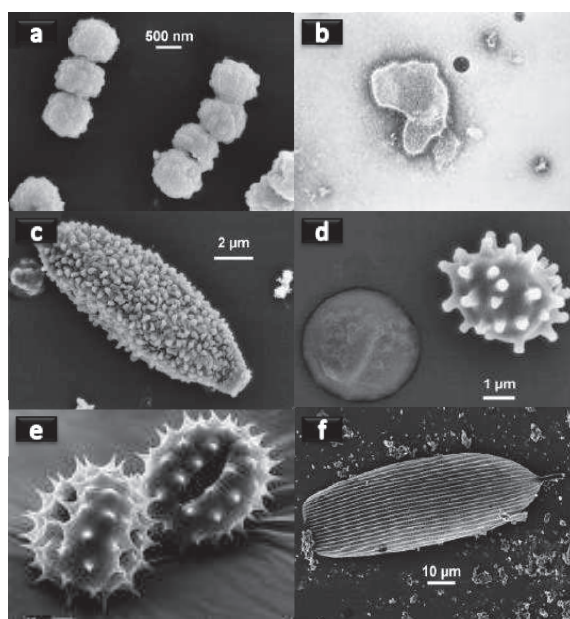


Figure 10 : Différents bioaérosols observés au microscope électronique à balayage.
a : bactéries ; b : Virus Respiratoire Syncytial (VRS) ; c : conidie de *Cladosporium herbarum* ;
d : conidie de *Penicillium* ou d'*Aspergillus* ; e : pollens ; f : écaille d'insecte.
D'après Wittmaack *et al.* (2005).

Les termes « aérosols microbiens » définissent l'ensemble des particules bactériennes, fongiques et virales. Ils présentent généralement un diamètre compris entre 0,1 et 100 µm. Les aérosols bactériens peuvent se présenter sous diverses formes (sphères, bacilles, spirales...) ou en amas de tailles variables (Eduard *et al.*, 2001 ; Maron *et al.*, 2005). Les microorganismes en aérosols sont ubiquitaires dans l'atmosphère. Des microorganismes cultivables (tels que les bactéries ou les champignons) ont été retrouvés à d'importantes altitudes dans la stratosphère (Imshenetsky *et al.*,

1978). Griffin *et al.* (2003) mirent en évidence le transport sur de longues distances de microorganismes attachés à des poussières provenant du Sahara.

Des bactéries et des champignons ont également été identifiés dans l'eau des nuages (Sattler *et al.*, 2001 ; Amato *et al.*, 2005 ; Amato *et al.*, 2007), dans le brouillard (Fuzzi *et al.*, 1997) ou dans l'eau de pluie (Casareto *et al.*, 1996 ; Sattler *et al.*, 2001).

II.2 L'AÉROSOLISATION : MÉCANISMES

L'aérosolisation correspond au passage d'un microorganisme d'une phase solide ou liquide à une phase gazeuse. Cette étape va s'effectuer en présence de certains paramètres physiques impliquant une mise en mouvement (vent, bullage, agitation mécanique...). En 2005, une étude de Paez-Rubio *et al.*, permet de constater une augmentation de l'aérosolisation avec la force du vent, mais également qu'une majorité d'espèces retrouvées dans l'air avaient une source hydrique. Les données présentées par Aller *et al.* (2005) indiquent des concentrations en microorganismes quinze à vingt-cinq fois supérieures au niveau de l'interface air/eau.

La dissémination de microorganismes dans l'air répond à un mécanisme parfois actif (quand l'énergie nécessaire à l'aérosolisation est apportée par le microorganisme lui-même) ou à un mécanisme passif lorsque cette énergie est fournie par des sources externes telles que la gravité, la pluie ou les courant d'air (Górny *et al.*, 2001).

En 2003 et 2004, les études de Kildesø *et al.* et Sivasubramani *et al.* démontrèrent qu'avec des conditions identiques de croissance, des espèces différentes de champignons ne libéraient pas les mêmes quantités de spores. De plus, cette libération pouvait avoir lieu lors de mouvement d'air inférieur à 0,3 m/s. Mais qu'en est-il pour les microorganismes procaryotiques ? En 2007, une étude comparative sur les microorganismes présents dans le biogaz de digesteurs menée par Moletta *et al.* montre la possibilité de trois types de comportement : l'aérosolisation passive, la non-aérosolisation préférentielle et l'aérosolisation préférentielle. Les groupes microbiens activement non-aérosolisés sont repérables en raison de leur sous-représentation ou leur absence dans le biogaz alors qu'ils étaient présents dans le digesteur. A l'inverse, les groupes microbiens préférentiellement aérosolisés sont sur-représentés ou identifiés en proportion équivalente dans le biogaz et le digesteur. Ce comportement n'est pas nouveau, déjà en 2005, Angenent *et al.* montraient par le biais d'outils moléculaires que *Mycobacterium sp.* était préférentiellement aérosolisé à partir de l'eau d'une piscine thérapeutique. Les données de Moletta-Denat *et al.* en 2010, révèlent une aérosolisation 30 à 220 fois supérieure pour *Staphylococcus spp.* et *Propionibacterium acnes* dans le biogaz. En revanche, les archées et les synergistes sont respectivement 8 à 20 fois moins aérosolisés que les bactéries. Cette étude fait une démonstration de l'aérosolisation sélective de certains microorganismes dans des digesteurs anaérobies (Moletta-Denat *et al.*, 2010).

II.3 DISPERSION ET DEPOSITION

Le transport aérien des microorganismes est régi par les caractéristiques physiques des microorganismes aéroportés mais également par les paramètres environnementaux. Les aérosols microbiens obéissent aux lois physiques inhérentes aux particules inertes (Renoux et Boulaud, 1998) :

- Le mouvement Brownien qui résulte de l'agitation aléatoire des molécules de gaz.
- La diffusion turbulente, qui est un phénomène macroscopique dû au mouvement propre de l'air (ventilation naturelle ou forcée, déplacements de personnes ou d'objets et convection thermique) et les forces d'inertie, qui lorsque le gaz porteur peut être considéré comme incompressible, résultent des accélérations et décélérations des petites masses de fluides présentes autour de l'aérosol.
- La sédimentation car, dans l'air, les particules ont une vitesse de chute liée à leur masse, leur forme et leur dimension. Cette vitesse résulte de l'équilibre entre deux forces, l'action du champ de pesanteur terrestre sur la particule et la résistance du milieu (Renoux et Boulaud, 1998).
- La force électrique. En effet, bien que les aérosols microbiens soient globalement chargés négativement, leur charge peut varier d'un microorganisme à l'autre. Cette différence peut entraîner des modes de transport et de déposition variables (Mainelis *et al.*, 2001).
- Les gradients thermiques lorsqu'ils existent, impliquent que les aérosols soient repoussés par les corps chauds. Ainsi, les particules vont se déplacer de la zone la plus chaude vers la plus froide.

La présence de bactéries cultivables à des altitudes de 41 km au dessus de la surface terrestre, met en évidence le rôle de l'air dans la stratégie de colonisation de certaines espèces microbiennes (Wainwright *et al.*, 2003). La dispersion est essentielle chez les microorganismes, elle peut être considérée comme la troisième priorité après la survie et la reproduction (Hamilton et Lenton, 1998).

Le transport atmosphérique est l'élément clé de la dispersion microbienne, et la transmission des aérosols pathogènes, issus des plantes ou des animaux, est un exemple non négligeable de leur rôle dans les écosystèmes (Fierer *et al.*, 2008).

II.4 ROLE DANS L'ÉCOLOGIE MICROBIENNE

Contrairement aux environnements dits « classiques » (le sol, l'eau et les sédiments), l'air n'est que rarement étudié par les écologistes microbiens. De ce fait, il n'existe que peu de connaissances liées à l'écologie des microorganismes de l'air, à leur implication dans les cycles biogéochimiques ou à leur rôle dans la dispersion biogéographique des espèces. Jusqu'à maintenant les bactéries et champignons aéroportés ont été préférentiellement étudiés dans un contexte lié à leur toxicité, aux réactions allergiques qu'ils suscitaient et plus généralement à leur implication sanitaire dans des environnements intérieurs spécifiques : hôpitaux, maisons, bureaux...

L'absence d'eau disponible représente la principale limite à la multiplication des microorganismes dans l'air. Néanmoins, l'étude de Dimmick *et al.* (1979) met en évidence la possibilité d'une division bactérienne en aérosol. De plus, des études récentes montrent que les nuages constituent un écosystème favorable à la multiplication des microorganismes en suspension dans l'air. Une grande diversité a été observée, avec notamment la présence dans les nuages de *phyla* habituellement retrouvés dans d'autres environnements : *Firmicutes*, *Proteobacteria*, *Bacteroidetes*, *Actinobacteria*, *Ascomycota*, *Basidiomycota* (Amato *et al.*, 2005). En outre, certaines souches ont montré une adaptation aux conditions environnementales extrêmes des nuages (psychotrophie, pigmentation, production de spores...) et sont phylogénétiquement proches de bactéries isolées dans des régions polaires. Moins d'1% des microorganismes sont cultivables dans ces environnements extrêmes, néanmoins ils restent viables et sont étroitement liés à la composition chimique des nuages (Amato *et al.*, 2007). Récemment les travaux de Morris *et al.* (2004) ont montré que certaines bactéries, capables de catalyser la nucléation de la glace et responsables de dommages sur les feuilles des plantes, se disséminaient préférentiellement par le biais de l'air. Ces bactéries passent de l'air au nuage pour finalement coloniser d'autres feuilles grâce aux gouttes de pluie.

Le cas d'une de ces bactéries, *Pseudomonas syringae*, est particulièrement étonnant puisque cet agent de la bactériose du melon, a été retrouvé dans des niches écologiques surprenantes (biofilms sur des rochers, eau mêlée à de la neige) autres qu'agricoles tout en conservant sa pathogénicité. De plus, des « soupçons » pèsent sur son implication dans les processus de précipitations météorologiques et sur son impact dans l'atmosphère (Morris *et al.*, 2007).

L'air représente pour les pathogènes un moyen de dispersion à large échelle que ce soit à partir d'une source naturelle ou à partir d'une source anthropique (Maron *et al.*, 2005). Leur rôle en tant qu'agent de maladie, donne aux aérosols microbiens un impact sanitaire important. Même si un faible pourcentage d'aérosols microbiens est bien connu et identifié pour causer des maladies infectieuses, de récentes évidences montrent que la voie aéroportée serait un mode de transmission préférentiel pour plusieurs virus, bactéries ou champignons (Terzieva *et al.*, 1996 ; Sivasubramani *et al.*, 2004 ; Angenent *et al.*, 2005).

II.5 LA SURVIE DES AEROSOLS MICROBIENS

Si les aérosols microbiens sont soumis aux mêmes lois physiques que les particules en aérosols, ils obéissent également à des lois plus spécifiques compte tenu de leurs caractéristiques biologiques.

La combinaison de faibles niveaux d'humidité et d'une faible disponibilité de nutriments, associées à de hauts niveaux de radiations Ultra-violet (UV), fait de l'atmosphère terrestre un environnement difficile pour la vie microbienne (Brodie *et al.*, 2007). Pour la plupart des microorganismes, l'air est un milieu extrême voire hostile. La survie d'un aérosol microbien va dépendre essentiellement de sa capacité à résister aux stress induits par l'aérosolisation (déshydratation, dessiccation) et par différents facteurs environnementaux (l'humidité, la température, les radiations, l'ozone et les « Open Air Factor »).

Le passage dans l'air et la collecte de ces microorganismes représentent un stress non négligeable pouvant aboutir à la perte de la cultivabilité dans une optique de survie qui se traduit par, une mise en veille de certains métabolismes afin de préserver l'intégrité de l'organisme.

Dans une étude réalisée en 1997, Heildelberg *et al.* évaluèrent l'effet de l'aérosolisation sur la cultivabilité de *Serratia marcescens*, *Klebsiella planticola* et *Cytophaga allerginae*. Moins de 10% des bactéries aérosolisées furent capables de former des colonies visibles. Pourtant, malgré les différents stress occasionnés, notamment dans des espaces clos (conditions particulières de température et d'humidité), de nombreuses bactéries et la plupart des champignons produisent des spores résistantes, qui peuvent survivre des années dans l'air de ces lieux (Stetzenbach, 1997).

L'étude des différents facteurs environnementaux ainsi que des relations qui les lient aux bioaérosols est très complexe, puisqu'elle se doit de tenir compte de l'ensemble des paramètres pas seulement pris séparément mais plutôt comme un groupement de paramètres étroitement liés.

II.5.A Rôle de l'humidité et de la température

L'eau est le principal acteur de la survie de l'aérosol microbien, mais elle peut également influencer la capacité de résistance du bioaérosol. L'humidité relative (HR exprimée en pourcentage) ainsi que la température sont des facteurs atmosphériques essentiels tant au moment de l'aérosolisation que dans la survie de l'aérosol microbien. Ces facteurs peuvent agir indépendamment, conjointement ou en synergie entre eux ou avec d'autres paramètres. Par exemple, *Serratia marcescens* serait plus sensible aux UV à des humidités relatives moyennes (Riley et Kaufman, 1972). Plus récemment, les études de Ko *et al.* (2000), Peccia *et al.* (2000) et Lai *et al.* (2004) présentèrent des conclusions similaires. Les sensibilités de *Mycobacterium bovis* BCG, *Mycobacterium parafortuitum* et *Serratia marcescens* aux UV seraient accrues à de faibles humidités relatives. Walter *et al.* (1990) mirent en évidence l'influence des conditions d'humidité relative et de température sur la cultivabilité lors de l'aérosolisation. *Pseudomonas syringae* et *Erwinia herbicola* ont une cultivabilité 35 à 65 fois meilleure à une température de 12°C et une humidité relative de 80%, qu'à 27°C avec une humidité relative de 40%.

Il a été montré que, pour humidité relative fixe et une augmentation de la température de 24°C à 35°C, le taux de mortalité de *Pasteurella tularensis* s'élève (Ehrlich et Miller, 1973). D'après

deux études réalisées en 1970, *Flavobacterium* sp., *Serratia marcescens* et *Escherichia coli* voient leur taux de mortalité s'accroître progressivement lorsque la température passe de -18°C à 49°C (Ehrlich *et al.*, 1970a ; Ehrlich *et al.*, 1970b) (Figure 11).

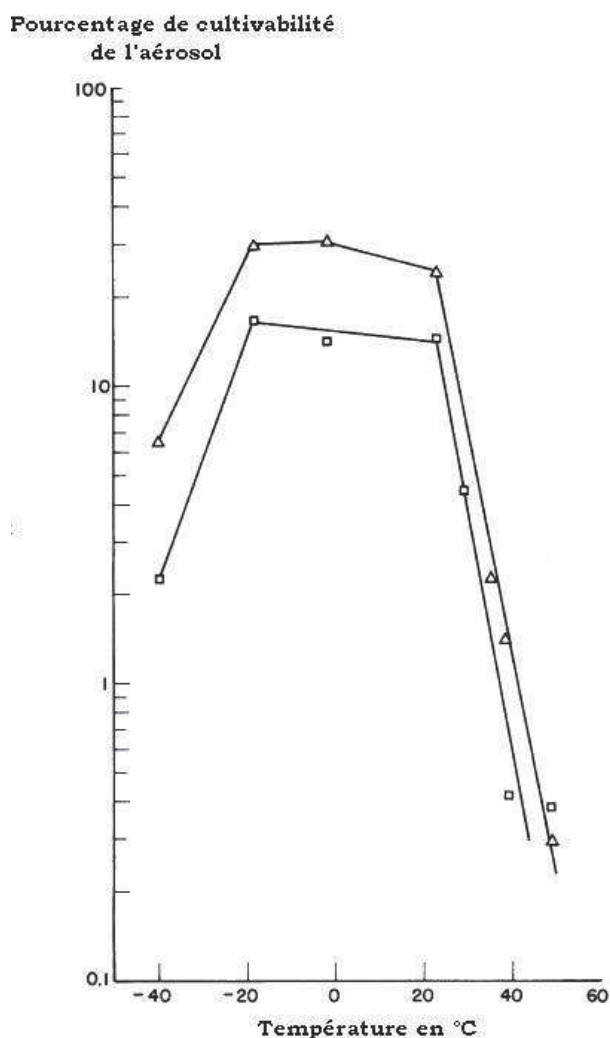


Figure 11 : Effet de la température sur la cultivabilité d'un aérosol de *Serratia marcescens* et d'*Escherichia coli* d'après Ehrlich *et al.* (1970b).

□, *Escherichia coli* ; Δ, *Serratia marcescens*.

En 2005, Ha met en évidence sur une durée d'observation de 1 à 3 jours, une résistance accrue de *Legionella pneumophila* dans un milieu sec. La survie révélée par l'intégrité membranaire décroît à partir de 4 heures de temps de séjour dans un environnement à 95% d'humidité relative. En revanche, les fonctions cellulaires sont maintenues et optimales à 30% d'humidité relative. Après 70 heures, il restait moins de 20% de la biomasse active initiale en ambiance humide (Ha, 2005).

Les virus ne réagissent pas de la même manière à une humidité relative plus ou moins élevée. En effet, Benbough (1969) observa une plus forte inactivation du « *Semliki Forest virus* » à de hautes humidités relatives (Figure 12). Une observation identique fut réalisée pour des virus lyophilisés alors qu'aucun effet n'avait été mis en évidence sur des virus en suspension liquide (Ehrlich et Miller, 1971).

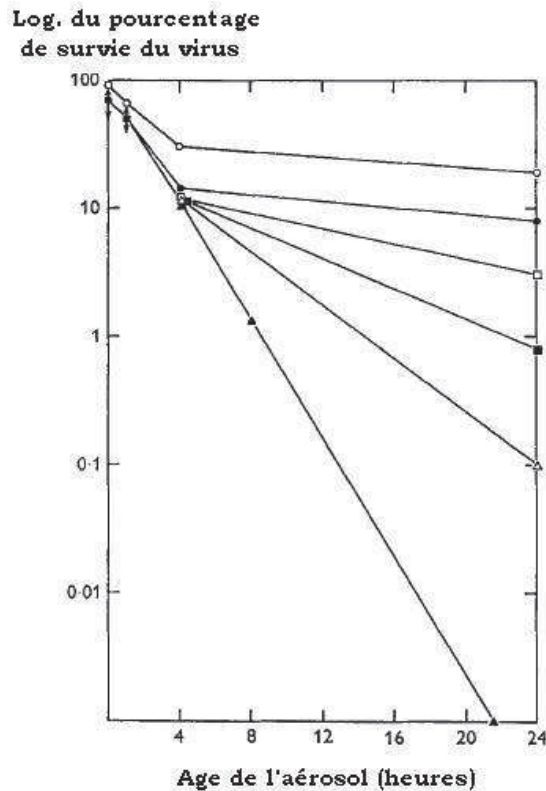


Figure 12 : Survie d'un "Semliki Forest virus" aérosolisé en fonction de différentes humidités relatives d'après Benbough (1969).

○, 20% HR ; ●, 49% HR ; □, 59% HR ; ■, 68% HR ; △, 84% HR ; ▲, 90% HR.

II.5.B Les radiations

Les rayonnements pourront être de différents types : Ultra-Violet (UV), X ou Gamma. Ils vont tous avoir sur les cellules un effet superoxydant. En effet, leur action va générer dans les cellules exposées des radicaux libres, des ions superoxydes. L'entrée dans le milieu intracellulaire des microorganismes d'un agent oxydant va bloquer les métabolismes cellulaires. De plus, les radiations vont entraîner la destruction de molécules enzymatiques ainsi que celle de macromolécules.

Ces caractéristiques sont très souvent utilisées dans un but de décontamination (Beggs *et al.*, 2000). Les UV qui n'ont pas de pouvoir pénétrant sont utilisés pour la stérilisation des surfaces et des salles dans les milieux sanitaires (Bolashikov et Melikov, 2007). Les rayons X et Gamma qui pénètrent en profondeur dans les cellules, vont être utilisés pour décontaminer le matériel plastique, les seringues ...

En 1982, Jakab et Knight menèrent des essais relatifs à l'influence de la dose d'UV sur la virulence d'un aérosol viral (*Influenza A/PR8/34*). Les virus irradiés par différentes doses d'UV connues furent inoculés à des souris. Le pourcentage de mortalité chez les souris infectées se révéla moins important lorsque la dose d'UV augmentait.

De plus, comme exposé précédemment (§ I.4.C.a), de nombreuses études sur les bactéries relient les effets des UV aux taux d'humidité relative observée.

II.5.C L'ozone et autres « Open Air Factor »

« Open Air Factor » (OAF) est un terme générique qui désigne un polluant créé à partir de l'interaction entre l'ozone et les oléfines. A de très faibles concentrations, ce composé peut être toxique pour les microorganismes en aérosols (déjà fragilisés par l'aérosolisation et la dessiccation inhérente à celle-ci). Sa concentration dans l'air peut fluctuer d'un jour à l'autre ainsi que varier en composition (Cox *et al.*, 1973).

A l'instar des rayonnements, les OAF et l'ozone vont avoir un effet superoxydant, chose courante chez les organismes aérobies qui sont en permanence soumis à ce type de stress. Néanmoins dans l'air, les cellules se trouvent déjà dans un état de stress qui ne leur permet pas toujours de lutter ou d'adapter leur physiologie à ces conditions oxydatives.

En 1993, Heindel *et al.* testèrent l'impact de différentes concentrations d'ozone (50 à 600 $\mu\text{g}/\text{m}^3$) sur plusieurs espèces microbiennes dans des conditions stabilisées de température et d'humidité relative. Après une heure, ils montrèrent une diminution de 99% de la cultivabilité pour l'ensemble des espèces testées à des concentrations allant de 500 à 600 $\mu\text{g}/\text{m}^3$. A des concentrations plus faibles (50 à 100 $\mu\text{g}/\text{m}^3$), la diminution est moindre. Les données suggèrent également que les bactéries à Gram positif seraient plus sensibles que les bactéries à Gram négatif, alors qu'une levure *Candida albicans*, apparaît plus résistante. Cox *et al.* (1973) montrent également une diminution de la cultivabilité d'*Escherichia coli*, toujours dans des conditions stables de croissance, en fonction du temps et de l'augmentation du pourcentage d'OAF (Figure 13).

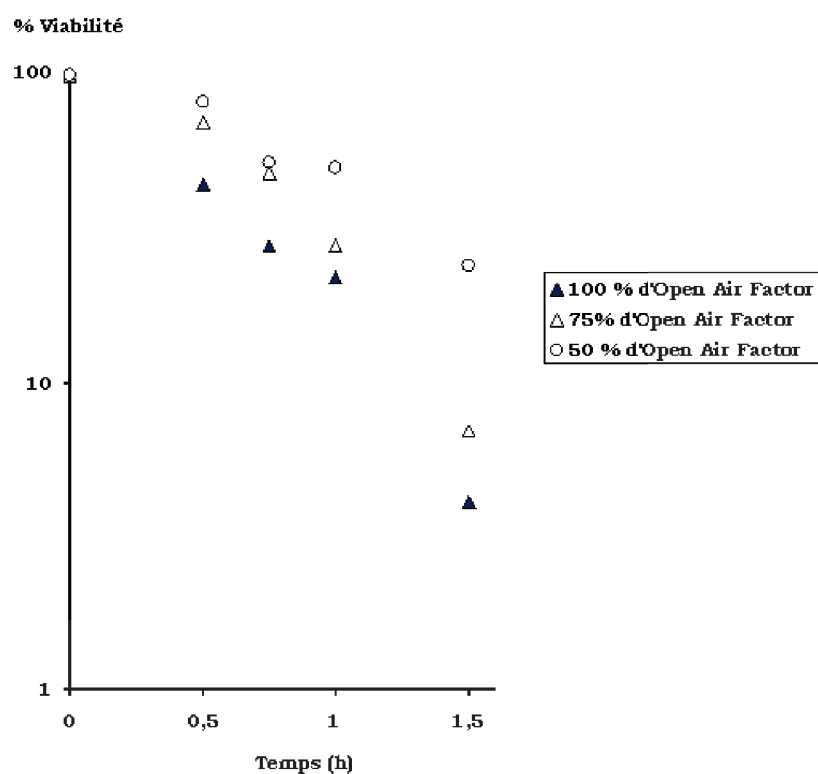


Figure 13 : Viabilité en fonction de différents pourcentages d'OAF.
Modifiée de Cox *et al.* (1973).

S'il existe plusieurs pistes d'études et de compréhension, les mécanismes impliqués dans la survie des microorganismes en aérosol restent encore méconnus. L'ensemble de ses facteurs agissent en synergie et ne sont donc pas dissociables les uns des autres. De plus, les études « *in situ* » ont des difficultés à reproduire l'ensemble des conditions environnementales.

III ETUDE DES BIOAEROSOLS

III.1 DIFFICULTES SPECIFIQUES

L'étude des bioaérosols est soumise à des contraintes liées aux systèmes de collecte ainsi qu'aux outils analytiques associés. Bien que la collecte des microorganismes ne présente pas à priori de difficultés dans d'autres environnements (sol ou eau), elle reste une étape « clé » lorsqu'il s'agit d'étudier l'air. La formation de colonies sur boîtes a longtemps été la méthode standard d'étude du contenu microbien de l'air. Elle ne nécessite pas la collecte de volumes importants tout en donnant accès à des informations tant quantitatives que qualitatives mais ne permet d'accéder qu'à une infime fraction de la diversité microbienne. En revanche, pour l'utilisation d'outils moléculaires, la collecte doit permettre l'échantillonnage de volumes plus importants. En outre, l'échantillonnage de grands volumes d'air permet également d'obtenir une part représentative de l'environnement investigué.

D'un point de vue analytique, la principale limitation existante pour l'étude de la microflore aéroportée par des outils moléculaires, est liée aux faibles quantités de matrice retrouvées dans l'air en comparaison avec d'autres écosystèmes (Figure 14). Néanmoins, il est possible de remédier à ce problème soit en augmentant la quantité de matière prélevée (Radosevich *et al.*, 2002), soit en abaissant le seuil de sensibilité des outils analytiques par une première amplification, en PCR nichée par exemple (Williams *et al.*, 2001). Il est également fréquent dans le cadre d'études de diversité microbienne de l'air, d'observer la présence d'inhibiteurs, nécessitant le développement de protocoles spécifiques.

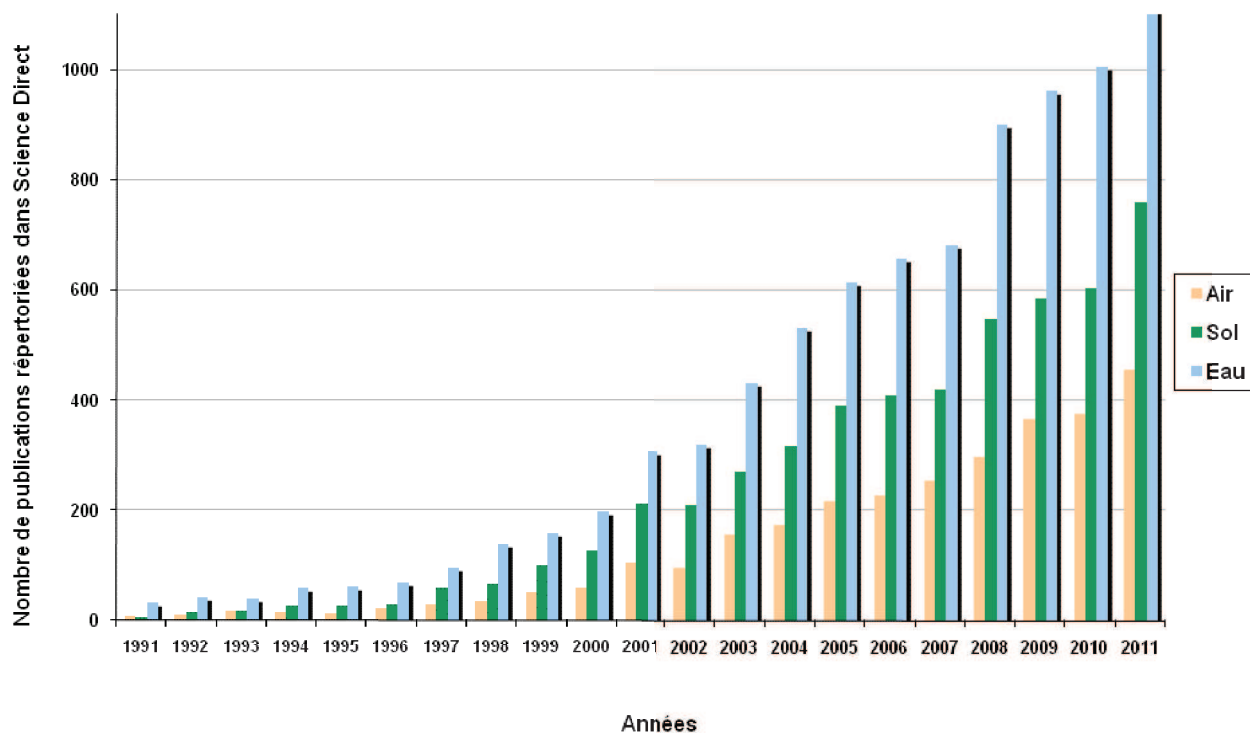


Figure 14 : Représentation graphique du nombre de publications répertoriées dans Science Direct et traitant des analyses moléculaires sur procaryotes depuis 1991 dans trois environnements : l'air, le sol et l'eau (mots clés : 16S rDNA ; air ; soil ; water).

III.2 LA COLLECTE

A l'exception de quelques méthodes (optiques notamment), l'étude d'un aérosol biologique débute par la collecte. De nombreuses techniques ont été évaluées et mises au point afin de collecter, de détecter et de concentrer les aérosols microbiens. Il existe des paramètres communs à prendre en compte lors de la collecte et en vue des analyses à réaliser ultérieurement. Il s'agit de l'efficacité biologique (pour des méthodes de culture) et du diamètre de coupure (d_{50}) qui est défini comme le diamètre des particules pour lequel on a une efficacité de collection de 50% (Renoux et Boulaud, 1998). L'efficacité de collecte des petites particules augmente lorsque le diamètre de coupure diminue. Ce paramètre est essentiel à la fois lors d'analyses par culture ou lors d'études moléculaires.

III.2.A L'impaction

L'air est aspiré à travers un orifice calibré (par exemple une PM_{10}) qui permet l'accélération du flux (Jensen et Schafer, 1998). L'impaction a lieu lorsque la particule sous l'effet de son inertie s'éloigne de la ligne de courant et vient frapper le milieu nutritif (Figure 15). Un compromis est nécessaire afin d'avoir une vitesse suffisante pour collecter les plus petites particules, tout en assurant le maintien de la viabilité cellulaire.

Les impacteurs collectent les bioaérosols sur un milieu donné pour mettre en œuvre des techniques de cultures directes afin d'énumérer les microorganismes aéroportés.

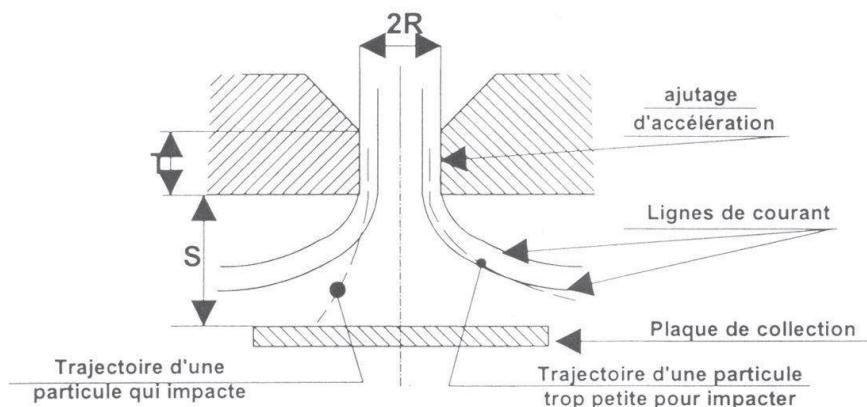


Figure 15 : Principe de la collecte par impaction (Renoux et Boulaud, 1998).

La principale limite de ce type de collecte réside dans la durée du temps de prélèvement (10 minutes maximum, au risque de dessécher la gélose et ainsi de diminuer l'adhésion des cellules). De plus, l'impaction peut provoquer une sous estimation du nombre de colonies comptées sur le milieu. En effet, plusieurs microorganismes peuvent se superposer ou arriver agrégés sur la boîte de Pétri et ainsi former des colonies confondues.

Il existe un certain nombre de systèmes d'impaction notamment « l'Andersen Sampler » que l'on retrouve préférentiellement cité dans la littérature (Andersen, 1958). L'air est collecté à un débit

constant de 28,3 L/min. Sur cette base, ont été développés des systèmes multi-étages (Figure 16) qui permettent de séparer les différentes tailles de particules (entre 0,65 et $> 7 \mu\text{m}$ pour un impacteur à six étages). Les particules de tailles plus importantes sont collectées sur le premier étage alors que les plus petites le seront sur le dernier. Si cette méthode est couramment utilisée en association avec les méthodes de culture, elle ne permet pas d'analyses moléculaires.

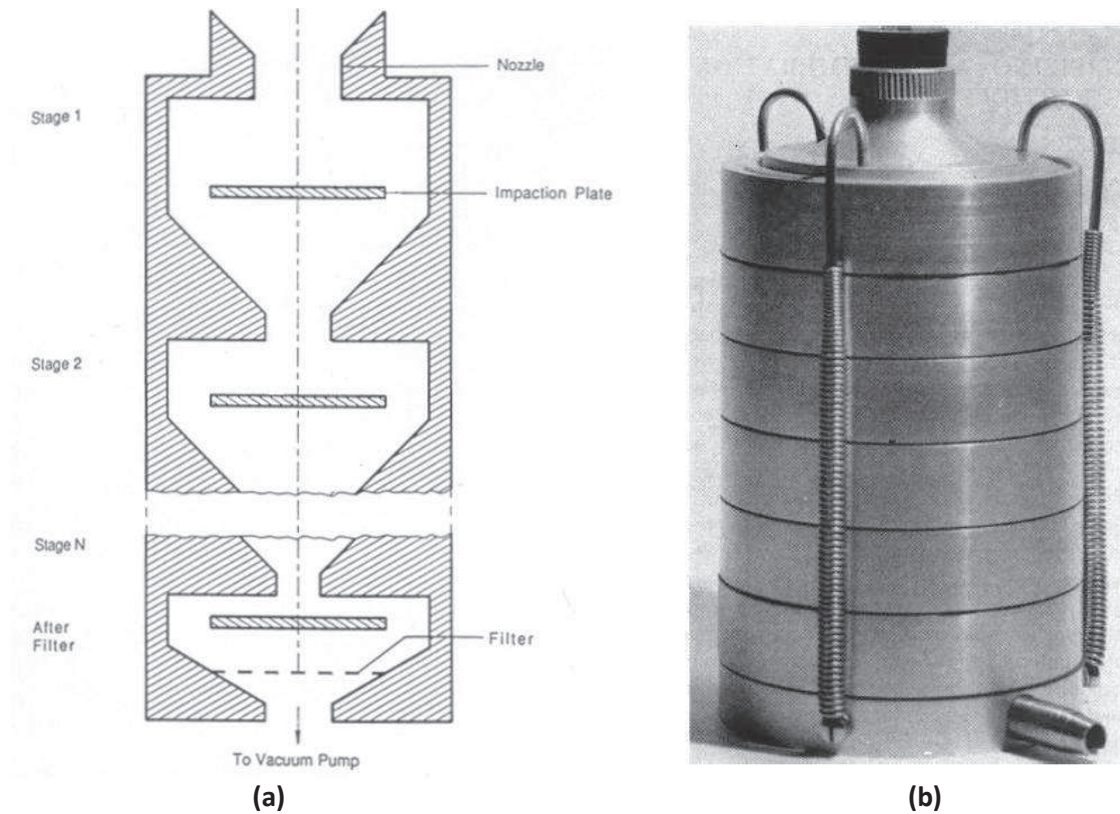


Figure 16 : Impacteur Andersen à six étages. (a) Schéma en coupe (Renoux et Boulaud, 1998) ; (b) Corps de l'appareil (Andersen, 1958).

III.2.B La filtration

Le principe de la filtration consiste à faire passer un courant d'air au travers d'un filtre qui va retenir les microorganismes (Henningson et Ahlberg, 1994). En raison de sa rapidité et de sa facilité d'utilisation, ce système est couramment utilisé pour la collecte d'aérosols, notamment biologiques. La nature du filtre peut varier en fonction des analyses souhaitées (filtres en gélatine soluble, en fibres de verre, en polycarbonate, en polyvinylchloride, en cellulose...), et la taille des pores, en fonction des microorganismes à collecter (0,1 μm pour les virus, 0,2 μm pour les bactéries et 0,45 μm pour les champignons) (Jensen et Schafer, 1998). Néanmoins, il a été montré que la composition du filtre influence la cultivabilité ; il en est de même pour le temps de prélèvement qui, s'il est trop long, augmente la dessiccation, diminuant ainsi la viabilité de certaines espèces sensibles à ce stress (Wang *et al.*, 2001 ; Durand *et al.*, 2002). Ces raisons font que cette technique est peu utilisée pour effectuer des analyses par culture. Par contre, elle est souvent citée, associée aux analyses moléculaires notamment lors de la collecte de volumes importants d'air nécessaires pour la réalisation d'inventaires moléculaires (Radosevich *et al.*, 2002 ; Angenent *et al.*, 2005 ; Tringe *et al.*, 2008).

III.2.C L'impaction en milieu liquide

Les impacteurs en milieu liquide (aussi appelés Impinger) utilisent un liquide comme milieu de collecte. Les bioaérosols passent dans le liquide de collecte, qui peut (i) être directement étalé sur un milieu nutritif, (ii) subir une dilution avant l'ensemencement ou (iii) être entièrement filtré. Le filtre est ensuite mis en culture afin de dénombrer les colonies formées. Cette méthode permet de limiter le stress dû aux chocs mécaniques que peuvent induire les systèmes d'impaction ou de filtration.

Néanmoins, comme pour la méthode précédente, la présence d'agrégats de cellules, dispersés ou non, ne permet pas d'obtenir par culture une évaluation représentative du nombre de microorganismes. L'utilisation d'un liquide de collecte limite le temps de prélèvement. En effet, il est possible de voir apparaître des phénomènes de réaérosolisation et de multiplication des microorganismes, ainsi qu'une perte de la viabilité cellulaire (Terzieva *et al.*, 1996).

La littérature référence plusieurs types d'impingers (à un ou plusieurs étages), les plus utilisés étant le « All Glass Impinger (AGI) 30 » et le « SKC BioSampler Impinger » (Figure 17). Leur débit est de 12,5 L/min avec un d_{50} évalué à 0,3 μm . Cette technique est utilisée avec la FISH (Lange *et al.*, 1997 ; Deloge-Abarkan *et al.*, 2007 ; Deloge-Abarkan *et al.*, 2009) ou en microscopie à épifluorescence (Rinsoz *et al.*, 2008), mais également en association avec les outils moléculaires (Alvarez *et al.*, 1995).

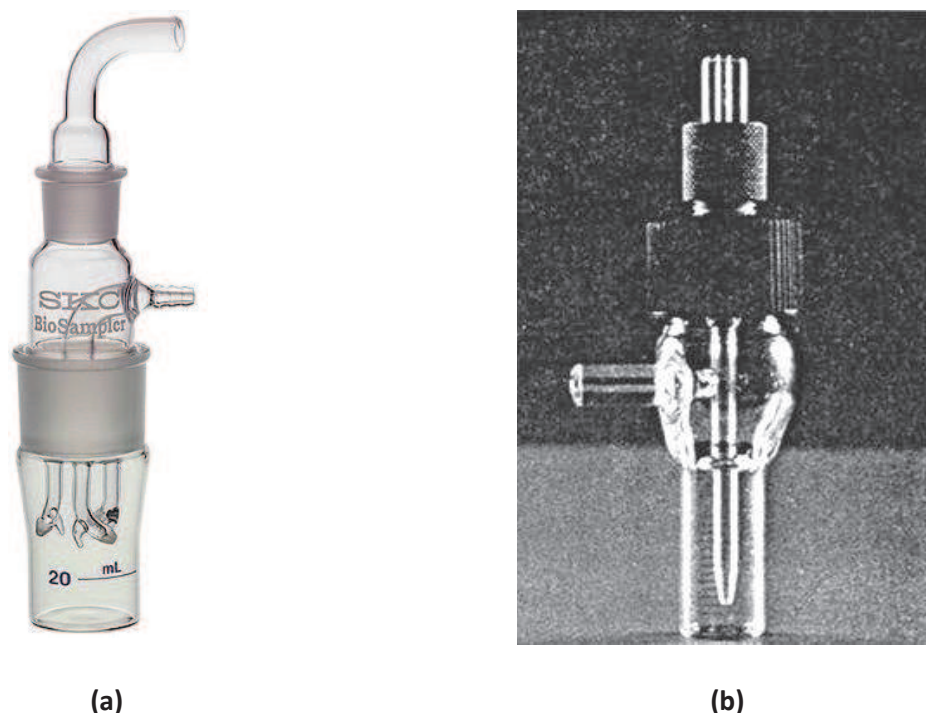


Figure 17 : Les impacteurs en milieu liquide.
(a) Le « SKC BioSampler Impinger » ; (b) Le « All Glass Impinger ».

III.2.D La concentration par aérocyclone

Dans un aérocyclone, l'aérosol est entraîné dans le flux d'air par force centrifuge avant de s'impacter sur les parois (sèches ou humides) du collecteur. L'utilisation d'un aérocyclone s'est avérée très efficace pour la collecte de petites particules, notamment pour concentrer les allergènes en vue d'essais immunologiques (Emberlin, 1995). En 2001, une étude réalisée par Williams *et al.*, a utilisé ce type de collecte pour récupérer dans l'air des spores de *Penicillium roqueforti* pour des analyses moléculaires (PCR, séquençage, Southern Blot...). Un échantillon sec est collecté dans un tube de type Eppendorf® avant d'être resuspendu dans de l'eau pour les analyses. Par la suite diverses améliorations ont été apportées. Un inventaire a été réalisé à partir de 144 m³ d'air concentré pendant 3 heures par un aérocyclone à parois humides (Biotrace, UK), dans 100 ml d'eau additionnée de Tween (Maron *et al.*, 2005). Lindsley *et al.* (2006) ont mis au point un cyclone à deux étages pour la collecte de bioaérosols. Sur l'ensemble des deux tubes, 92% des spores de *Penicillium chrysogenum* et 95% des spores d'*Aspergillus versicolor* sont récupérées. Dans un contexte de crise sanitaire due à *Legionella* les émissions de cinq tours aéroréfrigérantes ont été investiguées à l'aide d'un cyclone expérimental dont les parois sont lavées en circuit fermé par de l'eau filtrée avec une efficacité de collection de 100% des aérosols $\geq 1,2 \mu\text{m}$ (Mathieu *et al.*, 2006). Plus récemment, des échantillons d'air de différents sites de compostage furent collectés à l'aide d'un biocollecteur utilisant la force cyclonique et pouvant prélever jusqu'à 300 L d'air par minute (Figure 18). Les particules biologiques de l'air sont rassemblées dans un mélange de tween et d'eau stérile avant d'être utilisées pour des applications moléculaires de séquençage (Le Goff *et al.*, 2009).



**Figure 18 : Photo du biocollecteur d'air Coriolis®μ
(Bertin Technologies, Montigny-le-Bretonneux, France).**

III.3 METHODE DE COMPTAGE ET D'ETUDE

Le présent paragraphe présente et détaille une liste non exhaustive des méthodes analytiques existantes pour décrire d'un point de vue qualitatif et quantitatif les aérosols microbiens.

III.3.A La microscopie

L'observation directe au microscope est le plus souvent pratiquée pour les microorganismes de grande taille (plusieurs μm). L'utilisation de cellules de Thoma ou de Malassez permet de compter le nombre de cellules dans une suspension. Il s'agit d'une lame de verre sur laquelle a été gravé un quadrillage. Néanmoins, cette méthode n'est pas aisément applicable aux microorganismes de petite taille comme les bactéries.

La microscopie a, elle aussi bénéficié d'un certain nombre d'avancées technologiques, notamment avec la mise au point du microscope électronique. Par cette technique, la lumière est remplacée par un faisceau d'électrons qui va balayer la surface de l'échantillon. Ce dernier émet alors des particules qui, une fois analysées par des détecteurs spécifiques, vont permettre la reconstruction d'une image en trois dimensions. Il est alors possible de visualiser des structures d'une taille inférieure à un dixième de micromètre. Ce procédé a été mis en œuvre pour l'identification et la caractérisation morphologique d'aérosols microbiens (bactéries, spores fongiques, écailles d'insectes...), mais il reste très peu exploité en raison du coût élevé de l'équipement et des difficultés rencontrées lors de l'interprétation des images par des non spécialistes (Wittmaack *et al.*, 2005)

L'épifluorescence permet de s'affranchir en partie des problèmes rencontrés avec les autres techniques de microscopie. Les microorganismes sont colorés par un fluorochrome qui se fixe à l'ADN (Acridine Orange, DAPI, BET) et fluorescer sous une lumière UV. Il est alors possible de dénombrer la flore totale de l'échantillon (Lange *et al.*, 1997 ; Mathieu *et al.*, 2006 ; Rinsoz *et al.*, 2008). En 1986, Palmgren *et al.* associent la filtration et la coloration à l'Acridine Orange dans une technique nommée « méthode CAMNEA ». Bien que la coloration à l'Acridine Orange permette en théorie de différencier les microorganismes morts (fluorescence rouge) de ceux qui restent vivants (fluorescence verte), l'interprétation des résultats est en pratique délicate (Davies, 1991). Le principe restant séduisant, un système plus performant a été mis en place afin de différencier les cellules dont l'intégrité membranaire est intacte et celles qui présentent une membrane cellulaire endommagée (système LIVE/DEAD BacLight®). Il se compose de deux fluorochromes distincts (le SYTO 9 et l'iodure de propidium) qui colorent la cellule en fonction de l'état de la membrane cellulaire. En effet, le SYTO 9 pénètre toutes les membranes cellulaires et va les colorer en vert, alors que l'iodure de propidium pénètre seulement les cellules dont l'intégrité membranaire est corrompue. La combinaison des deux colorations produit des cellules qui fluorescent en rouge (Figure 19) (Terzieva *et al.*, 1996). Les cellules vivantes fluorescent donc en vert alors que les mortes apparaissent en rouge.

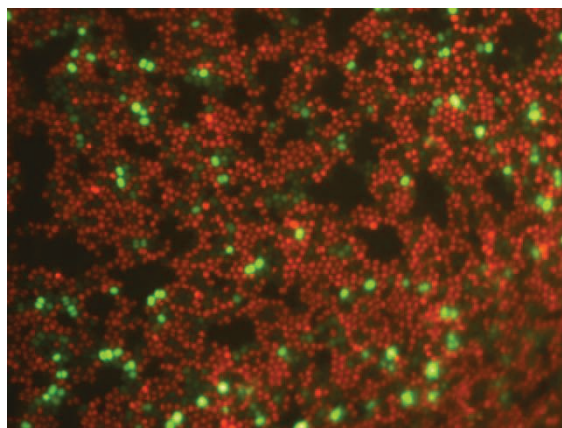


Figure 19: Photo d'aérosols de *Staphylococcus epidermidis* colorés par le système LIVE/DEAD BacLight®.

Malgré ses différents avantages, la microscopie à épifluorescence n'est pas idéale pour l'étude des aérosols microbiens. En dépit de la simplicité du procédé, le dénombrement manuel des bioaérosols est long et laborieux, bien que l'automatisation des procédures d'analyse d'images, ait permis de s'affranchir des biais dus aux expérimentateurs (Eduard *et al.*, 2001). Les analyses automatiques ne permettent pas de différencier les microorganismes individualisés de ceux en agrégats (cas courant lors du dénombrement d'aérosols microbiens). Elles ne sont pas non plus adaptées à la présence d'impuretés et de particules qui autofluorescent (cas fréquent avec des échantillons d'air) créant ainsi des interférences (Kildesø et Nielsen, 1997). Il est possible de réduire les erreurs de non spécificité en utilisant le DAPI à la place de l'acridine orange. De même, le recours à des étapes de décolorations permet d'obtenir une meilleure qualité de détection. Cependant il existe une possibilité de dégradation de l'échantillon au moment de ces étapes (Heldal *et al.*, 1996).

III.3.B La culture

Les microorganismes ont des besoins nutritionnels variables en fonctions des espèces, ce qui les rend plus ou moins exigeant vis-à-vis du milieu de culture sur lequel on souhaite les cultiver. Afin de reproduire au mieux les conditions de croissance des microorganismes, il est parfois nécessaire de fournir un certain nombre d'éléments (sels minéraux, matière organique, facteurs de croissance...). Il est également possible d'inhiber la croissance de certains microorganismes afin de favoriser celle d'autres. Cette pratique est très répandue pour la culture d'organismes bactériens, les milieux sont complétés avec des antibiotiques afin d'empêcher le développement des champignons. De même, bien que les temps d'incubation des bactéries soient d'environ un à sept jours à des températures comprises entre 27°C et 35°C, des bactéries comme *Thermoactinomyces sacchari* se développent à des températures de 55°C (Lacey, 1971).

L'étude des aérosols microbiens par des méthodes culturales n'en est pas à ses prémices, néanmoins les milieux utilisés sont très souvent des milieux à large spectre tels que les milieux TSA (Trypcase Soy Agar) et Nutrient Agar pour les bactéries ou MEA (Malt Extract Agar), DG-18 (Dichloran Glycerol 18 Agar) et PDA (Patato Dextrose Agar) pour les champignons (Asan *et al.*, 2004 ; Jo et Seo, 2005). Des milieux spécifiques peuvent être employés pour l'identification ou l'isolation de groupes bactériens ou fongiques précis.

La culture est associée à d'autres outils pour l'identification des groupes ou des espèces. Des techniques telles que la microscopie (morphologie, coloration de Gram...), les galeries API ou les tests portant sur le métabolisme sont souvent cités (Jaffal *et al.*, 1997 ; Seino *et al.*, 2005). Dans l'étude des aérosols microbiens, la culture est préférentiellement utilisée par rapport aux autres méthodes.

III.3.C La PCR

C'est en 1995, qu'Alvarez *et al.* appliquèrent pour la première fois avec succès la PCR (Polymerase Chain Reaction) à l'étude des aérosols microbiens. Néanmoins, les analyses moléculaires sont encore rarement utilisées dans ce type d'étude. En effet, 30% des articles traitant de la PCR comme principal outil analytique d'étude des bioaérosols ont été publiés après 2004 (Peccia et Hernandez, 2006).

Cette méthode est indépendante de la cultivabilité des microorganismes, assez faible pour les bactéries et champignons aéroportés en raison des stress occasionnés à la fois par l'aérosolisation et par la collecte. Il est reconnu que le caractère allergène et irritant des bioaérosols n'est pas dépendant de la cultivabilité. De plus, des disparités importantes sont régulièrement observées entre les comptages directs et les comptages de colonies (Tableau 2). La détection par PCR permet une étude complémentaire et distincte par rapport aux données importantes à disposition dans la littérature dédiée à la culture.

Cependant, les études ne cessent de se multiplier et la réglementation, alors exclusivement établie sur des méthodes de culture, tend à intégrer ces nouveaux outils (ex : Norme NF T90-471 relative à la quantification de *Legionella* dans les eaux). Elle a permis de mettre en évidence la présence de Mycobactéries dans l'air d'un bain bouillonnant intérieur (Schafer *et al.*, 2003) et dans l'air expiré par des patients tuberculeux (Wan *et al.*, 2004), ainsi que de détecter différents types de virus dans une étude de deux années sur les infections du tract respiratoire à Pékin (Ren *et al.*, 2009), dans des chambres d'hôpitaux (Sawyer *et al.*, 1994) ou chez de jeunes enfants (Marta *et al.*, 2008).

**Tableau 2 : Cultivabilité des bactéries et des champignons aéroportés.
D'après Peccia et Hernandez, (2006).**

Environnement	Organismes (milieu de culture)	Cultivabilité (%)*	Référence
Bâtiments malsains	Bactéries (TSA)	<100	Moschandreas <i>et al.</i> (1996)
Elevage porcin	Bactéries (TSA)	1	Lange <i>et al.</i> (1997)
Elevage porcin	Bactéries et spores d'Actinomycètes (Agar nutritive)	1-10	Palmgren <i>et al.</i> (1986)
Fabrication de copeaux de bois	Spores fongiques (MEA)	10-40	
Agriculture rurale	Bactéries (Luria Bertani Agar (LB))	0,5-4	Tong et Lighthart (1999)
Eaux usées	Bactéries (R2A Agar)	0,1-1	Paez-Rubio <i>et al.</i> (2004)
Piscine thérapeutique	Bactéries (TSA)	0,1-0,2	Angenent <i>et al.</i> (2005)
Air urbain	Bactéries (TSA)	0,02	
Maisons ayant subis un dégat des eaux	Bactéries (TSA) et champignons (MEA)	0,001-30	Fabian <i>et al.</i> (2005)
Air extérieur	Bactéries (TSA) et champignons (MEA)	0,001-0,1	

*Le pourcentage de cultivabilité est calculé comme étant 100 fois la concentration en microorganismes comptés sur une boîte de milieu non sélectif divisé par la concentration en microorganismes totaux déterminée par comptage direct au microscope.

III.3.D La PCR quantitative en temps réel

La PCR quantitative permet la quantification d'un gène cible, elle représente donc une méthode de choix pour avoir une vision quantitative de la diversité microbienne de l'air. La spécificité et la sensibilité de cette technique conviennent à la détection et à la quantification des microorganismes aéroportés (Alvarez *et al.*, 1995 ; Stetzenbach *et al.*, 2004).

Néanmoins, il n'existe que peu d'analyses globales des bactéries (Oppliger *et al.*, 2008 ; Rinsoz *et al.*, 2008) et des champignons dans l'air. Il est donc difficile d'effectuer des comparaisons avec les données dont nous disposons déjà par culture. Bien que la PCR quantitative ait été largement utilisée dans d'autres environnements (eau et sol) ou pour des études cliniques (Watzinger *et al.*, 2004), dans l'air son utilisation a été limitée à la détection et à la quantification de genres microbiens (*Aspergillus*, *Penicillium*...) (Haugland *et al.*, 2004 ; Morrison *et al.*, 2004) ou d'espèces présentant un intérêt pour la santé publique (*Escherichia coli*, *Bacillus anthracis*, *Aspergillus fumigatus*, *Stachybotris chartarum*, *Alternaria alternata*, *Salmonella*...) (An *et al.*, 2006 ; Bellanger *et al.*, 2009 ; Fallschissel *et al.*, 2009) et pour la détection de virus (Monpoeho *et al.*, 2004).

III.3.E L'hybridation *in situ*

Plusieurs études traitent de l'utilisation de la méthode FISH pour la détection et l'identification de microorganismes en aérosols. En 1997, Lange *et al.* montrèrent l'efficacité de cette méthode pour la détection d'un mélange artificiel de *Pseudomonas aeruginosa* et d'*Escherichia coli*. Néanmoins, cette technique paraît inadaptée pour l'étude d'échantillons environnementaux et notamment ceux de l'air. Le manque de sensibilité observé s'explique par la faible concentration en ARNr dans les cellules, celle-ci étant directement liée à la faible proportion de nutriments présents dans l'air. Deux études ont utilisé cette méthode avec succès pour la détection de *Legionella* en aérosol ainsi que dans un but informatif vis-à-vis de l'exposition des populations (Mathieu *et al.*, 2006 ; Deloge-Abarkan *et al.*, 2007).

III.3.F Méthode d'identification : les inventaires

Une fois le principal verrou technologique contourné (par l'utilisation de la PCR notamment), les inventaires moléculaires se sont révélés particulièrement efficaces pour l'identification des microorganismes aéroportés. La littérature compte à ce jour 13 inventaires moléculaires réalisés sur des échantillons d'air en environnements intérieurs et extérieurs (Radosevich *et al.*, 2002 ; Hughes *et al.*, 2004 ; Boreson *et al.*, 2004 ; Angenent *et al.*, 2005 ; Maron *et al.*, 2005 ; Paez-Rubio *et al.*, 2005 ; Brodie *et al.*, 2007 ; Després *et al.*, 2007 ; Osman *et al.*, 2008 ; Tringe *et al.*, 2008 ; Bru-Adan *et al.*, 2009 ; Fröhlich-Nowoisky *et al.*, 2009 ; Le Goff *et al.*, 2009). 8 491 séquences issues de l'air sont répertoriées dans les bases de données. Les avancées technologiques contribuent chaque année à l'augmentation de ce nombre.

IV LA DIVERSITE DES AEROSOLS MICROBIEN

IV.1 AIR EXTERIEUR

Bien que la composition chimique de l'atmosphère soit connue depuis des siècles, la composition en microorganismes de l'air n'a que très récemment suscité des interrogations vis à vis de son impact sur la biosphère (§ I.4.D) et sur les risques sanitaires.

La plupart des publications traitant de la charge et de la diversité microbienne au niveau de l'air extérieur étudie conjointement l'air intérieur. En effet, elles ont pour objectif principal de lier la population microbienne de l'extérieur à celle de l'intérieur afin d'identifier les principales sources en microorganismes (Pei-Chih *et al.*, 2000 ; Lee *et al.*, 2006 ; Sautour *et al.*, 2009).

Une autre approche consiste à identifier un environnement spécifique (rural, industriel...) et à le caractériser d'un point de vue microbiologique que ce soit par des méthodes culturales et/ou moléculaires.

IV.1.A Diversité bactérienne et eucaryote

Le premier inventaire de l'air a été réalisé par Radosevich *et al.* (2002). Depuis, plusieurs autres ont été également accomplis contribuant ainsi à l'augmentation de la quantité de données de séquences existantes dans les bases de données internationales.

Afin d'évaluer une partie de la diversité bactérienne de l'air extérieur, 768 séquences disponibles dans la littérature et issues de cinq inventaires moléculaires ont été regroupées et analysées (Figure 20). La répartition des différents phyla varie d'un inventaire à l'autre. Néanmoins, des tendances communes sont identifiées. En effet, le phylum des *Proteobacteria* domine dans 4 des 5 inventaires, avec des pourcentages allant jusqu'à 75% des séquences pour des échantillons atmosphériques (bien que l'échantillonnage soit faible, seulement 48 séquences). Pour un seul site, les *Firmicutes* dominent la diversité avec 54% des séquences retrouvées dans l'air de deux villes des Etats-Unis. Pour l'ensemble des inventaires ces deux phyla représentent la majorité de la diversité.

En 2007, Brodie *et al.* réalisèrent un suivi sur 17 semaines de la diversité bactérienne de l'air de deux villes américaines : Austin et San Antonio, par le biais d'outils moléculaires. Les estimateurs utilisés durant cette étude (Chao1 et ACE) prédirent entre 1 500 et 1 800 phylotypes pour l'échantillon d'air. Les analyses de raréfactions mirent en avant un niveau de diversité dans l'air similaire à celui retrouvé pour le sol dans une autre étude (Tringe *et al.*, 2005).

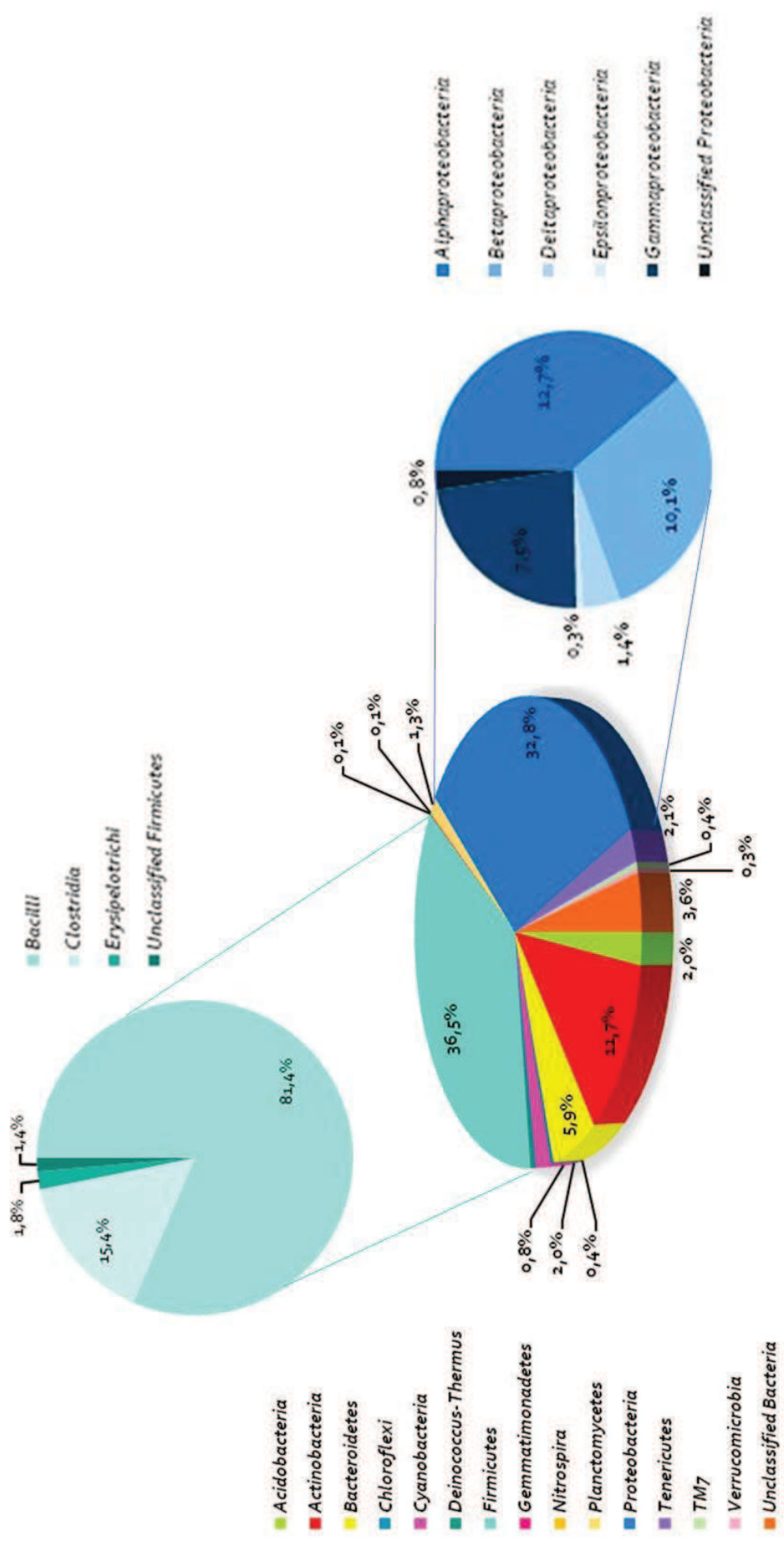


Figure 20 : Répartition de la diversité de l'air extérieur de 5 inventaires d'ADNr 16S regroupant 768 séquences.

L'affiliation a été réalisée avec le logiciel Classifier de RDP-II (Wang et al., 2007) à partir de séquences disponibles dans la littérature soit 768 séquences issues de 5 inventaires (Radosevich et al., 2002 ; Maron et al., 2005 ; Paez-Rubio et al., 2005 ; Brodie et al., 2007 ; Després et al., 2007).

L'étude de Després *et al.* (2007) fait apparaître une plus forte diversité bactérienne dans les environnements ruraux par rapport aux environnements urbains. Le minimum de diversité est quant à lui observé pour les prélèvements collectés en altitude. L'analyse T-RFLP des séquences met en évidence quelques pics retrouvés dans les échantillons des trois sites de prélèvements, mais la majorité est exclusive d'un des sites. Néanmoins, certains pics identifiés dans les échantillons pris en altitude existent également dans les échantillons d'air rural et urbain.

Cette étude met également en évidence la forte abondance dans l'air (entre 40% et 100%) de deux phyla fongiques : les *Ascomycota* et les *Basidiomycota*. Ils sont connus pour sporuler activement dans l'atmosphère, et ce sont leurs spores qui sont détectées en de grande concentration et dans de nombreux sites (Wu *et al.*, 2003 ; Griffin *et al.*, 2003 ; Boreson *et al.*, 2004 ; Fröhlich-Nowoisky *et al.*, 2009, Després *et al.*, 2012).

IV.1.B Variabilité spatiale et temporelle

Par culture, il apparaît que les concentrations en bioaérosols sont plus importantes en milieux urbains qu'en milieux ruraux ou côtiers (Tableau 3). Un « effet site » est régulièrement observé que ce soit par culture ou par des méthodes moléculaires sur la diversité ou sur la concentration en microorganismes (Harrison *et al.*, 2005). Dans les régions polaires, le nombre de particules totales est inférieur aux valeurs potentiellement retrouvées dans les milieux ruraux ou urbains. Le nombre de microorganismes retrouvés dans l'air de ce type de site suit également cette tendance à la baisse. De plus, l'augmentation de l'altitude contribue à accentuer ce phénomène (Sattler *et al.*, 2001 ; Bauer *et al.*, 2002 ; Harrison *et al.*, 2005 ; Segawa *et al.*, 2005).

Tableau 3 : Concentrations en cellules bactériennes et fongiques totales dans des prélèvements atmosphériques (aérosols, nuages et précipitations) pour différents sites, classés par concentration croissante pour chaque type de masse d'air.

Echantillon	Site d'échantillonnage	Bactéries totales (Cellules.m ⁻³ ou Cellules.mL ⁻¹)	Champignons totaux (Cellules.m ⁻³ ou Cellules.mL ⁻¹)	Références
URBAIN / ANTHROPIQUE				
Aérosols	Site urbain (Sud de l'Angleterre)	3,2.10 ³ - 1,7.10 ⁴		Harrison <i>et al.</i> (2005)
Aérosols	Zone de retraitement des déchets, extérieur	10 ⁷ - 10 ⁹	10 ⁵ - 10 ⁸	Durand <i>et al.</i> (2002)
Aérosols	Zone urbaine, au dessus d'un champ irrigué par des eaux usées (Mexique)	10 ⁷ - 10 ⁹		Paez-Rubio <i>et al.</i> (2005)
Aérosols	Bâtiments agricoles, intérieur (Danemark, Suisse, Espagne)	1,5.10 ⁷ - 4,7.10 ⁹	1,1.10 ⁶ - 2,0.10 ⁷	Radon <i>et al.</i> (2002)
RURAL / BRUIT DE FOND				
Nuage	Mont Sonnblick, 3106 m a.s.l. (Autriche)	7,9.10 ² - 2,5.10 ³ (mL ⁻¹)		Sattler <i>et al.</i> (2001)
Pluie	Mont Rax, 1644 m a.s.l. (Autriche)	6,0.10 ³ - 1,5.10 ⁴ (mL ⁻¹)	2,4.10 ² - 1,3.10 ³ (mL ⁻¹)	Bauer <i>et al.</i> (2002)
Neige (manteau)	Mont Sonnblick, 3106 m a.s.l. (Autriche)	9,5.10 ³ - 1,4.10 ⁴ (mL ⁻¹)		Sattler <i>et al.</i> (2001)
Aérosols	Rural (Sud de l'Angleterre)	4,2.10 ³ - 1,6.10 ⁶		Harrison <i>et al.</i> (2005)
Aérosols	Mont Rax, 1644 m a.s.l. (Autriche)	6,7.10 ³ - 1,9.10 ⁴	1,7.10 ² - 3,2.10 ³	Bauer <i>et al.</i> (2002)
Nuage	Mont Rax, 1644 m a.s.l. (Autriche)	4,9.10 ³ - 8,1.10 ⁴ (mL ⁻¹)	1,1.10 ³ - 1,1.10 ⁴ (mL ⁻¹)	Bauer <i>et al.</i> (2002)
		1,5.10 ³ - 2,1.10 ⁴	3,4.10 ² - 5,0.10 ³	Bauer <i>et al.</i> (2002)
Neige (manteau)	Mont Rax, 1644 m a.s.l. (Autriche)	2,0.10 ³ - 3,3.10 ⁴ (mL ⁻¹)	1,5.10 ² - 1,4.10 ³ (mL ⁻¹)	Bauer <i>et al.</i> (2002)
Neige (manteau)	Montagnes Tateyama, 2700 m a.s.l. (Japon)	6,0.10 ³ - 2,3.10 ⁵ (mL ⁻¹)		Segawa <i>et al.</i> (2005)
CÔTIER				
Pluie	5 km de la côte (Japon)	8,0.10 ² - 1,1.10 ⁴ (mL ⁻¹)		Casareto <i>et al.</i> (1996)
Aérosols	Site côtier (Sud de l'Angleterre)	2,8.10 ³ - 1,4.10 ⁴		Harrison <i>et al.</i> (2005)

Des variations saisonnières ont également été observées dans le cadre de plusieurs études. Lors de différentes campagnes menées en continu, il a été mis en évidence des pics de concentration fongique ou bactérienne, liés aux saisons et parfois même à la période de la journée (Huang *et al.*, 2002 ; Oliveira *et al.*, 2005 ; Oliveira *et al.*, 2009a ; Oliveira *et al.*, 2009b, Després *et al.*, 2011).

En 2006, Maron *et al.* montrèrent une hiérarchie dans cette variabilité : journalière < hebdomadaire < saisonnière. Les analyses effectuées corrélèrent la variabilité saisonnière des communautés bactériennes aux conditions climatiques, notamment la température et l'humidité relative, alors que les variations quotidiennes et hebdomadaires semblaient plutôt influencées par d'autres facteurs comme les activités anthropiques. De la même manière, Lighthart et Shaffer (1995) observèrent des concentrations minimales en bactéries la nuit (32,2 UFC/m³) et des pics de concentration au lever et à la fin du jour, qu'ils supposèrent directement influencés par les conditions météorologiques (notamment la brise de mer).

IV.2 LES BIOAEROSOLS DANS LES ESPACES CLOS

L'exposition aux bioaérosols dans l'environnement intérieur a une influence significative sur l'intensité d'apparition de certains symptômes : irritation des muqueuses de la gorge, du nez, sécheresse et démangeaisons au niveau des yeux, difficultés respiratoires, maux de tête, difficultés de concentration ou fatigue (Tableau 4).

Tableau 4 : Principaux symptômes associés à l'exposition à des biocontaminants des environnements intérieurs (Stetzenbach, 1998).

Agents	Effets sanitaires
Algues	Réactions allergiques
Bactéries	Pneumopathies d'hypersensitivité
	Infections
	Irritations des muqueuses
Endotoxines	Toux
	Maux de tête
	Fièvre
	Malaise
	Douleurs musculaires
	Détresse respiratoire
Champignons	Réactions allergiques
	Asthme
	Irritations dermiques
	Pneumopathies d'hypersensitivité
	Infections
	Irritations des muqueuses
Mycotoxines	Maux de tête
	Problèmes musculaires
	Désordres neurologiques
	Détresse respiratoire
	Toxicoses
Virus	Infections

La mise en contact avec quelques unes de ces entités biologiques ainsi qu'avec des fragments microbiens, tels que des débris de membrane cellulaire, des métabolites microbiens (endotoxines, mycotoxines et Composés Organiques Volatiles) peut provoquer des effets néfastes sur la santé.

De nombreuses études basées sur la culture dans des environnements intérieurs ont montré que des niveaux bactériens et fongiques significatifs sont présents dans des endroits apparemment anodins tels que des bureaux de travail, des maisons résidentielles, des écoles et des centres de soins (Tableau 5). Les données issues de 12 publications parues entre 1999 et 2008 et portant sur la charge bactérienne et fongique cultivable des espaces clos montrent des concentrations comprises entre 10 et 10⁴ UFC/m³.

Peu d'études se basent sur des méthodes moléculaires pour détecter et caractériser les bactéries aéroportées. Néanmoins, quelques études récentes ont été réalisées sur des échantillons d'air provenant de différents types d'industries. Deux études parues en 2008 se sont attachées à quantifier la concentration en bactéries totales dans l'air de plusieurs stations d'épuration ainsi que dans des élevages de volailles (Oppliger *et al.*, 2008 ; Rinsoz *et al.*, 2008). Les concentrations sont plus élevées dans les élevages de volailles (entre $7,7 \cdot 10^7$ et $1,3 \cdot 10^9$ cellules/m³) que dans les différentes stations d'épuration (en moyenne entre $2,8 \cdot 10^5$ et $3,2 \cdot 10^6$ cellules/m³). Plus récemment, une équipe canadienne mit en évidence des concentrations similaires dans différents élevages de volailles (Just *et al.*, 2001). En 2008 et 2009, Nehmé *et al.* ont évalué la charge totale en bactéries et en archées dans des porcheries. Ils ont obtenu des valeurs allant jusqu'à 10^8 bactéries/m³ et 10^8 copies d'ARNr 16S/m³ d'air pour les archées. Cayer *et al.* (2007) ont utilisés la PCR quantitative afin d'estimer les concentrations en espèces de *Mycobacterium* véhiculées par l'air d'usine de traitements de mousse de tourbe.

Si l'exposition des travailleurs fait l'objet de quelques recherches, l'étude des aérosols microbiens dans des lieux plus conventionnels (logements, transports, établissements publics...) est en revanche peu documentée. Seules deux études, publiées en 2007 et 2008, ont établi des valeurs comprises entre 10^6 to 10^7 cellules/m³ d'air pour des échantillons collectés dans des cabines d'avions lors de vols commerciaux (La Duc *et al.*, 2007; Osman *et al.*, 2008).

A l'heure actuelle, il n'existe pas de données moléculaires quant à la quantification des charges fongiques totales.

Tableau 5 : Récapitulatif bibliographique des principales concentrations bactériennes et fongiques retrouvées dans différents espaces clos.

Auteurs	Lieux	Collecteurs	Bactéries cultivables (UFC/m ³)	Champignons cultivables (UFC/m ³)
(Górny <i>et al.</i> , 1999)	Logements	Impacteur à 6 étages	$\approx 10^4$	$\approx 10^4$
(Górny et Dutkiewicz, 2002)	Logements sains	Impacteur à 1 étage	$8,8.10^1 - 4,3.10^3$	$0 - 2.10^3$
	Logements contaminés		$1,78.10^2 - 4,7.10^3$	$4,9.10^1 - 1,7.10^3$
(Awad, 2002)	Stations de métro au Caire	AGI 30	3.10^3	
(Guo <i>et al.</i> , 2004)	Marchés	Impacteur à 1 étage	Maximum : $7,54.10^4$ $1,03.10^3$	
(Bouillard <i>et al.</i> , 2005)	Immeubles de bureaux	MAS 100	$4,4.10^1 - 2,5.10^3$	
(Jo et Seo, 2005)	Bars, cyber cafés, maisons et écoles	Impacteur à 1 étage	$10^1 - 10^3$	$10^2 - 10^3$
(Lee et Jo, 2005)	Habitacles de voitures et bus	Impacteur à 1 étage	$10^1 - 10^3$	$10^1 - 10^3$
(Pastuszka <i>et al.</i> , 2005)	Hôpitaux	Impacteur à 6 étages	$\approx 10^3$	
(Jo et Kang, 2006)	Clinique vétérinaire, magasins d'animaux, jardins de fleurs	Impacteur à 1 étage	$10 - 10^3$	$10 - 10^3$
(Lee et Jo, 2006)	Appartements	Impacteur à 1 étage	$10 - 10^3$	$10 - 10^3$
	Hôpital		$4,04.10^2$	$3,82.10^2$
(Kim et Kim, 2007)	Jardin d'enfant		$9,31.10^2$	$5,36.10^2$
	Lieu d'accueil pour personnes âgées	Impacteur à 6 étages	$1,34.10^2$	$2,66.10^2$
	Infirmerie		$2,54.10^2$	$2,89.10^2$
(Tsai et Liu, 2009)	Fabrique de pâtes	MAS 100	$7,06.10^2 - 1,1.10^3$	$3,47.10^2 - 9,17.10^2$

Bien qu'ils soient souvent considérés comme étant des lieux de protection vis-à-vis des agressions extérieures, les environnements intérieurs sont parfois plus exposés aux bioaérosols que l'air extérieur (Jo et Seo, 2005 ; Lee et Jo, 2006 ; Lee *et al.*, 2006).

IV.2.A Variabilités dans les espaces clos

Dans les espaces clos, une seule étude a surveillé la charge et la diversité bactérienne en utilisant une approche indépendante de la culture dans huit bâtiments de confinement porcins. Dans cette étude, la concentration bactérienne totale était plus élevée en hiver qu'en été. Malgré cela, les profils DGGE et l'analyse phylogénétique ont montré une biodiversité semblable dans chaque bâtiment de confinement des porcs pendant les deux saisons. Ces résultats indiquent également que le lisier de porc est une source potentielle influençant la diversité des bioaérosols rencontrés dans ces lieux (Nehmé *et al.*, 2008).

Les approches culturales sont principalement utilisées lors de la surveillance des variations de concentration bactérienne ou fongique ou lors d'études de la diversité dans les espaces clos. Dans une salle d'hôpital, un suivi d'une année des concentrations bactériennes et fongiques a montré une variation significative par mois. Cette variation est beaucoup plus marquée pour les champignons que pour les bactéries avec un pic prédominant en Novembre et la valeur la plus basse observée au mois de Mai (Augustowska *et al.*, 2005). Les mêmes conclusions ont été données par Aygdedu *et al.* (2005). Ils ont mis en évidence une variation saisonnière dans les écoles primaires, avec des concentrations de champignons et de bactéries variant selon les mois. L'analyse statistique réalisée sur leurs données, a montré une corrélation positive entre les concentrations en bactéries et l'humidité de l'air et entre les concentrations en bactéries et l'année de construction de l'école. En 2006, Cho *et al.* mesurèrent des concentrations en champignons aéroportés significativement plus élevées dans cinq stations de métro de Séoul, lorsque le nombre de passagers et la fréquence des trains y étaient les plus élevés. Ils ont suggéré que la poussière déposée pouvait avoir été la principale source de champignons aéroportés et que les passagers et les trains pouvaient avoir joué un rôle dans la suspension des champignons présents dans cette poussière. L'étude de LeBouf *et al.* (2008) suggéra que les niveaux fongiques de l'air pouvaient être épisodiques ou influencés par plusieurs facteurs environnementaux. En effet, une variabilité entre différents jours et au sein d'un même jour a été déterminée avec des concentrations fongiques variant plus en hiver qu'en été. Wang *et al.* (2010) ont montré une concentration bactérienne plus haute en automne qu'en hiver dans des rames de trains. Des résultats différents ont été observés pour les concentrations fongiques avec des valeurs plus élevées au printemps et plus basses en hiver. Des mesures effectuées sur dix jours dans un musée chinois mettaient en évidence des variations quotidiennes avec une concentration plus élevée en bactéries et en champignons durant l'après-midi. L'étude a également lié ces résultats à une plus forte fréquentation humaine (Chen *et al.*, 2010a).

Les approches culturales peuvent également être utilisées afin d'évaluer des variations au sein des communautés bactériennes. Dans les écoles primaires, Aygdedu *et al.* (2005) ont observé la prédominance de certains genres bactériens tels que *Staphylococcus*, *Corynebacterium* et *Bacillus* ainsi que de certains genres fongiques comme *Penicillium*, *Cladosporium* et *Alternaria*. Par ailleurs, *Staphylococcus*, *Acinetobacter*, *Corynebacterium*, *Propionibacterium* et *Pseudomonas* ont été retrouvés tous les mois.

IV.2.B Bactéries

IV.2.B.a *Diversité*

Les publications, essentiellement basées sur la culture, mettent en évidence une majorité de bactéries à Gram positif dans les environnements intérieurs et notamment *Staphylococcus* spp., *Micrococcus* spp. et *Bacillus* spp. Cinquante-cinq genres bactériens différents ont été retrouvés dans 12 articles publiés entre 1980 et 2009 portant sur la diversité bactérienne cultivable dans les environnements intérieurs (Tableau 6).

Tableau 6 : Genres bactériens retrouvés dans des échantillons d'air intérieur par culture
(les espèces sont précisées lorsqu'elles sont connues).

Phylum	Genre (espèces)	Références
Actinobacteria	<i>Arthrobacter</i>	[1], [15]
	<i>Brevibacterium</i> (dont <i>epidermidis</i>)	[11], [15], [24]
	<i>Corynebacterium</i> (dont <i>aquaticum</i> , <i>amycolatum</i> , <i>pseudodiphtheriticum</i> , <i>propinquum</i>)	[1], [7], [11], [15], [17], [23]
	<i>Dermacoccus</i> (dont <i>nishinomiyaensis</i>)	[10]
	<i>Kocuria</i> (dont <i>rosea</i> , <i>kristinae</i> , <i>lylae</i> , <i>varians</i> , <i>viridans</i>)	[7], [10], [15], [18]
	<i>Kytococcus</i> (dont <i>sedentarius</i>)	[1]
	<i>Micrococcus</i> (dont <i>cryophilus</i> , <i>kristinae</i> , <i>luteus</i> , <i>varians/roseus</i>)	[1], [2], [5], [7], [11], [15], [17], [18], [23], [24]
	<i>Microbacterium</i>	[15]
	<i>Mycobacterium</i>	[1]
	<i>Nocardia</i>	[1], [2]
Bacteroidetes	<i>Oerskovia</i>	[11]
	<i>Propionibacterium</i>	[11], [23]
	<i>Rothia</i>	[24]
	<i>Rhodococcus</i>	[1], [15]
	<i>Saccharopolyspora</i> (dont <i>rectivirgula</i>)	[1]
	<i>Streptomyces</i>	[1], [5], [8]
	<i>Stomatococcus</i> (dont <i>miciliginosus</i>)	[10], [11]
	<i>Chryseobacterium</i> (dont <i>indologenes</i>)	[10], [18]
	<i>Flavobacterium</i> (dont <i>breve</i> , <i>indologenes</i> , <i>aureum</i> , <i>odoratum</i>)	[1], [10]
	<i>Weissella</i> (dont <i>zoohelcum</i>)	[1]
Firmicutes	<i>Aerococcus</i> (dont <i>viridans</i>)	[1], [7], [18]
	<i>Bacillus</i> (dont <i>alvei</i> , <i>amyloliquefaciens</i> , <i>brevis</i> , <i>cereus</i> , <i>circulans</i> , <i>firmus</i> , <i>lentus</i> , <i>megaterium</i> , <i>pumilus</i> , <i>sphaericus</i> , <i>stearothermophilus</i> , <i>subtilis</i>)	[1], [2], [5], [7], [11], [15], [17], [23], [24]
	<i>Enterococcus</i> (dont <i>durans</i> , <i>faecalis</i>)	[1], [7], [10], [11], [17], [23]
	<i>Erysipelothrix</i>	[11]
	<i>Kurtzia</i>	[11]
	<i>Lactobacillus</i>	[11]
	<i>Listeria</i>	[11], [23]
	<i>Staphylococcus</i> (dont <i>alutiae</i> , <i>aureus</i> , <i>auricularis</i> , <i>capitis</i> , <i>caprae</i> , <i>chromogenes</i> , <i>cohnii</i> , <i>epidermidis</i> , <i>haemolyticus</i> , <i>hominis</i> , <i>kloosii</i> , <i>lentus</i> , <i>ligulinensis</i> , <i>saprophyticus</i> , <i>schleiferi</i> , <i>sciuri</i> , <i>simulans</i> , <i>warneri</i> , <i>xylosus</i>)	[1], [2], [5], [7], [10], [11], [14], [15], [17], [18], [20], [23], [24]
	<i>Streptococcus</i> (dont <i>adjacens</i> , <i>equinus</i> , <i>mitis</i> , <i>pneumoniae</i> , <i>viridans</i>)	[1], [5], [7], [11], [17], [20], [23]
	<i>Thermoactinomyces</i> (dont <i>vulgaris</i>)	[1]

Références : [1] (Górny et Dutkiewicz, 2002) ; [2] (Górny *et al.*, 1999) ; [3] (Jo et Seo, 2005) ; [4] (Meklin *et al.*, 2002) ; [5] (Jaffal *et al.*, 1997) ; [6] (Lee et Jo, 2006) ; [7] (Novikova *et al.*, 2006) ; [8] (Grigorevski-Lima *et al.*, 2006) ; [9] (Lee *et al.*, 2006) ; [10] (Bouillard *et al.*, 2005) ; [11] (Aydogdu *et al.*, 2005) ; [12] (Bogomolova et Kirtsideli, 2009) ; [13] (Picco et Rodolfi, 2000) ; [14] (Awad, 2002) ; [15] (Pastuszka *et al.*, 2005) ; [16] (Basilico *et al.*, 2007) ; [17] (Kim et Kim, 2007) ; [18] (Seino *et al.*, 2005) ; [19] (Lee et Jo, 2005) ; [20] (Szám *et al.*, 1980) ; [21] (Ren *et al.*, 2001) ; [22] (Ren *et al.*, 1999) ; [23] (Sarica *et al.*, 2002) ; [24] (Tsai et Liu, 2009). Toutes les études sont réalisées par culture sauf [7] qui associe en plus de la culture, un séquençage.

Si la diversité bactérienne cultivable dans les espaces clos est relativement bien documentée, le recours à des méthodes moléculaires est quant à lui rare. Récemment, les outils moléculaires ont été employés pour l'étude de la diversité bactérienne de l'air des espaces clos, mais également pour l'étude de la diversité en aérosols fongiques ou bien encore celle des archées (Angenent *et al.*, 2005 ; Nehmé *et al.*, 2008 ; Nieguitsila *et al.*, 2007 ; Osman *et al.*, 2008 ; Tringe *et al.*, 2008 ; Moletta-Denat *et al.*, 2009 ; Nehmé *et al.*, 2009 ; Kejun, 2011). L'utilisation de ces outils a mis en évidence une nouvelle image de la diversité microbienne de l'air des espaces clos ainsi que la présence de tous les domaines du vivant (*Bacteria*, *Eukarya* and *Archaea*).

Seulement trois études se sont intéressées à la diversité microbienne des environnements intérieurs depuis le premier inventaire de l'air effectué par Radosevich *et al.* en 2002. Il s'agit d'une étude sur l'air intérieur d'une piscine thérapeutique dans un contexte de crise sanitaire due à *Mycobacterium* (Angenent *et al.*, 2005), d'une étude sur l'air de plusieurs cabines d'avions lors de vols commerciaux longs et courts courriers (Osman *et al.*, 2008) et d'une étude réalisée sur l'air de deux centres commerciaux par une approche métagénomique (Tringe *et al.*, 2008). L'examen des différentes données fait apparaître une diversité bactérienne différente de celle observée par les méthodes de culture. La diversité bactérienne est faible (10 phyla en moyenne) et essentiellement dominée par les *Alpha*-, *Beta*- et *Gamma-proteobacteria*. Des similitudes existent sur les groupes préférentiellement retrouvés dans les divers environnements (*Actinobacteria*, *Proteobacteria*...) et sur la présence de phyla non-cultivés tels que OP10 et TM7.

En effet, les deux centres commerciaux investigués sont dominés par *Brevundimonas* spp. avec plus de 58% des séquences. Ce genre cosmopolite a déjà été retrouvé dans presque tous les environnements : le sol, l'eau douce ou l'eau de mer, les boues ou bien encore le pétrole. En outre, *Brevundimonas* spp. a été retrouvé par culture dans des environnements supposés stériles, tels que la station spatiale MIR ou dans des espaces cliniques où cette bactérie a été impliquée dans des infections nosocomiales.

Les cabines d'avions étaient quant à elles dominées par *Psychrobacter* spp. et *Agrobacterium* spp. Ces bactéries Gram à négatif se rencontrent dans un large nombre d'environnement et notamment dans les environnements froids et salins dans le cas de *Psychrobacter* spp. et dans les sols en ce qui concerne *Agrobacterium* spp. Cette dernière bactérie est souvent impliquée lors d'effets pathogènes sur des plantes.

Du point de vue du risque sanitaire associé à la présence d'espèces pathogènes, ces études mettent en évidence la surreprésentation dans l'air d'un certain nombre d'espèces de pathogènes opportunistes tels que *Propionibacterium acnes*, *Staphylococcus* spp., *Streptococcus* spp. ou *Stenotrophomonas maltophilia*. Les espèces pathogènes trouvées dans l'air sont souvent associés à des infections nosocomiales (*Acinetobacter baumannii*, *Clostridium jeikeium*...) et à des infections respiratoires (*Mycobacterium* spp.). Aucun pathogène virulent tels que *Bacillus anthracis* ou *Legionella pneumophila*, par exemple, n'ont été rencontrés dans ces études.

Tableau 7 : Pourcentage d'abondance des principales espèces retrouvées dans 4 inventaires moléculaires.

Piscine	Centre commercial 1	Centre commercial 2	Cabines d'avions	Présence dans des études basées sur la biologie moléculaire	Présence dans des études basées sur la culture
<i>Acinetobacter</i> spp.	1,91%	0%	12,11%	1,97%	38%
<i>Agrococcus</i> spp.	0%	0,16%	0,88%	0%	0%
<i>Bacillus</i> spp.	1,67%	0%	0,55%	2,82%	69%
<i>Brevundimonas</i> spp.	0%	59,46%	49,45%	0%	8%
<i>Corynebacterium</i> spp.	2,39%	0%	1,41%	50%	46%
<i>Delftia</i> spp.	0%	1,66%	0,15%	0%	0%
<i>Desemzia</i> spp.	0%	0,24%	0,70%	0%	0%
<i>Devosia</i> spp.	0%	0,04%	0,07%	0%	0%
<i>Janthinobacterium</i> spp.	0%	0,95%	0,48%	0,28%	0%
<i>Massilia</i> spp.	2,39%	0%	1,73%	0,28%	0%
<i>Methylobacterium</i> spp.	1,44%	0,16%	2,87%	9,32%	0%
<i>Micrococcus</i> spp.	0,23%	0%	0%	0%	77%
<i>Mycobacterium</i> spp.	44,26%	0%	0%	1,13%	8%
<i>Paracoccus</i> spp.	0,24%	0,08%	0%	0,56%	0%
<i>Phyllobacterium</i> spp.	0,24%	0,04%	0,15%	0%	0%
<i>Pseudomonas</i> spp.	6,22%	0,71%	0,70%	3,10%	38%
<i>Psychrobacter</i> spp.	0%	0%	0,66%	20,33%	0%
<i>Rhodococcus</i> spp.	0,23%	0,08%	0,04%	0%	15%
<i>Sphingobacterium</i> spp.	0%	0,51%	1,33%	0%	0%
<i>Sphingobium</i> spp.	0,24%	0,04%	0%	0%	0%
<i>Sphingomonas</i> spp.	0%	0,83%	1,28%	0,28%	15%
<i>Staphylococcus</i> spp.	3,11%	0%	0%	7,06%	100%
<i>Stenotrophomonas</i> spp.	0,24%	31,39%	11,19%	0%	0%
<i>Streptococcus</i> spp.	1,46%	0%	0%	5,08%	54%

Les observations basées sur les données de culture et les données moléculaires font apparaître des prédominances d'espèces différentes d'un environnement à un autre (Tableau 7).

La plupart des espèces retrouvées dans les quatre environnements intérieurs investigués par des méthodes moléculaires est sous représentée dans les études basées sur la culture (*Methylobacterium* spp. et *Pseudomonas* spp. par exemple). L'utilisation des outils moléculaires permet d'accéder à la mise en évidence d'espèces pouvant être masquées par culture par d'autres espèces aisément cultivables telles que *Staphylococcus* spp.

Il est également intéressant de noter que la plupart des séquences retrouvées dans les environnements intérieurs sont proches de séquences déjà retrouvées dans d'autres environnements (Tableau 8). L'air aurait-il un rôle majeur dans la dispersion des espèces ou alors existe-t-il un biais dû à la surreprésentation des séquences « humaines » dans les bases de données (la contamination humaine serait-elle prédominante dans les espaces clos) ?

Tableau 8 : Récapitulatif de la proportion de séquences connues ou inconnues dans deux études sur l'air intérieur (Angenent *et al.*, 2005 ; Tringe *et al.*, 2008).

Environnements	Nombre de séquences 16S	Phylotypes	Connus	Inconnus
Centre Commercial 1	2659	129	101 (78%)	28 (22%)
Centre Commercial 2	3063	108	98 (91%)	10 (9%)
Piscine	1300	628	541 (86%)	87 (14%)

IV.2.B.b Principaux pathogènes bactériens de l'air

L'existence de bactéries aéroportées ayant un potentiel pathogène est bien connue et parfois associée à des crises sanitaires de grande ampleur (Tableau 9).

Tableau 9 : Agents infectieux bactériens ayant une transmission en aérosols.
D'après Stetzenbach *et al.* (2004).

Organismes	Effets sanitaires	Exposition
<i>Bacillus anthracis</i>	Anthrax, nécroses	Bioterrorisme, animaux contaminés, vétérinaires
<i>Corynebacterium diphtheriae</i>	Diphtérie, nécroses	Homme à homme par particules de salive
<i>Francisella tularensis</i>	Tularémie	Rongeurs contaminés, potentielle arme biologique
<i>Legionella pneumophila</i>	Pneumonie	Aérosols provenant de gouttellettes d'eau
<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	Tuberculose	Personne à personne
<i>Yersinia pestis</i>	Peste	Potentielle arme biologique, puces

➤ *Legionella pneumophila*

Les *Legionella* sont des bactéries ubiquistes dans les milieux hydriques naturels où elles sont généralement inoffensives pour l'Homme. En revanche, dans les bâtiments ou les installations industrielles comme les tours aéroréfrigérantes, elles peuvent trouver des conditions favorables à leur prolifération. Lorsqu'elles se retrouvent aérosolisées dans l'air, elles peuvent être inhalées et être ainsi à l'origine de maladies de l'appareil respiratoire.

Legionella pneumophila provoquent deux types de maladie : l'une bénigne, la fièvre de Pontiac et l'autre plus grave, car elle entraîne le décès dans 10 à 30% des cas, la légionellose ou maladie du Légionnaire (Goh *et al.*, 2005).

Il s'agit d'un bacille à Gram négatif de 0,3 à 0,9 µm de large et de 2 à 20 µm de long présentant en culture une forme allongée et parfois filamenteuse, qui appartient au phylum des *Gammaproteobacteria* (Figure 21) (Diederer, 2008).

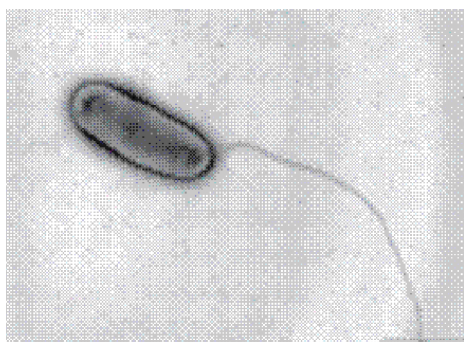


Figure 21 : Photo en microscopie électronique à balayage de *Legionella*.

Dans l'environnement intérieur *Legionella* peut se développer à partir d'un grand nombre de sources hydriques telles que les fontaines, les spas, bains bouillonnants, les têtes de douche, les machines à glace, les humidificateurs (Baron et Willeke, 1986 ; Atlas, 1999 ; Deloge-Abarkan *et al.*, 2007).

La détection de *Legionella pneumophila* en aérosol a été rendue possible et accessible par la mise sur le marché de kits commerciaux se basant sur l'amplification de la séquence *mip* (*macrophage inhibitor potentiator*) spécifique de *Legionella pneumophila* (Atlas, 1999 ; Diederer, 2008). De plus, la réglementation alors exclusivement établie sur des méthodes de culture ou sérologiques, tend à intégrer ces nouveaux outils (Norme NF T90-471 relative à la quantification des *Legionella* dans les eaux).

➤ *Mycobacterium tuberculosis*

Cette Mycobactérie est l'agent responsable de la tuberculose qui contamine chaque année dans le monde des millions de personnes. En 2007, L'OMS estimait à 1,3 millions le nombre de décès imputables à ce microorganisme. L'apparition de bacilles multirésistants aux antibiotiques actuels et l'expansion de l'épidémie de SIDA contribuent fortement à aggraver l'impact de cette maladie. Contrairement aux idées reçues, la proportion d'individus contaminés n'est pas différente dans les pays en voie de développement ou industrialisés (Kochi, 1991).

Cette bactérie appartient au phylum des *Actinobacteria* et se présente sous forme de bâtonnets de 2 à 5 µm de longueur. L'Homme en est le réservoir ainsi que l'agent de transmission. Les malades porteurs de la bactérie vont participer à sa dissémination par l'intermédiaire d'aérosols (toux, parole ou éternuements). Une fois inhalée, *Mycobacterium tuberculosis* se loge dans le tract respiratoire et pénètre jusqu'aux alvéoles pulmonaires (Beggs *et al.*, 2000).

Elle a plusieurs fois été détectée dans l'air d'établissements de soins ou de santé par PCR (Schafer *et al.*, 1998 ; Schafer *et al.*, 1999 ; Vadrot *et al.*, 2004 ; Wan *et al.*, 2004). A partir de filtration d'air et de la PCR, Mastorides *et al.* réussirent à détecter la bactérie dans les chambres de patients atteints ou non de tuberculose (Mastorides *et al.*, 1997 ; Mastorides *et al.*, 1999).

➤ *Bacillus anthracis*

Aussi appelé bacille du charbon, cette bactérie à Gram positif fait partie du phylum des *Firmicutes*. Ce bacille provoque la maladie du charbon ou *Anthrax* chez différentes espèces animales et parfois chez l'Homme. Bien que rare, la contamination peut avoir lieu par l'inhalation de spores de *Bacillus anthracis* ce qui provoque le développement d'une forme respiratoire de la maladie du charbon, fatale dans 90 à 100% des cas (Srikanth *et al.*, 2008). Depuis 2001, cette maladie est reliée à des cas de bioterrorismes, de ce fait sa détection par des outils moléculaires fait l'objet d'un intérêt grandissant (Jernigan *et al.*, 2001 ; Utrup et Frey, 2004).

➤ Cas des *Actinomycetes*

Les *Actinomycetes* sont des bactéries filamenteuses telles que les *Streptomyces* fréquemment retrouvées dans les environnements extérieurs comme intérieurs (Asan *et al.*, 2004 ; Grigorevski-Lima *et al.*, 2006). Ces bactéries sont souvent mises en cause lors de maladies respiratoires, d'allergies, de réactions inflammatoires et d'hypersensibilité pulmonaire. En 2006, Rintala et Nevalainen utilisèrent la PCR quantitative en temps réel pour la détection de *Streptomyces* dans les poussières d'un certain nombre de maisons. Ils démontrèrent ainsi l'efficacité, la spécificité, la reproductibilité et la rapidité vis-à-vis d'échantillons environnementaux de cette méthode analytique.

IV.2.A Eucaryotes

Le domaine des eucaryotes regroupe l'ensemble des organismes présents dans quatre grands règnes du monde vivant : les champignons, les animaux, les plantes et les protistes.

IV.2.A.a Les champignons

Les champignons représentent l'un des plus importants groupes d'organismes et sont des acteurs majeurs dans un grand nombre d'écosystèmes (Mueller et Schmit, 2007). Ce sont des organismes eucaryotes à mode de reproduction sexuée ou asexuée. Les spores produites jouent un rôle dans la dispersion des champignons, mais également dans la survie de l'organisme lorsque les conditions environnementales deviennent défavorables (Madelin, 1994). Ces spores assurent donc aux champignons un grand potentiel de colonisation.

D'un point de vue structural, on trouve une grande variété de champignons. Ils sont classés en deux grandes catégories : la forme levure unicellulaire et la forme mycélienne pluricellulaire constituée d'hyphes (Redecker, 2002). Le concept d'espèces chez les champignons est une notion qui ne cesse d'alimenter les débats. Ces espèces peuvent être différenciées de façons diverses. Historiquement, les champignons étaient identifiés sur la base de leur morphologie selon le concept morphologique d'espèce (Taylor *et al.*, 2000). La grande majorité des espèces décrites à ce jour repose sur ce concept, par une analyse des traits phénotypiques (morphologiques et/ou biochimiques) (Taylor *et al.*, 2000 ; Guarro *et al.*, 1999). Les champignons peuvent être également décrits selon leurs habitats, leurs localisations géographiques, selon le concept écologique de l'espèce (Taylor *et al.*, 2000).

L'application récente du concept phylogénétique de l'espèce, qui décrit l'espèce comme un groupe monophylétique au sein duquel le taux d'homologie entre séquences est élevé, a été très largement favorisée par les progrès des techniques d'analyses moléculaires, et tend à être massivement employée en mycologie (Mischler et Brandon 1987). L'organisation des champignons en phyla est actuellement revisitée sur des bases phylogénétiques. Cinq phyla sont aujourd'hui acceptés selon une analyse phylogénétique reposant sur 6 gènes et plus de 200 organismes (James *et al.*, 2006) : les *Ascomycota*, les *Basidiomycota*, les *Glomeromycota*, les *Chytridiomycota* et les *Zygomycota*.

IV.2.A.b Diversité

A l'instar des bactéries, la diversité en eucaryotes de l'air intérieur a été documentée par de nombreuses études utilisant la culture comme principal outil analytique. L'analyse de 18 publications parues entre 1980 et 2009 portant sur la diversité fongique cultivable met en évidence la dominance des *Ascomycota* avec notamment les genres *Aspergillus* spp., *Penicillium* spp., *Cladosporium* spp. (Tableau 10). En revanche, aucune donnée moléculaire sur l'air intérieur n'est actuellement publiée dans les bases de données.

IV.2.A.c Cas des moisissures

Une moisissure est un microorganisme porteur de spores, de diamètre compris entre 2 et 200 μm (le plus souvent entre 2 et 20 μm), dépourvu de chlorophylle. Contrairement aux végétaux, elle est incapable de synthétiser la matière organique à partir du CO_2 atmosphérique. Les moisissures appartiennent aux *Ascomycota*.

La moisissure est constituée de filaments longs, fins et ramifiés dénommés hyphes qui forment une masse emmêlée appelée mycélium ou thalle. Elle est capable de coloniser des supports de nature variées (bois, papier, tissus, produits alimentaires...) dans le cas où elle y trouverait suffisamment d'éléments nutritifs ainsi que des conditions d'humidité favorables. Elles peuvent libérer dans l'air des spores en grande quantité et/ou des substances odorantes (odeur de moisi) voire toxiques (mycotoxines, COV).

Tableau 10 : Genres fongiques (champignons et levures) retrouvés dans des échantillons d'air intérieur
(les espèces sont précisées lorsqu'elles sont connues). Voir la légende du Tableau 6 pour le détail des références.

Phylum	Genre (espèces)	Références
Ascomycetes	<i>Acremonium</i> (dont <i>butyr</i> , <i>charticola</i> , <i>fusidioides</i> , <i>strictum</i>)	[11], [12], [16], [24]
	<i>Alternaria</i> (dont <i>alternata</i> , <i>citri</i> , <i>fasciculata</i> , <i>longipes</i> , <i>tenuissima</i>)	[1], [3], [5], [6], [11], [12], [13], [14], [16], [19], [21], [22], [23]
	<i>Arthrinium</i>	[16], [19]
	<i>Aspergillus</i> (dont <i>caespitosus</i> , <i>candidus</i> , <i>flavipes</i> , <i>flavus</i> , <i>fumigatus</i> , <i>nidulans</i> , <i>niger</i> , <i>ochraceus</i> , <i>ornatus</i> , <i>pseudoglaucus</i> , <i>repens</i> , <i>restrictus</i> , <i>ruber</i> , <i>sydowii</i> , <i>sparsus</i> , <i>spinulosustamarit</i> , <i>terreus</i> , <i>thomii</i> , <i>versicolor</i> , <i>wentii</i>)	[1], [2], [3], [4], [5], [6], [7], [9], [11], [12], [13], [14], [16], [17], [19], [21], [22], [23], [24]
	<i>Aureobasidium</i>	[13], [16], [19]
	<i>Basipetospora</i>	[16]
	<i>Beauveria</i> (dont <i>bassiana</i>)	[13], [16]
	<i>Borytis</i>	[13], [14], [19], [21], [22]
	<i>Candida</i> (dont <i>lamata</i> , <i>lambica</i> , <i>lipotyca</i> , <i>lusitaniae</i> , <i>maris</i> , <i>parapsilosis</i> , <i>zeyanoides</i>)	[1]
	<i>Cephalosporium</i> (dont <i>charticola</i> , <i>tericola</i>)	[1]
	<i>Chaetomium</i> (dont <i>globosum</i>)	[5], [12]
	<i>Chrysosporium</i> (dont <i>merdarium</i>)	[9], [12], [16]
	<i>Cladosporium</i> (dont <i>aceticola</i> , <i>aecidicola</i> , <i>asterinae</i> , <i>atroseporum</i> , <i>chlorocephalum</i> , <i>cladosporioides</i> , <i>cucumerinum</i> , <i>elatum</i> , <i>herbarum</i> , <i>macrocarpum</i> , <i>orchidacearum</i> , <i>oxysporum</i> , <i>sphaerospermum</i> , <i>spongiosum</i> , <i>tenuissimum</i> , <i>uredinicola</i> , <i>variabile</i>)	[1], [3], [4], [6], [9], [11], [12], [13], [14], [16], [17], [19], [21], [22], [23], [24]
	<i>Colletotrichum</i>	[13], [16]
	<i>Cryptococcus</i>	[1]
	<i>Curvularia</i> (dont <i>inaequalis</i>)	[11], [16], [21], [22]
	<i>Cylindrocyladiella</i> (dont <i>parva</i>)	[12]
	<i>Drechslera</i> (dont <i>australiensis</i>)	[11], [13], [16]
	<i>Epicoceum</i>	[13], [16], [21], [22]
	<i>Exophiala</i>	[12]
	<i>Fusarium</i> (dont <i>equiseti</i> , <i>gibbosum</i> , <i>moniliforme</i> , <i>solani</i>)	[1], [11], [12], [13], [14], [16], [19], [21], [22], [24]
	<i>Geotrichum</i> (dont <i>candidum</i> , <i>flavo-brunneum</i>)	[1], [13], [16]
	<i>Gliocladium</i> (dont <i>roseum</i>)	[1], [11], [13]
	<i>Gliomastix</i> (dont <i>mucorum</i>)	[12]
	<i>Humicola</i> (dont <i>brevis</i> , <i>grisea</i>)	[1], [16]
	<i>Lecythophora</i> (dont <i>lignicola</i>)	[12]
	<i>Microascus</i> (dont <i>brevicaulis</i>)	[12]
	<i>Monilia</i>	[14]
	<i>Myrothecium</i>	[13]
	<i>Nigrospora</i>	[16]
	<i>Odiodendron</i> (dont <i>citrinum</i> , <i>flavum</i> , <i>rhodogenum</i> , <i>tenuissimum</i>)	[1], [12]
	<i>Paeclomyces</i> (dont <i>farinosus</i> , <i>lilactinus</i> , <i>niveus</i> , <i>variotii</i>)	[11], [12], [16], [19], [23]
	<i>Penicillium</i> (dont <i>adametzoides</i> , <i>atro-sanguineum</i> , <i>aurantiogriseum</i> , <i>aurantio-violaceum</i> , <i>brasiliannum</i> , <i>brevicompactum</i> , <i>canescens</i> , <i>chrysogenum</i> , <i>commune</i> , <i>crustosum</i> , <i>cyaneum</i> , <i>decumbens</i> , <i>digitatum</i> , <i>echinulatum</i> , <i>expansum</i> , <i>frequentans</i> , <i>funiculosum</i> , <i>fuscum</i> , <i>granulatum</i> , <i>griseofulvum</i> , <i>griseo-roseum</i> , <i>goldweskii</i> , <i>implicatum</i> , <i>italicum</i> , <i>janczewskii</i> , <i>janthinellum</i> , <i>jensenii</i> , <i>kazachstanicum</i> , <i>lanosum</i> , <i>lollense</i> , <i>melinii</i> , <i>miczynskii</i> , <i>mirabile</i> , <i>onobense</i> , <i>oxalicum</i> , <i>phoeniceum</i> , <i>polonicum</i> , <i>restrictum</i> , <i>roqueforti</i> , <i>sclerotiorum</i> , <i>spinulosum</i> , <i>viridicatum</i> , <i>waksmanii</i>)	[11], [2], [3], [4], [5], [6], [7], [9], [11], [12], [13], [14], [16], [17], [19], [21], [22], [23], [24]
	<i>Periconia</i>	[16]
	<i>Pestalotia</i>	[19]
	<i>Pithomyces</i>	[13]
	<i>Phoma</i> (dont <i>glomerata</i>)	[12], [13], [16], [19]
	<i>Rhinocladium</i> (dont <i>sporotrichoides</i>)	[1]
	<i>Saccharomyces</i> (dont <i>cerevisiae</i>)	[1]
	<i>Scopulariopsis</i> (dont <i>brumptii</i> , <i>flava</i>)	[12], [13], [16], [23]
	<i>Sporotrix</i>	[16]
	<i>Stachybotrys</i>	[16]
	<i>Stemphylium</i>	[13]
	<i>Trichoderma</i> (dont <i>album</i> , <i>lignorum</i> , <i>sympodiarum</i>)	[1], [5], [13]
	<i>Trichothecium</i> (dont <i>roseum</i>)	[11], [23]
	<i>Trichophyton</i>	[16]
	<i>Tritirachium</i>	[1]
	<i>Ulocladium</i> (dont <i>alternariae</i> , <i>botrytis</i> , <i>consortiale</i>)	[11], [12], [16], [21], [22]
	<i>Verticillium</i> (dont <i>chlamydosporium</i> , <i>lecanii</i> , <i>tenerum</i>)	[5], [11], [12]
	<i>Wardomyces</i> (dont <i>anomalus</i>)	[12]
	<i>Zygosporium</i>	[16]
	<i>Rhodotorula</i> (dont <i>glutinis</i> , <i>rubra</i> , <i>mucliginosa</i>)	[1]
	<i>Sporotrichum</i> (dont <i>salmonicolor</i>)	[1], [14]
	<i>Trichosporon</i> (dont <i>cutaneum</i>)	[1]
	<i>Wallemia</i> (dont <i>sebi</i>)	[21], [22]
	<i>Absidia</i> (dont <i>corymbifera</i>)	[1]
	<i>Mucor</i> (dont <i>mucedo</i>)	[1], [5], [13], [16], [21], [24]
	<i>Rhizopus</i> (dont <i>stolonifer</i>)	[1], [11], [12], [13], [16], [19], [24]
	<i>Synecephalasrum</i>	[24]

IV.2.A.d Effets sanitaires

D'un point de vue de santé publique, les moisissures préférentiellement citées lors de réactions allergiques ou d'infections respiratoires appartiennent aux genres *Aspergillus*, *Penicillium*, *Fusarium*, *Cladosporium* et *Alternaria* (Tableau 11).

Outre la dégradation des matériaux colonisés, la présence d'une contamination fongique dans les environnements intérieurs n'est pas sans conséquences sanitaires. Les effets sanitaires induits par la présence de moisissures dans l'habitat sont généralement répartis en quatre catégories : les infections, les maladies immuno-allergiques, les toxi-infections, et les effets irritatifs. Des infections pulmonaires telles que l'Aspergillose invasive apparaissent essentiellement chez des personnes aux défenses immunitaires diminuées. Dans le cadre d'activités professionnelles (agriculture, fromagerie, compostage...), les moisissures peuvent dans certains cas être responsables de pneumopathies d'hypersensibilité, notamment lors de l'inhalation massives de spores.

**Tableau 11 : Agents fongiques mis en cause dans des cas d'allergies respiratoires.
D'après Stetzenbach *et al.* (2004).**

Organismes	Effets sanitaires	Exposition
<i>Aspergillus fumigatus</i>	Allergie	Compost, matériaux de construction contaminés
<i>Aspergillus versicolor</i>	Allergie, Toxicose	Matériaux de construction contaminés
<i>Chaetomium species</i>	Toxicose	Matériaux de construction contaminés
<i>Penicillium species</i>	Allergie	Matériaux de construction contaminés
<i>Stachybotrys chartarum</i>	Toxicose	Matériaux de construction contaminés
<i>Trichoderma species</i>	Allergie, Toxicose	Matériaux de construction contaminés

IV.2.A.e *Aspergillus*

Plusieurs espèces d'*Aspergillus* peuvent croître dans les environnements intérieurs et notamment *Aspergillus fumigatus* et *Aspergillus flavus*. De plus, les quantités d'*Aspergillus* spp. retrouvées dans les espaces clos sont généralement supérieures à celles observées à l'extérieur.

Aspergillus fumigatus est un champignon filamenteux appartenant au phylum des *Ascomycota*. L'exposition à ses spores peut induire des réponses allergiques, ainsi que des pathologies graves telles que l'aspergillose invasive ou des infections nosocomiales. De plus, en raison de leur diamètre, 70% des spores d'*Aspergillus fumigatus* sont capables de pénétrer jusqu'à la trachée et les bronches et moins de 1% jusqu'aux alvéoles pulmonaires (Pieckova et Jesenska, 1999).

Différents auteurs ont développé des amorces spécifiques pour la détection et la quantification de cette espèce (Cruz-Perez *et al.*, 2001 ; Wu *et al.*, 2003). En 2004, McDevitt *et al.* mirent au point une méthode de détection et de quantification par PCRq des conidies d'*Aspergillus fumigatus* dans des échantillons environnementaux d'air.

IV.2.A.f Autres microorganismes eucaryotes

Certains microorganismes, tels les algues et les amibes, sont susceptibles d'être retrouvés en aérosols. Les résultats de Lawande en 1983, suggèrent l'existence d'un rôle des amibes en aérosols lors d'infections au Nigéria. Les amibes « libres », par exemple *Naegleria fowleri* et *Acanthamoeba spp.*, sont indigènes à des environnements tels que le sol ou l'eau. Elles peuvent être aérosolisées à partir de sources d'eau chaude artificielles présentes dans les espaces clos (les réseaux d'eau chaude sanitaire notamment). En outre, elles jouent un rôle dans la transmission et dans la multiplication des contaminations dues à *Legionella spp.* (Breiman *et al.*, 1990 ; Declerck *et al.*, 2007).

Les algues ainsi que les plantes inférieures libèrent tout comme les champignons des spores dans l'air. L'association d'algues à certains champignons dans des relations de symbiose aboutie à la formation de lichens qui peuvent également donner lieu à une libération de spores dans l'environnement. En outre, certaines associations d'algues en aérosol, telles que *Chlorococcus spp.* et *Chorella spp.* ou *Schizothrix* et *Anabaena* sont parfois mises en cause dans des cas de réactions allergiques (Burge et Rogers, 2000).

Enfin, les pollens et les fragments provenant de certains insectes sont autant de sources identifiées comme potentiellement allergisantes (Stetzenbach, 1997).

IV.2.B Virus

Plusieurs virus sont identifiés comme ayant une transmission par voie aérienne, ce qui les rend particulièrement contagieux (Tableau 12). Tout comme les autres types de bioaérosols, les virus sont difficilement détectables en aérosols par les méthodes moléculaires. Néanmoins, la PCR est de plus en plus fréquemment utilisée en raison de sa sensibilité. Des systèmes de détection par PCR sont disponibles pour le virus de la Varicelle-Zona (Sawyer *et al.*, 1994), les Rhinovirus (Myatt *et al.*, 2004), le Cytomegalovirus Humain (CMV) (McCluskey *et al.*, 1996) ou encore le virus du SRAS (Syndrome Respiratoire Aigu Sévère) (Booth *et al.*, 2005).

Tableau 12 : Principaux virus identifiés comme étant responsables d'infections touchant le tract respiratoire.

Famille	Organismes	Effets sanitaires
Adenovirus	Adenovirus	Affections respiratoires
Coronavirus	HCoV-SARS	SRAS
	HCoV-NL63	Bronchiolite
	HCoV-OC43	Infection sévère du tract respiratoire
	HCoV-HKU1	Infection sévère du tract respiratoire
	HCoV-229E	Infection sévère du tract respiratoire
Orthomyxovirus	Influenza A et B	Grippe, bronchopneumonie, rhume, pharyngite, bronchite
Paramyxovirus	VRS A et B	Bronchite, bronchiolite, bronchopneumonie
	MPV de l'Homme	Affections respiratoires
	Parainfluenza (1 à 4)	Bronchopneumonie, rhume, pharyngite, bronchite, bronchiolite
Picornavirus	Rhinovirus	Rhume
	Enterovirus	Infection gastrointestinale
Poxvirus	Variola virus	Variole

IV.2.B.a *Le VRS*

Le Virus Respiratoire Syncytial (VRS) appartient à la famille des *Paramyxoviridae*. Il s'agit d'un virus enveloppé à ARN monocaténaire dont la taille varie entre 80 et 350 nm. La transmission ainsi que l'infection a lieu par contact (mains souillées), par le bais de sécrétions respiratoires mais également par la voie des aérosols émis lors d'éternuements ou de toux. Le VRS est l'une des causes les plus fréquentes d'infections chez l'enfant. Il est le principal responsable (plus de 7 cas sur 10) des épidémies saisonnières de bronchiolite qui affectent les jeunes enfants et les nourrissons (Aintablian *et al.*, 1998).

Des méthodes de détection moléculaires existent mais le plus souvent il s'agit d'identifier le virus au niveau des sécrétions rhinopharyngées du patient avec une rapidité, une sensibilité et une spécificité accrue (Paton *et al.*, 1992 ; Whiley *et al.*, 2002 ; Templeton *et al.*, 2004). En 1998, Aintablian *et al.* détectèrent le virus dans l'air des chambres de patients hospitalisés par une méthode de PCR nichée, mettant en évidence la présence de particules virales à une distance allant jusqu'à 7 m des enfants malades.

IV.2.B.b *Le virus Influenza*

Cet agent est responsable d'une des principales infections respiratoires : la grippe. Ce virus appartient à la famille des *Orthomyxoviridae* et comprend trois types (A, B ou C). Il s'agit d'un virus à ARN simple brin enveloppé. Son mode de transmission est sensiblement similaire à celui du VRS. Une étude publiée en 2008, suggère la présence de particules virales dans l'air expiré par des sujets infectés et notamment dans les particules fines émises (Fabian *et al.*, 2008).

En raison des crises sanitaires récentes, de nombreux systèmes de détection par Reverse Transcriptase-PCR quantitative (RT-PCRq) ont été mis au point afin d'améliorer la rapidité de détection des patients ou des animaux contaminés (Spackman *et al.*, 2003 ; Sidoti *et al.*, 2009). En 2009, le virus *Influenza* a été détecté dans l'air du service d'urgence d'un hôpital, au cours d'une étude menée par Blachere *et al.* (2009) De plus, 53% des aérosols viraux détectables, appartenaient à la fraction respirable des aérosols.

IV.2.C Les sources

Dans un espace clos, les microorganismes aéroportés sont issus de deux réservoirs : l'un exogène, correspondant le plus souvent à un transfert air extérieur/air intérieur et l'autre, endogène résultant d'une biocontamination spécifique ayant de multiples sources. Identifier les sources est une étape indispensable dans l'étude des aérosols microbiens, surtout lorsqu'il s'agit d'évaluer l'exposition des personnes.

IV.2.C.a Sources extérieures

Les mouvements d'air sont en majorité responsables de l'apport de microorganismes provenant de l'extérieur dans les environnements intérieurs. Les moisissures et autres champignons ont une origine environnementale. Leurs spores sont introduites dans les locaux par les ouvrants, les allées et venues des occupants, leurs vêtements et leurs chaussures, la poussière et les matériaux ou matières contaminés (Spengler et Sexton, 1983). Ces déplacements de l'extérieur vers l'intérieur vont contribuer à la dissémination d'un grand nombre de microorganismes dans les espaces fermés.

Certaines activités anthropiques sont citées dans la littérature comme favorisant la production de bioaérosols dans l'environnement, notamment l'agriculture, les élevages d'animaux et le traitement des déchets (Stations d'épuration, sites de compostage...) (Nielsen *et al.*, 1997 ; Rautiala *et al.*, 2003 ; Schlosser et Huyard, 2007). Les conditions météorologiques, la pluie, le vent et d'autres facteurs climatiques, peuvent conduire à la formation d'aérosols. Elles représentent autant de sources potentielles de contamination de l'air intérieur.

Les données bibliographiques montrent que si la microflore de l'air intérieur est le reflet de l'extérieur, elle est également directement influencée par les sources intérieures.

IV.2.C.b Sources intérieures

La plupart des études portant sur des espaces clos relient les environnements intérieurs à l'extérieur, et donc décrivent les deux simultanément. Quelques études avancent néanmoins l'hypothèse de sources intérieures majeures, notamment la présence d'occupants ou d'activités humaines pouvant influencer la qualité de l'air (Zuraimi and Tham, 1994 ; Kotzias *et al.*, 2009 ; Wichmann *et al.*, 2010). Les concentrations en particules mesurées suggèrent une adéquation entre un système de ventilation inadapté et une augmentation des concentrations en polluants dans les environnements intérieurs (Daisey *et al.*, 2003 ; Fromme *et al.*, 2007 ; Almeida *et al.*, 2011). De plus, des activités physiques (notamment dans les lieux de vie des enfants) conduiraient à une importante resuspension de particules sédimentées provenant de la poussière du sol (Fromme *et al.*, 2007 ; Fromme *et al.*, 2008 ; Almeida *et al.*, 2011). L'étude réalisée par Hospodsky *et al.* (2011), arrive à une conclusion similaire en suggérant que les populations bactériennes retrouvées dans l'air intérieur semblaient plus proche de populations provenant de la poussière du sol que des populations de l'air extérieur. Zuraimi and Tham (1994) montrèrent également que l'augmentation des niveaux bactériens liés à l'humain était associée à différents paramètres tels qu'une forte densité de personnes, des irrégularités du sol ou encore la fréquence de nettoyage des tables. Liu *et al.* (2000) évaluèrent les concentrations bactériennes dans l'air de 2 écoles élémentaires. Ils émirent l'hypothèse que les enfants et les professeurs pouvaient être la source principale de

l'aérocontamination d'origine bactérienne. Ils mirent également en évidence un certain nombre de bactéries cultivables opportunistes pouvant se révéler infectieuses pour les occupants sensibles. En outre, la comparaison des microorganismes de l'air de 2 centres commerciaux avec les autres environnements localisés à proximité (sol et eau notamment), met en lumière la présence d'une niche domestique à l'intérieur ainsi que l'absence de relation de transfert avec les environnements issus de l'extérieur (Tringe *et al.*, 2008). Ceci est en accord avec des études montrant que si la contamination fongique provient la plupart du temps d'une source environnementale externe, la dissémination de microorganismes bactériens est souvent imputable aux individus, l'Homme étant probablement la plus importante source de contamination des lieux clos (Pastuszka *et al.*, 2000). En effet son corps abrite un grand nombre de bactéries. On les trouve sur la peau, les muqueuses, dans le tract respiratoire, la bouche, le conduit nasal et dans le tract gastro-intestinal (Novikova *et al.*, 2006 ; Gao *et al.*, 2007 ; Chen *et al.*, 2010b). En 2005, Jo et Seo montrent que l'augmentation du niveau de microorganismes dans les espaces clos est étroitement liée à une plus forte occupation humaine. Dans le cadre d'une étude plus ciblée, Favero *et al.* (1968), démontraient que dans les blocs opératoires des hôpitaux, la contamination par des bioaérosols, était principalement associée aux émissions humaines (peau, cheveux, et tract respiratoire).

Les sources hydriques (fontaines décoratives, douches, aquariums...) sont également mises en cause dans les environnements intérieurs lors de problèmes liés aux aérosols microbiens (Pastuszka *et al.*, 1996 ; Deloge-Abarkan *et al.*, 2007). Bien qu'il existe des espèces fongiques et bactériennes adaptées à la sécheresse, l'humidité favorise généralement la croissance de la plupart d'entre elles, notamment les moisissures. Les pièces humides (salle de bains...) et mal ventilées, tout comme le bas des murs mal isolés ou présentant des défauts d'étanchéité, sont autant de lieux propices aux développements microbiens (Spengler et Sexton, 1983).

Les poubelles (Nielsen *et al.*, 1997), les plantes d'intérieur ou les pots de fleurs, la poussière, les animaux et les textiles ou des activités domestiques courantes (prendre une douche, changer la poubelle, tirer la chasse d'eau...) peuvent occasionnellement mettre en suspension dans l'air une certaine quantité de microorganismes (Kalogerakis *et al.*, 2005 ; Brodie *et al.*, 2007).

La multiplication des alertes épidémiques dues aux aérosols microbiens et les changements anthropiques d'usage (urbanisation, agriculture intensive, traitements des déchets, transports, climatisation...), ont conduit les pouvoirs publics à reconsidérer les risques sanitaires liés à la qualité de l'air. L'air étant naturellement vecteur de matériels biologiques (pollen, fragments biologiques divers, microorganismes...), il apparaît nécessaire de disposer d'informations sur la diversité ainsi que sur la charge microbienne aéroportée permettant dans un intérêt sanitaire d'évaluer l'exposition des occupants aux microorganismes, mais également dans un cadre plus global d'apporter des éléments concernant le rôle de l'air dans la dissémination des agents microbiens. Or, à ce jour, peu de données sont disponibles sur la diversité des aérosols biologiques en environnements intérieurs, sur leurs fluctuations spatiales ou temporelles ou encore leurs origines. A terme, ces éléments devraient aboutir à une meilleure connaissance des microorganismes de l'air intérieur dans le but d'améliorer la qualité microbiologiques de l'air des espaces clos.

Dans ce contexte, ce travail de thèse a pour objectif de caractériser la diversité microbienne de l'air de différents espaces clos, notamment par la création d'une base de données des microorganismes aéroportés (Bactéries et Eucaryotes) présents dans des environnements intérieurs, et par la description de la dynamique spatiale et temporelle de cette microflore en termes qualitatifs et quantitatifs. Elle vise également à mettre en évidence des premiers éléments concernant la source de cette diversité et à déterminer les espèces signant la diversité microbienne de l'air intérieur ('core-species').

Les résultats attendus au terme de cette thèse sont :

- La proposition d'une stratégie d'échantillonnage des aérosols microbiens (bactéries, eucaryotes) en environnements intérieurs,
- La mise au point de protocoles d'extraction et d'amplification spécifiques des microorganismes de l'air, permettant notamment l'obtention d'une quantité suffisante de matrice,
- La description qualitative et quantitative de la microflore de l'air d'un environnement intérieur en particulier les microorganismes ayant un impact sanitaire potentiel,
- L'évaluation de la dynamique spatio-temporelle des microflore aéroportées,
- La description de premiers éléments sur l'origine de la biocontamination de l'air intérieur et la détermination des espèces signant la diversité microbienne de l'air intérieur,
- L'élaboration d'un outil de gestion des données de microbiologie moléculaire (base de données de séquences).

La méthodologie envisagée consiste en 2 grandes phases, à savoir :

1. Le développement d'une stratégie d'échantillonnage et d'analyse des aérosols microbiens spécifiques des environnements intérieurs investigués
2. La caractérisation *in situ* de la diversité microbienne aéroportée.

Développement d'une stratégie d'échantillonnage et d'analyse des bioaérosols

Cette première phase se compose de deux volets :

- Le premier volet a pour but de développer une stratégie d'échantillonnage des aérosols microbiens des espaces clos.
- Le second volet consistera, quant à lui, en la mise au point d'un protocole d'extraction de l'ADN spécifique des échantillons d'air. La validation du protocole s'appuiera sur des bases quantitatives et qualitatives, en environnements réels, afin d'appréhender au plus juste la diversité des microorganismes de l'air dans les espaces clos.

Etude in situ de la diversité microbienne aéroportée

La seconde phase de cette recherche vise à caractériser la diversité microbienne de l'air des environnements intérieurs par le biais d'outils moléculaires.

La majorité des études menées à ce jour, sur l'air des environnements intérieurs se base sur des méthodes culturales. Or, l'utilisation des outils moléculaires a mis en lumière que seule une très faible partie de la diversité microbienne présente, est accessible par le biais des méthodes culturales (environ 0,1%). Les récentes avancées technologiques en écologie microbienne notamment en matière de séquençage, ont permis d'affiner considérablement notre vision de la diversité microbienne et n'ont, pour l'heure pas encore été appliquées à l'air. Ainsi, plusieurs techniques analytiques ont été combinées afin de quantifier les microflore aéroportées en environnement intérieur et de qualifier la diversité microbienne dans les espaces clos.

Les lieux investigués ont des usages multiples et sont associés à des problématiques spécifiques d'un point de vue de la qualité microbiologique de l'air : hébergement de populations sensibles (établissements de soins), forte densité de populations (Musée du Louvre) et exposition prolongée (Bureau paysager). La méthodologie analytique développée tout au long de ce travail s'inscrit dans le protocole donné par la Figure 22. Cette méthodologie permet le développement d'indicateurs de contamination microbiologique de l'air à partir de données moléculaires. Les outils mis en œuvre sont basés sur la détection et l'analyse des gènes codants pour l'ARN ribosomique 16S ou 18S.

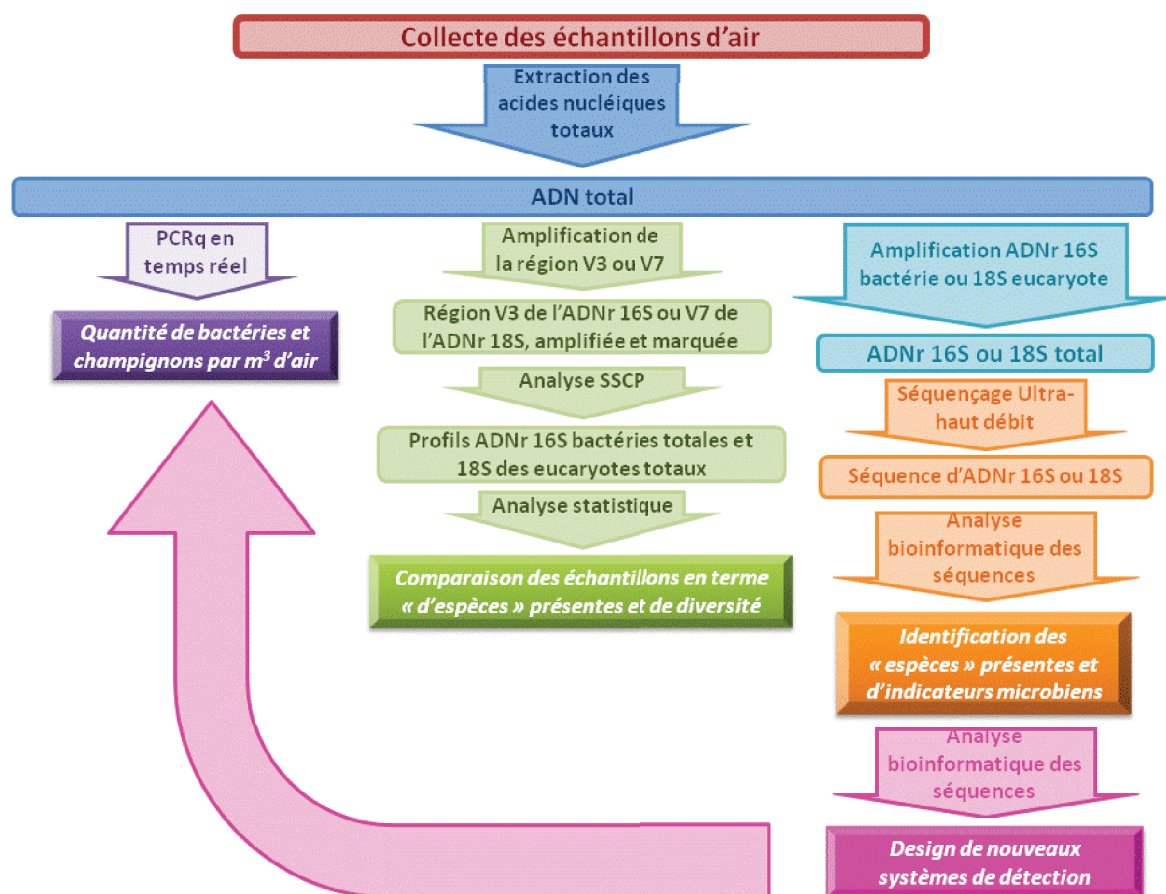


Figure 22 : Schéma de la méthodologie générale employée lors de l'étude sur la diversité de l'air des espaces clos.

Deux types d'échantillons ont été collectés au cours de ce travail de thèse. Tout d'abord, des prélèvements « ponctuels » ont été réalisés dans l'ambiance des sites à l'aide d'un biocyclone suivant le protocole de biocollecte développé lors de la première phase. D'autre part, des prélèvements « intégrés » effectués au niveau des centrales de traitement de l'air, ont été obtenus en suivant un protocole validé et développé en amont par le CSTB. Le premier type de prélèvements permettra d'obtenir un suivi dynamique de la diversité ainsi que des premiers éléments sur la variabilité de la microflore aéroportée en environnements clos. Le second, permettra d'accéder à la diversité microbienne d'espaces clos spécifiques, tout en ayant une vision sur du long terme (4 semaines de prélèvement continu), en s'affranchissant de la gêne pouvant être occasionnée aux individus présents sur les sites d'étude.

CHAPITRE 2 - RESULTATS ET DISCUSSION

I PARTIE 1 - MISES AU POINT PRELIMINAIRES

L'atteinte de l'objectif de thèse passe par le recours à plusieurs outils analytiques de microbiologie moléculaire ayant déjà été éprouvés sur des environnements différents (air extérieur, aérosols de compostage, biogaz...). La collecte d'échantillons en aérosols dans des espaces clos, est soumise à de nombreuses contraintes techniques, qui ont été évoquées dans le premier chapitre de ce manuscrit.

Les étapes de collecte, d'extraction et d'amplification ont fait l'objet de mises au point et d'optimisations par le biais d'études environnementales préliminaires qui sont présentées dans cette partie.

I.1 ELABORATION DES STRATEGIES D'ECHANTILLONNAGE

Cevolet avait pour but de développer une méthodologie d'échantillonnage permettant d'étudier la diversité microbiologique de l'air de différents espaces clos et notamment sa variabilité dans l'espace. Les principaux verrous concernaient l'accessibilité des zones à investiguer, l'acceptabilité par les occupants des métrologies employées et la nécessité de disposer d'une matrice suffisante d'ADN pour permettre les analyses moléculaires.

Dans ce contexte, il a été décidé de procéder à deux types de prélèvement :

- une collecte ponctuelle à haut débit permettant d'étudier la variabilité de la diversité microbienne aéroportée dans le temps,
- une collecte intégrée sur près d'un mois permettant d'accéder à une quantité d'ADN suffisante pour l'étude de la diversité spatiale dans différents espaces clos sans gêner les activités qui s'y déroulent.

I.2 ARTICLE 1 : PROCEDURE EXPERIMENTALE OPTIMISEE POUR L'ANALYSE MOLECULAIRE DE L'AIR DE TROIS ENVIRONNEMENTS INTERIEURS.

Une étude a été menée afin de développer une procédure expérimentale optimisée pour l'analyse moléculaire de l'air, appliquée aux environnements intérieurs. Le système choisi devait répondre à plusieurs caractéristiques :

- Le temps de prélèvement devait être suffisamment court pour permettre un suivi dans le temps et pour gêner au minimum les occupants (facilité de mise en œuvre),
- La réalisation des analyses moléculaires dans des conditions optimales (aspect qualitatifs et quantitatifs).

Notre approche s'est divisée en deux parties. Il fut tout d'abord nécessaire de valider les protocoles de collecte pouvant être appliqués dans de tels environnements et pour la technique analytique utilisée. Pour y parvenir, des mesures ont été effectuées dans un environnement où les conditions de ventilation et de circulation des personnes lors de l'analyse, étaient contrôlées et maintenues

constantes. La faisabilité de la méthodologie a ensuite été éprouvée en environnement réel dans un bureau paysager et deux musées.

Les résultats de cette étude sont présentés sous la forme d'un article accepté dans *Clean-Soil, Air, Water*.

RELIABLE PROCEDURE FOR MOLECULAR ANALYSIS OF AIRBORNE MICROFLORA IN THREE INDOOR ENVIRONMENTS: AN OFFICE AND TWO DIFFERENT MUSEUM CONTEXTS.

Molecular analysis of airborne microflora in indoor environments

Carole Gaüzère^{a*}, Marina Moletta-Denat^a, Faisl Bousta^c, Stéphane Moularat^a, Geneviève Oriol^c, Sébastien Ritoux^a, Jean-Jacques Godon^b, Enric Robine^a

^aUniversité Paris-Est, Centre Scientifique et Technique du Bâtiment (CSTB), Laboratoire de Recherche et d'Innovation pour l'Hygiène des Bâtiments, 84, avenue Jean Jaurès - Champs-sur-Marne, 77447 Marne-la-Vallée Cedex 2, France.

^bINRA, UR50, Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement (LBE), Avenue des Etangs, 11100 Narbonne, France.

^cLaboratoire de Recherche des Monuments Historiques (LRMH), 29, rue de Paris, 77420 Champs-sur-Marne, France.

*Corresponding author: carole.gauzere@gmail.com

Telephone number: +33(0).1.64.68.85.17

Fax number: +33(0).1.64.68.88.23

Bioaerosols, CE-SSCP, indoor air quality, museum, Q-PCR

Abstract

Biological aerosols from air constitute a significant source of exposure to microorganisms in public places. Airborne microorganisms are involved in the development of certain respiratory symptoms, allergies or infections among users and occupants. Various sampling instruments have commonly been used in aerobiology to collect bacteria and fungi suspended in the air. The objective of this study was to develop a reliable procedure for sampling in indoor public environments presenting different levels of occupancy, airborne bacteria and fungi to be subjected to molecular analysis (Bacteria and Fungi Q-PCR, CE-SSCP fingerprinting). Four different sampling devices were tested *in situ* in an office building (open-plan type) and the sampling strategy chosen was tested in two museum contexts. In accordance with the drawbacks involved to our study (quantitative and qualitative aspects, cost and overcrowding), cyclone device appeared to be most suitable. The results underline the effectiveness of this high-volume aerosol sampling device for both qualitative and quantitative molecular analysis. Four *in situ* sampling collections were carried out in one day in the Louvre Museum to study quantitative and qualitative variations of airborne bacterial and fungal diversity. The quantitative results revealed a similar order of magnitude for the numbers of both bacteria and fungi. In the Louvre Museum, the samples yielded between 3.7×10^4 and 4.1×10^4 GE (Genome Equivalent) bacteria/m³ air and between 5.0×10^4 and 5.9×10^4 GE fungi/m³ air and in the Decorative Arts Museum between, 2.1×10^4 and 2.5×10^4 GE bacteria/m³ air and between 1.4×10^4 and 1.7×10^4 GE fungi/m³ air. The results also indicate that the dominant bacterial community displayed a stable structure over a short period of time whereas dominant eukaryotic airborne community appeared more variable.

1. Introduction

In recent years, the increase of epidemic alerts has led to a reconsideration of the risks of microbial aerosols associated with indoor air quality and of human exposure to various pollutants, including microorganisms [1]. Sites with high occupancy rates (transport systems, public buildings, etc.) appear to be particularly sensitive to these risks. Given its proven impact on both health and buildings, the microbiological quality of air in indoor environments has thus become of increasing interest. Airborne microorganisms can cause respiratory symptoms among occupants and studies have demonstrated their role in the degradation (partial or total) of the substrate they colonize (wood, textiles, paper, pigments, varnish, etc.) [2-4]. Despite the importance of this subject, the microbial content of air has been the object of much less studies than other environments such as soil or water.

Different devices are used for collecting microorganisms from the air and are based on different techniques for recovering the microorganisms (filtration, solid impaction or impingement) [5]. The choice of a particular sampling device will be linked essentially to the type of analysis to be carried out and the environment which is involved. However, factors such as the device's cut-off diameter (d_{50}), the non-multiplication of microorganisms in fluid collections and re-aerosolization are often considered when studying microorganisms from the air. While maintaining the viability of airborne microbes in the collection media is essential for analysis of the cultivable fraction, this is not always so when using molecular tools. Using molecular techniques, the factors which need to be taken into account are mainly the d_{50} and the larger quantities of air that must be collected within a short period. A short sampling period is also required in order to take into account possible rapid variations

in airborne microbial diversity [6]. The collection of microorganisms using sedimentation methods, which is widely used in combination with culture methods, is not be used with molecular tools. In fact, for the molecular analysis of microbial diversity in aerosol [1, 5, 7, 8], the preferred method of collection is solid impaction or impingement or above all filtration. Because the exposure of humans can only be measured in their presence, drawbacks involved to in situ sampling in public places (noise and overcrowding) must be taken into account so as not to interfere with the occupant's activities.

Only about 1% of environmental microorganisms are currently cultivable [9] and airborne microbes in particular are difficult to cultivate because of the stresses linked to collection methods [1, 7-10]. Moreover, the artificial reproduction of a natural growth medium is all but impossible because of our inability to recreate environmental interaction between microorganisms, temperature, moisture or nutrients for all microorganisms at the same time [5]. Because of these different factors, the quantitative and qualitative measurements of bioaerosols are often underestimated [11] and it is now accepted that non-viable or as-yet-unculturable bacteria can induce allergic reactions, be a source of endotoxins and cause diseases [11]. Molecular tools, although rarely used in such studies, make possible a more exhaustive description of airborne microbiology [12].

In 1995, Alvarez et al. assessed the sensitivity of PCR (Polymerase Chain Reaction) and its susceptibility to environmental interference using *Escherichia coli* as the target organism in air samples containing environmental bioaerosols [13]. Real-time quantitative Polymerase Chain Reaction (Q-PCR) is now widely applied in medical research and is also used to measure total airborne bacteria in industrial working environments [11, 14, 15] as well as in other enclosed environments such as commercial airline cabins [16, 17].

Some molecular fingerprinting techniques have already been applied to analyzing the community structure of bioaerosols in outdoor air [6, 18], in biogas [19] and at composting sites [20], but not in enclosed spaces (houses, offices, museums, hospitals, schools, etc.). Initial descriptions of airborne microbes have revealed their broad diversity and the presence of all the domains: Bacteria, Eukarya and Archaea [1, 7, 8, 21].

In this context, the objective of the present study was to develop a reliable procedure for molecular analysis of bacterial and fungal diversities, in indoor environments occurring in public areas.

Our approach was divided into two parts. First of all, it was necessary to choose protocols for sampling microbial aerosols that would be suitable for public environments and for the analytical tools to be used. The second part consisted of in situ measurements carried out in three different environments, an office and two different museum contexts, in order to evaluate the preliminary results of qualitative and quantitative variations of airborne bacterial and fungal diversity in such enclosed spaces.

2. Materials and Methods

2.1. In situ sampling sites

Three sampling sites appropriate to the field of study were investigated based on gradient of occupancy: an office (type open-plan) and two different museum environments (the Louvre Museum and the Decorative Arts Museum).

The sampling protocols were thus applied in:

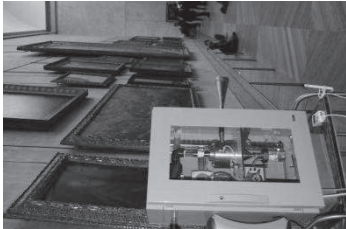
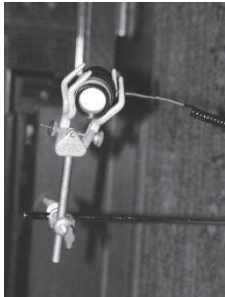
- An open-plan office (9.0 x 6.8 x 2.8 m, for a total volume of 170 m³) (10 people during sampling), located at the Scientific and Technical Centre for Building Research in Marne la Vallée, east of Paris (2.4 km south of the nearest highway).
- The Mona Lisa Room of the Louvre Museum, chosen for its huge size (35 x 15 x 12 m, for a total volume of 6000 m³) and for its high level of occupancy (1000 people during sampling).
- A storage room in the Decorative Arts Museum in Paris, only accessible to museum staff (4.0 x 8.0 x 2.5 m, for a total volume of 80 m³) (2 people during sampling).

2.2. Sample collection

Three of the most common sampling techniques were used during this study: impaction (Cyclone device and Atmospheric Dust Captor (CAP)), impingement (BioSampler SKC Impinger) and filtration (experimental filter device using synthetic polyester filter). The operating conditions and characteristics of the biocollectors are summarized in Table 13. The devices were tested under standard sampling conditions. All samples were collected *in situ* in the open-plan office. The biocollectors were started up simultaneously. They were deployed as follow:

- a. An experimental bioaerosol collector (a cyclone device) previously used for the *in situ* sampling of airborne *Legionella* spp. [22] and developed by our laboratory (CSTB). The aerosols penetrate the sampling device tangentially to the wall of the cyclone device where they impact. The wall is washed constantly with a molecular biology-grade water flow circulating in a closed loop in order to concentrate the aerosol particles collected. The cut-off diameter (d_{50}) of the experimental cyclone device is 0.5 μm . Sampling was performed for 30 min under controlled airflow conditions of 1000 L/min, sample 30 m³ of air in 100 mL of molecular biology-grade water.
- b. An SKC Impinger BioSampler (BioSampler), based on the principle of impingement (using sterile molecular biology-grade water), with airflow of 12.5 L/min and a cut-off diameter of 0.3 μm . Sampling is performed for 30 min. A total volume of 0.375 m³ air is collected.
- c. An Atmospheric Dust Captor, Arelco (CAP), coupled to a sampling head ($d_{50} < 100 \mu\text{m}$) with polyurethane foam, with a collection rate of 10 L/min. In this case, a 5 h of collection period was necessary to sample 3 m³ air.
- d. An experimental filter device developed by the CSTB, with a flow-rate of 80 L/min and used for 5 h to process a volume of 24 m³ air. Collection was done with a synthetic polyester filter [23].

Table 13 : Synopsis of operating conditions for aerosol sampling.

Collection principle	Solid impaction		Impingement		Filtration	
Devices	Arelco CAP		SKC Biosampler	Cyclone-like device	Filtration device	
						
	10 L/min		12.5 L/min	1000 L/min	80 L/min	
	5 h		15 min	30 min	5 h	
Collection substrate	Polyurethane foam		Molecular biology grade water	Molecular biology grade water	Synthetic polyester filter	
Analytical methods	Validation of collection devices (open-plan office)		Bacterial and fungal Q-PCR Bacterial CE-SSCP	Bacterial and fungal Q-PCR Bacterial CE-SSCP	Bacterial and fungal Q-PCR Bacterial CE-SSCP	Bacterial and fungal Q-PCR
	Applications to microbial communities in two museums		Bacterial and fungal Q-PCR Bacterial and eukaryotic CE-SSCP			

2.3. Sample preparation

Before concentration on a filter, all polyester filters and polyurethane foams were rinsed five times with sterile water up to a volume of 100mL.

The samples were concentrated by filtering the solution through a 47 mm, 0.2 µm polyestersulfone sterile filter (Supor 200, Pall Corporation, USA). The filter was then cut using a sterile scalpel and each half-filter was placed in a 1.5 mL sterile tube and frozen at -80°C.

2.4. Extraction and purification of total genomic DNA

DNA extraction was performed directly on the filter using the protocol described by Moletta [19] but slightly modified. The filter was ground to a powder using a sterile plastic stick while being kept on dry ice. The main steps of the DNA extraction and purification are detailed below.

Volumes of 380 µL 4 M guanidine thiocyanate in 0.1 M Tris-HCl (pH 7.5) and 120 µL 10% N-lauroylsarcosine were added to the ground filter which was frozen at -20°C. After, a volume of 500 µL 5% N-lauroylsarcosine in 0.1 M phosphate buffer (pH 8) was added to the frozen filter and the tube was immediately incubated at 95°C for 10 min. After the thermal treatment, the samples were placed in a vibroshaker with 0.1 mm zirconium beads. Polyvinylpolypyrrolidone was then added to remove any inhibiting substances. DNA was precipitated using isopropanol. Total DNA was then purified using a QiaAmp DNA microkit (Qiagen, Hilden, Germany) and collected in 50 µL DNA-free water. After extraction, the DNA was stored at -80°C. A field control was carried out using molecular biology-grade water for each of the sampling devices and these checked by passing through all extraction and amplification stages.

2.5. Real-time PCR (Polymerase Chain Reaction) amplification and quantification

All PCR assays were performed on a RotorGene 3000 (Corbett Research, Australia). The calibration curve was generated using RotorGene software, version 6.0.

During this study, two different real-time PCR systems were used to assess the concentrations of bacteria and fungi in indoor air. They were all based on the 16S ribosomal RNA gene sequences and 18S ribosomal RNA gene sequences. All primers and the TaqMan® probe were synthesized by Sigma Proligo (Paris, France). The cycle threshold (CT) was calculated as the cycle number at which the reaction became exponential. The cycle threshold of each sample was then compared to a standard curve and the result was expressed as a numerical value of the number of target genomes in the sample. The standard curves were generated by amplifying serial 5-fold dilutions of the total genomic DNA of *Escherichia coli* and *Aspergillus fumigatus*. Concentrations of 4.13×10^7 Genome Equivalent (GE) bacteria/µL and 2.08×10^6 GE fungi/µL of the total genomic DNA solution were determined using the Genequant Pro (Amersham Biosciences). Each standard was tested in triplicate. The current specificity of all real-time amplification systems already published was checked in silico using Probematch software from the ARB database and NCBI Blast [24] against all 16S rRNA gene sequences and 18S rRNA gene sequences available in RDP and/or Genbank.

2.5.1. Evaluation of total bacterial load

A 441 bp (base pair) fragment of the bacterial 16S rRNA gene sequence was amplified with bacterial-directed primers and a probe set (see details in Table 14) [25]. PCR was performed using the Quantitect Probe PCR kit (Qiagen) with 12.5 µL of Master Mix, 0.25 µL of forward primer, 0.25 µL of reverse primer and 0.25 µL of probe, with water added to a final volume of 20 µL. 5 µL of the sample were added to PCR mix. The amplification was carried out under the following conditions: 95°C for 15 min, then 50 cycles at 94°C for 15 s, 60°C for 60 s and 72°C for 20 s. No-template controls with molecular biology-grade water rather than DNA were included in each run.

Serial dilutions of *Escherichia coli* (DSMZ 5695, ATCC 12435) DNA were used as the standard to determine bacterial concentrations with real-time PCR. All samples were included in triplicate in each run. The reaction efficiency of the standard curve for bacterial load evaluations was 0.83 and the correlation coefficient $R^2 > 0.99$.

2.5.2. Evaluation of total fungal load

A 379 bp fragment of the fungal 18S rDNA was amplified with fungi-directed primers (see details in Table 14). PCR was performed using the Quantitect Sybr Green PCR kit (Qiagen) with 12.5 µL of Master Mix, 2.25 µL of forward primer and 2.25 µL of reverse primer and water being added to a final volume of 20 µL. 5 µL of the sample were added to the PCR mix. Amplification was carried out under the following conditions: 95°C for 15 min, then 45 cycles at 94°C for 15 s, 52°C for 30 s and 72°C for 45 s. No-template controls with molecular biology-grade water rather than DNA were included in each run.

The Q-PCR system used in this study can amplify the 18S rRNA of the four major fungal phyla: *Ascomycetes*, *Basidiomycetes*, *Zygomycetes* and *Chytridiomycetes* [26].

Serial dilutions of the DNA of *Aspergillus fumigatus* (Institut d'Hygiène et d'Epidémiologie de Bruxelles – Mycology Section) were used as the standard to determine fungal concentrations with real-time PCR. All samples were included in triplicate in each run. The reaction efficiency of the standard curve for fungal load evaluations was 0.78 and the correlation coefficient $R^2 > 0.99$.

2.5.3. Limits of quantification

The limit of quantification was defined using the lowest concentration of the standard within the linear range at which 95% of PCR results were positive. The limit of quantification of the number of GE bacteria or GE fungi per cubic meter of collected air was then calculated for each sample using these values, taking into account of the equivalent volume of air used for DNA extraction and the dilution factor applied prior to Q-PCR. In the case of bacteria, the limit of detection was 8.8×10^2 GE/m³ of air. For the fungal system, the limit of detection was 2×10^2 GE/m³ of air and was given by the higher dilution of the standard in the amplified range. A lower limit of detection values was found for fungi than for bacteria, mainly because of the presence in Q-PCR reagents of contaminating 16S rRNA gene sequences arising from the manufacturing process [27]. The dispersion of values was measured for each system based on an analysis of the Q-PCR standards conducted in triplicate, and were found to be those typical in the quantitative experiment; i.e. between 8% and 30%, depending on the collection system. The dispersion observed for Q-PCR triplicate analyses was 3%.

2.6. CE-SSCP (*Capillary Electrophoresis Single Strand Conformation Polymorphism*) analysis and structure of the microbial community

A nested PCR assay was used to amplify 16S ribosomal fragments of the microbial aerosols with two sets of primers for the bacteria, according the protocol developed by Moletta [19].

2.6.1. First PCR amplification

The first step involved whole bacterial ribosomal DNA and the second PCR produced fragments for CE-SSCP analysis (of about 250 bp in size). The first set of bacterial primers consisted of w18 and w02 primers [28] which amplified whole the 16S rRNA gene sequence. Each tube contained 5 µL of extracted DNA and a PCR mix containing 2.5 units of polymerase Amplitaq Gold LD (Applied Biosystems, Foster City, California), 5 µL Amplitaq Gold LD buffer 10X, 2.5 mM MgCl₂, 200 µM dNTPs at 2.5 mM and 200 ng of each primer, adjusted to a total volume of 50 µL molecular biology-grade water. The thermal cycling steps used to amplify bacterial ribosomal RNA genes were as follows: incubation at 95 °C for 10 min and then 20 cycles of incubation at 95°C for 30 s, 50°C for 30 s and 72°C for 1 min.

2.6.2. Second PCR amplification

Five microliters of total DNA or 5 µL of the first PCR were used for each PCR-SSCP amplification. B22 and B23* [29] were used to amplify the V3 16S rDNA bacterial region. The eukaryotic primers used for 18S V7 ribosomal DNA were E04 and E12* (see details in Table 14) [30]. The PCR-SSCP amplification mix contained 1.25 units of *Pfu Turbo* (Stratagene, La Jolla, California), 5 µL of 10X buffer, 200 µM dNTPs, 130 ng of each primer, with water added to a final volume of 50 µL. The thermal profile used for the amplification of ribosomal RNA genes was as follows : incubation at 94°C for 2 min, then 30 cycles of denaturation at 94°C for 30 s, 61°C for 30 s and 72°C for 30 s, and a final elongation of 10 min at 72°C. The same thermal amplification profile was used for Eukaryota, except that the annealing temperature was 51°C.

2.6.3. CE-SSCP analysis

Global microbial communities were studied using CE-SSCP analysis, performed with ABI310 (Applied Biosystems) on all samples with a 1 µL of extracted DNA, in accordance with previously described CE-SSCP amplification methods [31].

2.7. Diversity index

Simpson's diversity index (also known as the species diversity index) is one of the many methods used to measure diversity. In ecology, it is often employed to quantify the biodiversity of a habitat. It takes into account both the number of species present and their relative abundance. Simpson's index measures the probability that two randomly-selected subjects will belong to the same species. This index ranges from 0 to 1, with 1 indicating higher diversity [32]. This index was calculated for all the samples analyzed by CE-SSCP fingerprinting, using StatFingerprints [33-35].

Table 14 : Details of the different primers and probes used for molecular analysis.

Names	Types	Target	Sequences	Positions	References
Real-time Q-PCR					
B01	Primer	Bacteria	5'-TCCTACGGGAGGCAGCAGT-3'	F331-349	[25]
B02	Primer	Bacteria	5'-GGACTACCGGGTATCTAATCCTGTT-3'	R772-797R	[25]
B14	Probe	Bacteria	5'-CGTATTACCGGGCTGCTGGCAC-3'	506-528	[25]
E07	Primer	Fungi	5'-TTAGCATGGAATAATRAATAGGA-3'	F817	[26]
E08	Primer	Fungi	5'-TCTGGACCTGGTGAGTTTCC-3'	R1196	[26]
PCR-SSCP					
B22	Primer	Bacteria	5'-ACGGTCCAGACTCCTACGGG-3'	F329-348	[29]
B23	Probe	Bacteria	5'-TTACCGCGCTGCTGGCAC-3'	R515-533	[29]
E04	Primer	Eukaryotes	5'-CTTAATTTGACTCAACACGG-3'	F955	[28]
E12	Probe	Eukaryotes	5'-GGGCATCACAGACCTGTT-3'	R1195	[30]

Table 15 : Results of the validation of collection devices and of amplification methods for CE-SSCP analysis.

Devices	Volume of air collected (m ³)	Q-PCR		CE-SSCP	
		Bacteria	Fungi	Single PCR	Nested PCR
Cyclone	30	+	+	+	+
SKC	0.3	-	-	-	-
CAP	3	-	+	-	+
Filtration	24	+	+	-	+

3. Results and Discussion

3.1. Quantitative and qualitative analyses of microbial diversity in indoor air

Four collection systems (SKC, Cyclone device, Filtration device and CAP) were used under real-life conditions to verify their suitability for the study of occupant's exposure to airborne bacterial and fungal microflora in association with the analytical techniques chosen. The devices were placed in an open-plan office and all samplings were started up simultaneously. The sampling times were adjusted to the constraints of each system in order to respect the standard sampling conditions.

3.1.1. Suitability of the collection devices: quantitative analysis

In order to quantify the total microbial load in air, Q-PCR was employed. Of the four collection devices tested, two yielded positive results by Q-PCR for both bacterial and fungal populations: the cyclone device and the experimental filter device (Table 15).

The use of an impinger appeared to be inadequate for the molecular analysis of samples collected from the indoor air using our assays. Indeed, results of all quantification assays were below the limit of detection (Table 15). The broad range of particle size, and the possible filter saturation due to different principles of collecting and longer sampling times (30 min with the cyclone device and 5 h with the filtration system) could explain these variations. The CAP protocol produced positive results for regarding the quantification of airborne fungi but not bacteria (below the limits of detection of the assays employed).

In the light of these quantitative results, both collectors (cyclone device and experimental filter device) appear to be suitable for the simultaneous measurement of bacteria and fungi in air under our test conditions. The SKC and CAP devices had the lowest flow-rates and volume of samplings. These observations might explain the negative results obtained with these two collectors. The sampling time may not have been sufficient to collect a large amount of DNA required to carry out all molecular analysis in optimal conditions. A longer sampling time was considered but this would not have conformed to the standard use of the devices. The cyclone permitted a shorter sampling time (30 min in contrast to 5 h with the filter) for an equivalent volume of sampled air. It was therefore selected for *in situ* measurements of microbial load.

3.1.2. Suitability of the collection devices: qualitative analysis

CE-SSCP is clearly a powerful tool to measuring and comparing microbial diversity in complex ecosystems. In fact, it has been applied elsewhere to the diversity of microbial aerosols from biogas [19] and composting sites [20]. In order to assess microbial diversity in air, a single PCR-SSCP amplification was applied to the samples obtained using the different collectors.

Only samples obtained using the cyclone device permitted obtaining a profile after a single step amplification of 30 cycles. In the light of these results (Table 15), for samples from the three other collectors, a second amplification step was carried out, in accordance with the protocol described by Moletta [19], as applied to biogas samples. Using this method, the sensitivity and, thus, the detection threshold was improved. However, the risk of nonspecific amplifications also increased. To prevent this, no-template nested PCR-SSCP samples were analysed and were subsequently verified by CE-SSCP to be different of the air samples. Positive single PCR-SSCP and nested PCR-SSCP results were

obtained with cyclone device sampling. CAP and filtration samplings produced positive results only using nested PCR (Table 15).

CE-SSCP analysis of the positive results revealed complex patterns, and differences in the structure of the bacterial community were observed as a function of each sampling device (Figure 23). Figure 24 shows the comparison of results obtained with direct PCR-SSCP and nested PCR-SSCP, illustrating how an identical sample could differ if it were treated using a different number of amplification cycles (30 or 50 amplification cycles, respectively). Thus nested PCR-SSCP profiles display supplementary peaks when compared to direct PCR-SSCP profiles. Each sampling device has its own technical characteristics (including collection efficiency and the range of particle size) which could partially explain these differences in CE-SSCP patterns. Indeed, different studies on the performance of bioaerosol sampling devices have shown that particle diameter and type of collection techniques (solid impaction, liquid impaction or filtration) can affect collection efficiency [36, 37]. Other parameters, such as the duration of collection, may also create differences in sampling collection [38, 39]. Under our assay conditions, the cyclone device proved to be the most quantitatively reliable and was thus used during the subsequent phases of our study.

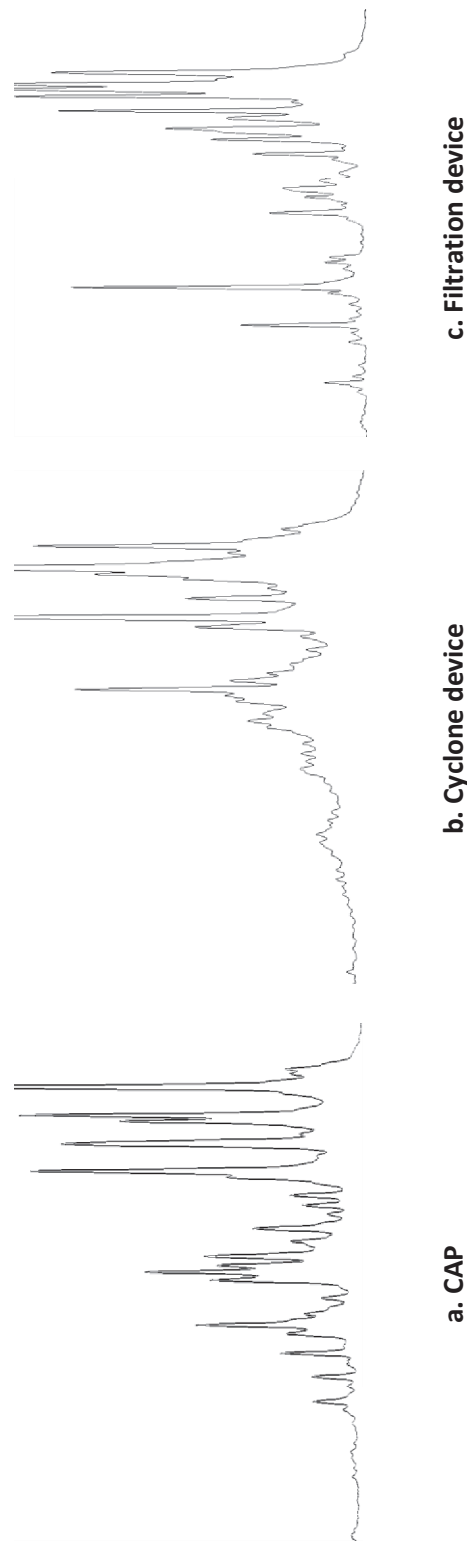


Figure 23 : Bacterial CE-SSCP profiles obtained with a nested PCR.



Figure 24 : Comparison of two bacterial CE-SSCP profiles of bioaerosols collected using the cyclone device:
Single PCR (black) and nested PCR (grey).

3.2. Application to airborne microbial communities in two museums

The microbial diversity prevailing in the Louvre and Decorative Arts Museums was determined using a cyclone device and analyzed with Q-PCR and CE-SSCP fingerprinting. The aim was to develop this protocol for in situ sampling in such special environments, bearing in mind aspects of public acceptability, sample collection and transport, and to evaluate foremost elements of variability in the structure of airborne microbial diversity found in these enclosed spaces. The collection device was placed in the middle of the room and was accepted by the public despite the fact that it generated some noise which was, however, partially masked by the ambient noise. Q-PCR assays were performed on the four samples collected. All quantitative PCR results are presented with the concentration obtained in GE per cubic meter of air as a function of the collection devices. The quantitative results revealed a similar order of magnitude for the counts of both bacteria and fungi. Indeed, the samples yielded between 3.7×10^4 and 4.1×10^4 GE bacteria/m³ air and between 5.0×10^4 and 5.9×10^4 GE fungi/m³ air in the Louvre Museum and between 2.1×10^4 and 2.5×10^4 GE bacteria/m³ air and between 1.4×10^4 and 1.7×10^4 GE fungi/m³ in the Decorative Arts Museum. Unfortunately, no quantification data obtained using Q-PCR is available in the scientific literature regarding the air in this type of indoor environment, thus preventing a direct comparison of the results.

However, the bacterial and fungal concentrations found in the museums were compared with recent data on the Q-PCR microbial loads determined on air samples from other indoor environments such as poultry houses, commercial airliner cabins and domestic aircraft cabins. In these locations, high concentrations of bacteria were revealed by Q-PCR: values of between 7.7×10^7 and 1.3×10^9 cells/m³ air were monitored for total bacteria in a poultry house using the same bacterial Q-PCR TaqMan system [15]. With regard to flight cabins, the measured values ranged from 10^6 to 10^7 16S rRNA gene copies/m³ [16, 17]. The results in the literature were expressed as 16S rRNA gene copies/m³, considering a value of 4.1 16S rRNA gene copies per genome or cells [40]. In outdoor air, several measurements have been made, particularly in waste treatment environments such as sewage plants [11] and anaerobic digestion waste treatment sites [14]. In these two outdoor environments, microflora concentrations in the air ranged from 2.8×10^5 to 3.2×10^6 cells/m³ and 10^5 to 10^6 GE bacteria/m³ of air, respectively. The airborne microbial concentrations found in the museums were lower than those recorded in other indoor environments such as flight cabins or poultry houses. Higher microbial loads were also observed in outdoor air. Thus, our results justify the use of a high-volume biocollector in order to optimize the initial quantity of DNA matrix.

These results can be compared to other measurements obtained using standard microbiological counting methods applied to samples from other European museums. Concentrations of between 10^2 and 10^3 CFU/m³ for bacteria and 10 and 10^2 CFU/m³ for fungi have been measured in various museums [41-43]. These values for the cultivable bacterial and fungal fraction of air represent a difference some 1 to 3 logarithms lower than the values obtained using molecular tools. Culture methods have been shown to be time-consuming and to produce an incomplete picture of microbial diversity because certain microbes are preferentially cultivated, such as the particularly resistant species as *Staphylococcus* spp. [5]. In other indoor environments such as dwellings, schools, homes or hospitals, values of between 10 and 10^4 CFU/m³ have been obtained [44-47]. Using cultivation methods, the indoor airborne concentrations found in museums were similar to those frequently observed in other indoor environments.

In order to assess temporal variations in microbial concentrations, three samples were collected in the Mona Lisa Room of the Louvre Museum every 45 min. The dispersion of fungal Q-PCR values was evaluated at 130%, while that of bacterial Q-PCR values was 27%. We hypothesize that this dispersion may have been linked to the diameter of fungal particles (larger than bacteria) so that fungal aerosols were more subject to variations in the aerodynamics of the room (occupancy, ventilation, etc.). The dominant diversity of bacteria and eukaryotes was studied using CE-SSCP on air from the two museums; the four samples collected produced positive results with PCR-SSCP. The CE-SSCP profiles provided a fingerprint of bacterial and eukaryotic dominant microflora. The profiles revealed a high level of bacterial diversity in indoor air (more than 15 peaks). They also indicated that the dominant bacterial community displayed a stable structure over a short period of time (45 min between each sampling). This means that the molecular analysis was reproducible and, also, that the dominant bacterial community did not vary qualitatively during this period. The CE-SSCP analysis highlighted structural differences in airborne bacterial diversity related to the indoor environments investigated, although it also revealed several common peaks for bacterial profiles (Figure 25). In contrast, dominant eukaryotic community structures exhibited more pronounced differences, with a limited number of common peaks.

One interesting point was highlighted by a comparison of the CE-SSCP patterns obtained in the museums with those from the open-plan office. The bacterial profiles were similar in the museums (Figure 25) but they differed from those found in the office area (Figure 26). The museum profiles were more complex than those from the office (an average of 25 peaks in museums and 15 peaks in the office). Dominant eukaryotic communities displayed different profiles for all the sites studied.

Calculation of the Simpson index revealed a significant diversity within the three sites studied, in terms of both bacterial and eukaryotic diversity. Indeed, values higher than 0.99 were obtained in all cases. By way of comparison, similar values were observed in aerosol samples obtained during different steps of composting (between 0.97 and 0.99) [48], but weaker results (although reflecting a wide diversity) were recorded for samples from a bacterial biofilm in a hot water network : their associated CE-SSCP profiles displayed values ranging from 0.86 to 0.92 [48]. Each indoor environment has specific sources (humans, animals, building and decorative materials...) and, in addition, outdoor air may enter indoors via the ventilation system or doors and windows. All these possible sources could impact bacterial and fungal content of indoor air [49].

The entire protocol (sampling and analysis stages) was found to be satisfactory for assessing the exposure of occupants to airborne microorganisms. The inevitable noise generated by the cyclone device was to a large degree covered up by the ambient noise generated by the visiting public. The collection step required less time than usual; indeed, an initial analysis was done within only two days, thus reducing the overall costs of the study.

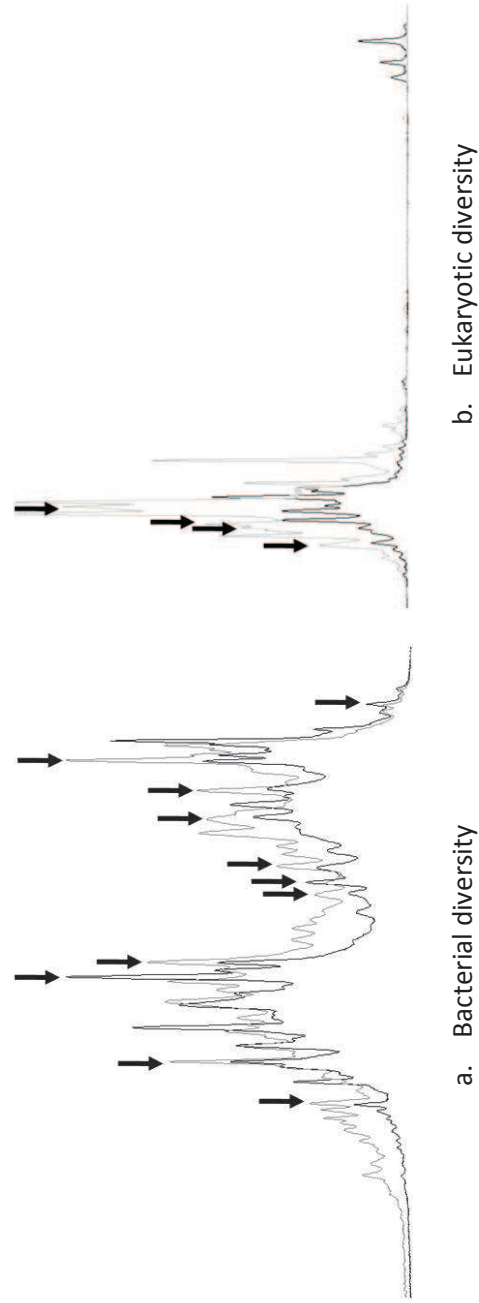


Figure 25 : Bacterial and eukaryotic CE-SSCP profiles of bioaerosols collected in two museums: the Louvre Museum (black) and the Decorative Arts Museum (grey). Black arrows highlight major common peaks.

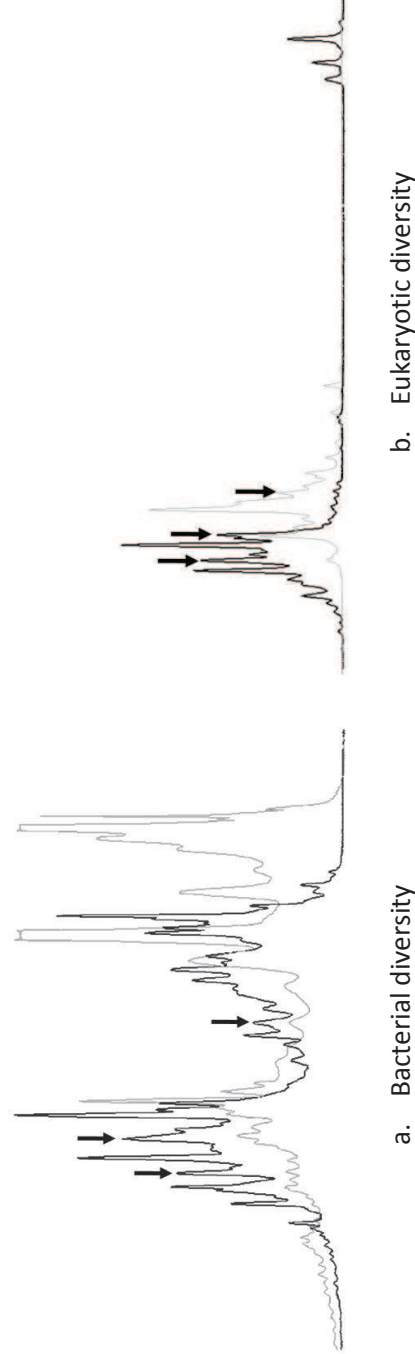


Figure 26 : Bacterial and eukaryotic CE-SSCP profiles of bioaerosols collected in the open-plan office (grey) and in the Louvre Museum (black). Black arrows highlight major common peaks.

4. Concluding remarks

The principal aim of this research was to develop a reliable procedure for sampling in indoor public environments presenting different levels of occupancy, airborne bacteria and fungi to be subjected to quantitative and qualitative molecular analysis (bacteria and fungi Q-PCR, CE-SSCP fingerprinting). This study has resulted in the development of a methodology that integrates the sampling of airborne bacterial and fungal diversity in indoor air with its subsequent molecular analysis. Based on criteria defined in our study relating to the analysis of the airborne microbes (quantitative and qualitative aspects, cost, and ease of implementation), cyclonic device appeared to be the most efficient. Sampling device with higher flow-rates will be necessary to carrying out molecular analysis under optimum conditions and for studying the dynamics of airborne microbial diversity at the different scale of time (minimum 45 minutes).

For the first time, the variations of micro-organisms present in the air of museums have been studied quantitatively and qualitatively using molecular techniques. Initial results in the two enclosed spaces reveal the relevance of our integrated analytical process (sampling with cyclone device and quantitative and qualitative molecular analysis) for the study of spatial and temporal variations in eukaryotic and bacterial microflora. Our initial results reveal differences between the eukaryotic and bacterial microflora in the two museums, in both quantity and quality. CE-SSCP was able to highlight more pronounced disparities in the dominant bacteria community between the museums and the office area. Based on the DNA extracted by this procedure, molecular analysis can be done for a range of purpose: quantifying total bacteria, fingerprinting for comparisons and measures of microbial diversity as presented in this study. Molecular analysis constitute a powerful tool for describing the airborne microbial diversity prevailing in such indoor areas and for assessing the exposure of their occupants, particular to pathogen related species. Longer sampling campaigns are now being considered in order to obtain data relative to the temporal and spatial diversity of indoor environments. Molecular analysis may provide a new tool in the search for sources of indoor air contamination and in determining the role of air in the transmission of pathogens. These tools could be used to manage air quality indoors and to define specific indicators for microbial quality of air in enclosed spaces.

Acknowledgements

The authors wish to thank all those who contributed to this study and particularly the team from the "Laboratoire de Recherche des Monuments Historiques", Mrs Joëlle Leroux from the Louvre Museum and Mr Maximilien Durant from the Musée des Arts Décoratifs.

They also gratefully acknowledge Valérie Bru-Adan and Anaïs Bonnafous who made a very helpful contribution to the CE-SSCP analysis.

References:

1. L.T. Angenent, S.T. Kelley, A.S. Amand, N.R. Pace, and M.T. Hernandez, Molecular identification of potential pathogens in water and air of a hospital therapy pool, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* **2005**, 102 (13), 4860-4865.
2. A. Hyvärinen, T. Meklin, A. Vepsäläinen, and A. Nevalainen, Fungi and actinobacteria in moisture-damaged building materials - Concentrations and diversity, *Int. Biodeter. Biodegr.* **2002**, 49 (1), 27-37.
3. S. Katja, Fungi: Their role in deterioration of cultural heritage, *Fungal Biology Reviews* **2010**, 24 (1-2), 47-55.
4. D. Pangallo, A. Simonovicova, K. Chovanova, and P. Ferianc, Wooden art objects and the museum environment: identification and biodegradative characteristics of isolated microflora, *Lett. Appl. Microbiol.* **2007**, 45 (1), 87-94.
5. Y. Gilbert and C. Duchaine, Bioaerosols in industrial environments: a review, *Can. J. Civil Eng.* **2009**, 36, 1873.
6. P.A. Maron, C. Mougél, D.P. H. Lejon, E. Carvalho, K. Bizet, G. Marck, N. Cubito et al., Temporal variability of airborne bacterial community structure in an urban area, *Atmos. Environ.* **2006**, 40 (40), 8074-8080.
7. J.L. Radosevich, W.J. Wilson, J.H. Shinn, T.Z. DeSantis, and G.L. Andersen, Development of a high-volume aerosol collection system for the identification of air-borne micro-organisms, *Lett. Appl. Microbiol.* **2002**, 34 (3), 162-167.
8. S.G. Tringe, T. Zhang, X. Liu, Y. Yu, W.H. Lee, J. Yap, F. Yao et al., The airborne metagenome in an indoor urban environment, *PLoS ONE* **2008**, 3 (4), 1-10.
9. R.I. Amann, W. Ludwig, and K.H. Schleifer, Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation, *Microbiol. Rev.* **1995**, 59 (1), 143-169.
10. Z. Wang, T. Reponen, S.A. Grinshpun, R.L. Górny, and K. Willeke, Effect of sampling time and air humidity on the bioefficiency of filter samplers for bioaerosol collection, *J. Aerosol Sci.* **2001**, 32 (5), 661-674.
11. T. Rinsoz, P. Duquenne, G. Greff-Mirguet, and A. Oppliger, Application of real-time PCR for total airborne bacterial assessment: Comparison with epifluorescence microscopy and culture-dependent methods, *Atmos. Environ.* **2008**, 42 (28), 6767-6774.
12. J. Peccia and M. Hernandez, Incorporating polymerase chain reaction-based identification, population characterization, and quantification of microorganisms into aerosol science: A review, *Atmos. Environ.* **2006**, 40 (21), 3941-3961.
13. A.J. Alvarez, M.P. Buttner, and L.D. Stetzenbach, PCR for bioaerosol monitoring: sensitivity and environmental interference, *Appl. Environ. Microb.* **1995**, 61 (10), 3639-3644.
14. M. Moletta-Denat, V. Bru-Adan, J.-P. Delgenes, J. Hamelin, N. Wéry, and J.-J. Godon, Selective microbial aerosolization in biogas demonstrated by quantitative PCR, *Bioresour. Technol.* **2010**, 101 (19), 7252-7257.

15. A. Oppliger, N. Charriere, P.-O. Droz, and T. Rinsoz, Exposure to Bioaerosols in Poultry Houses at Different Stages of Fattening; Use of Real-time PCR for Airborne Bacterial Quantification, *Ann. Occup. Hyg.* **2008**, 52 (5), 405-412.
16. M.T. La Duc, T. Stuecker, and K. Venkateswaran, Molecular bacterial diversity and bioburden of commercial airliner cabin air, *Can. J. Microbiol.* **2007**, 53 (11), 1259-71.
17. S. Osman, M.T. La Duc, A. Dekas, D. Newcombe, and K. Venkateswaran, Microbial burden and diversity of commercial airline cabin air during short and long durations of travel, *ISME J.* **2008**, 2 (5), 482-497.
18. V.R. Després, J.F. Nowoisky, M. Klose, R. Conrad, M.O. Andreae, and U. Pöschl, Characterization of primary biogenic aerosol particles in urban, rural, and high-alpine air by DNA sequence and restriction fragment analysis of ribosomal RNA genes, *Biogeosciences* **2007**, 4, 1127-1141.
19. M. Moletta, J.-P. Delgenes, and J.-J. Godon, Differences in the aerosolization behavior of microorganisms as revealed through their transport by biogas, *Sci. Tot. Environ.* **2007**, 379 (1), 75-88.
20. V. Bru-Adan, N. Wery, M. Moletta-Denat, P. Boiron, J.P. Delgenes, and J.J. Godon, Diversity of bacteria and fungi in aerosols during screening in a green waste composting plant, *Curr. Microbiol.* **2009**, 59 (3), 326-335.
21. O. Le Goff, V. Bru-Adan, H. Bacheley, J.J. Godon, and N. Wéry, The microbial signature of aerosols produced during the thermophilic phase of composting, *J. Appl. Microb.* **2009**, 108 (1), 325-340.
22. L. Mathieu, E. Robine, M. Deloge-Abarkan, S. Ritoux, D. Pauly, P. Hartemann, and D. Zmirou-Navier, Legionella Bacteria in Aerosols: Sampling and Analytical Approaches Used during the Legionnaires Disease Outbreak in Pas-de-Calais, *J. Infect. Dis.* **2006**, 193 (9), 1333-1335.
23. Standard, European Standard for Coarse and Fine Filters, *EN779: 2002*
24. S.F. Altschul, W. Gish, W. Miller, E.W. Myers, and D.J. Lipman, Basic local alignment search tool, *J. Mol. Biol.* **1990**, 215 (3), 403-410.
25. H.P. Horz, M.E. Vianna, B.P. Gomes, and G. Conrads, Evaluation of universal probes and primer sets for assessing total bacterial load in clinical samples: general implications and practical use in endodontic antimicrobial therapy, *J. Clin. Microbiol.* **2005**, 43 (10), 5332-5337.
26. J. Borneman and R.J. Hartin, PCR Primers That Amplify Fungal rRNA Genes from Environmental Samples, *Appl. Environ. Microb.* **2000**, 66 (10), 4356-4360.
27. A. Rueckert and H.W. Morgan, Removal of contaminating DNA from polymerase chain reaction using ethidium monoazide, *J. Microbiol. Meth.* **2007**, 68 (3), 596-600.
28. J.J. Godon, E. Zumstein, P. Dabert, F. Habouzit, and R. Moletta, Molecular microbial diversity of an anaerobic digester as determined by small-subunit rDNA sequence analysis, *Appl. Environ. Microb.* **1997**, 63 (7), 2802-2813.
29. E. Zumstein, R. Moletta, and J.-J. Godon, Examination of two years of community dynamics in an anaerobic bioreactor using fluorescence polymerase chain reaction (PCR) single-strand conformation polymorphism analysis, *Environ. Microbiol.* **2000**, 2 (1), 69-78.

30. J.J. Godon, S. Bayle, M. Leclerc, and J.P. Delgenes, Comparison of 16S ribosomal DNA structure of ten anaerobic digestors, *In Final Program Abstracts, 10th Int. Symp. Microb. Ecol., Cancun, Mexico. 2004*, pp. 176.
31. C. Delbes, R. Moletta, and J.J. Godon, Monitoring of activity dynamics of an anaerobic digester bacterial community using 16S rRNA polymerase chain reaction - single-strand conformation polymorphism analysis, *Environ. Microbiol.* **2000**, 2 (5), 506-515.
32. E. Simpson, Measurement of diversity, *Nature* **1949**, 163, 688.
33. P. Loisel, H. J, O. Zemb, E. Latrille, C. Lobry, J. Delgenes, and J. Godon, Denaturing gradient electrophoresis (DGE) and single-strand conformation polymorphism (SSCP) molecular fingerprintings revisited by simulation and used as a tool to measure microbial diversity., *Environ. Microbiol.* **2006**, 8 (4), 720-31.
34. R.J. Michelland, S. Dejean, S. Combes, L. Fortun-Lamothe, and L. Cauquil, StatFingerprints: a friendly graphical interface program for processing and analysis of microbial fingerprint profiles, *Mol. Ecol. Resour.* **2009**, 9, 1359-1363.
35. D. Vanpeteghem, O. Zemb, and B. Haegeman, Dynamics of neutral biodiversity, *Math. Biosci.* **2008**, 212 (1), 88-98.
36. E.W. Henningson, I. Fängmark, E. Larsson, and L.-E. Wikström, Collection efficiency of liquid samplers for microbiological aerosols, *J. Aerosol Sci.* **1988**, 19 (7), 911-914.
37. C.-C. Tseng and C.-S. Li, Collection efficiencies of aerosol samplers for virus-containing aerosols, *J. Aerosol Sci.* **2005**, 36 (5-6), 593-607.
38. A. Nevalainen, J. Pastuszka, F. Liebhaber, and K. Willeke, Performance of bioaerosol samplers: collection characteristics and sampler design considerations, *Atmos. Environ.* **1992**, 26 (4), 531-540.
39. S. Zhen, K. Li, L. Yin, M. Yao, H. Zhang, L. Chen, M. Zhou et al., A comparison of the efficiencies of a portable BioStage impactor and a Reuter centrifugal sampler (RCS) High Flow for measuring airborne bacteria and fungi concentrations, *J. Aerosol Sci.* **2009**, 40 (6), 503-513.
40. J.A. Klappenbach, P.R. Saxman, J.R. Cole, and T.M. Schmidt, rrndb: the Ribosomal RNA Operon Copy Number Database, *Nucleic Acids Res.* **2001**, 29 (1), 181-184.
41. D. Camuffo, P. Brimblecombe, R. Van Grieken, H.-J. Busse, G. Sturaro, A. Valentino, A. Bernardi et al., Indoor air quality at the Correr Museum, Venice, Italy, *Sci. Tot. Environ.* **1999**, 236 (1-3), 135-152.
42. D. Camuffo, R.V. Grieken, H.-J. Busse, G. Sturaro, A. Valentino, A. Bernardi, N. Blades et al., Environmental monitoring in four European museums, *Atmos. Environ.* **2001**, 35 (1), 127-140.
43. K. Gysels, F. Delalieux, F. Deutsch, R. Van Grieken, D. Camuffo, A. Bernardi, G. Sturaro et al., Indoor environment and conservation in the Royal Museum of Fine Arts, Antwerp, Belgium, *J. Cult. Herit.* **2004**, 5 (2), 221-230.
44. R.L. Górny and J. Dutkiewicz, Bacterial and fungal aerosols in indoor environment in Central and Eastern European countries, *Ann. Agr. Env. Med.* **2002**, 9 (1), 17-23.

45. R.L. Górny, J. Dutkiewicz, E. Krysińska-Traczyk, and R.L. Górny, Size distribution of bacterial and fungal bioaerosols in indoor air, *Ann. Agr. Env. Med.* **1999**, 6 (2), 105-113.
46. W.K. Jo and Y.J. Seo, Indoor and outdoor bioaerosol levels at recreation facilities, elementary schools, and homes, *Chemosphere* **2005**, 61 (11), 1570-1579.
47. J.S. Pastuszka, E. Marchwinska-Wyrwal, and A. Wlazlo, Bacterial aerosol in Silesian hospitals: preliminary results, *Pol. J. Environ. Stud.* **2005**, 14 (6), 883-890.
48. C. Gaüzère, M. Moletta-Denat, F. Boust, S. Moularat, G. Orial, S. Ritoux, E. Robine et al., Etude de la diversité microbienne dans les espaces clos par une approche moléculaire : résultats préliminaires dans un bureau paysager et un musée., 26^{ème} CFA 2011, Paris, France.
49. J.D. Spengler and K. Sexton, Indoor air pollution: a public health perspective, *Science* **1983**, 221 (4605), 9-17.

I.3 ECHANTILLONNAGE INTEGRE

I.3.A Caractéristiques générales

Le recours à un prélèvement intégré se justifie par une meilleure facilité de mise en œuvre (le système est placé sur la gaine de la Centrale de Traitement d'Air (CTA)), une durée de prélèvement plus longue et une totale discrétion. En outre, ce type de système a déjà été mis en œuvre dans d'autres espaces clos (Tringe *et al.*, 2008) pour des études ayant recours à des approches indépendantes de la culture. Le principe de collecte retenu a donc été la filtration. En effet, l'étude précédente (§ 1.2) a mis en évidence l'efficacité de ce type de prélèvement.

Le média utilisé est un filtre plan en cellulose (CAMFIL FARR) de type HEPA 13 décontaminé par autoclavage avant d'être mis en œuvre.

Le dispositif est constitué principalement :

- d'un ventilateur en ligne VC200 de marque ALDES fonctionnant à un débit nominal de 1000 m³/h,
- d'un porte filtre, usiné spécifiquement, qui permet de positionner de façon étanche le filtre plan de 200 mm de diamètre

Le débit de prélèvement effectif du système est de 6,3 m³/h correspondant à une vitesse frontale de 5,3 cm/s avec une perte de charge de 363 Pa. Des mesures, en continu, de la ΔP et du débit sont réalisées avec un manomètre CP200 (KIMO) et un anémomètre CTV200 (KIMO). La durée de prélèvement est fixée à 4 semaines correspondant à un volume d'air de 4 233 m³.

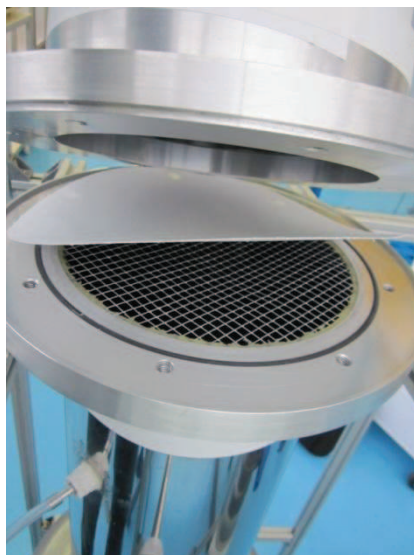


Figure 27 : Photographie du porte filtre avec média filtrant.

Une vérification de l'efficacité de rétention des particules de l'ambiance par leur mesure en amont et en aval du média filtrant de ce dispositif, a été effectuée. Comme attendu, près de 95% des

particules de taille comprise entre 0,3 et 0,4 μm , sont retenues par les filtres neufs ainsi que par les filtres préalablement décontaminés (autoclavés à 120°C pendant 20 minutes).

Nous avons fait le choix de ponctionner l'air directement au niveau de la CTA et plus particulièrement sur la reprise d'air des sites investigués, le réseau assurant, dès lors, le captage et le transport des aérosols vers le dispositif de collecte (Figure 27).

I.3.B Vérification des débits de collecte et de la pression du système de collecte intégré

Le débit de collecte ainsi que la pression est mesurée en continu à l'aide d'une sonde KIMO pendant 4 semaines. Les résultats montrent un maintien du débit de collecte durant les 4 semaines et l'absence d'une diminution de pression durant le prélèvement. Donc, il n'est pas mis en évidence de dégradation du filtre ou de perte de charge durant le temps de collecte.

I.3.C Comparaison prélèvement intégré – prélèvement ponctuel

Différentes vérifications analytiques ont été nécessaires afin de s'assurer de la pertinence d'un système de prélèvement intégré branché sur une centrale de traitement d'air. En effet, l'air investigué lors d'un prélèvement ponctuel dans l'ambiance d'une pièce, est-il équivalent à celui retrouvé dans la gaine aéraulique ?

I.3.C.a Comptages particulaires et granulométrie

Deux Compteurs Optiques de Particules Grimm (COP) calibrés ont été placés dans l'enceinte du bureau paysager et au niveau de gaine aéraulique du bureau en présence et en absence d'occupants (respectivement, les 16 et 17 avril 2010) (Figure 28).

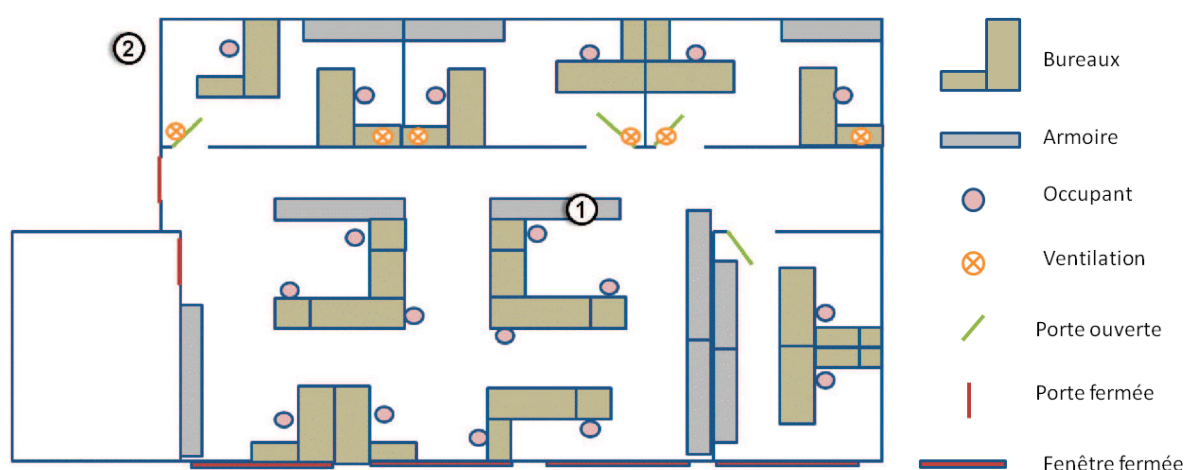


Figure 28 : Schématisation du bureau paysager investigué et positionnement du Compteur Optique de Particules (COP) dans le volume (position 1) et dans la gaine (position 2).

Les vérifications effectuées ont mis en évidence des concentrations en aérosols dans la gaine de reprise comparables à celles de l'ambiance des bureaux (Figure 29).

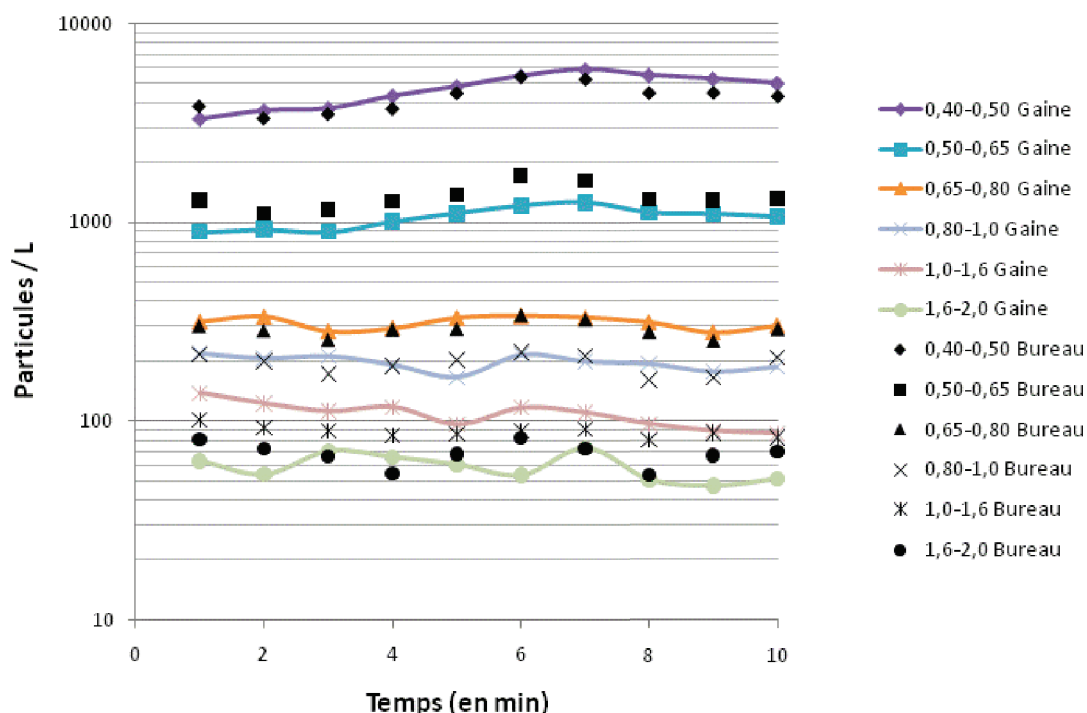


Figure 29 : Suivi de la concentration particulaire par domaine de taille dans le bureau et dans la gaine de reprise d'air.

Entre 93,5 et 94,0% des particules de la gaine et entre 86,4 et 92,4% des particules du volume ont été mesurées dans les deux premiers canaux du COP (diamètre optique des particules entre 0,3 et 0,5 μm). Entre 4,6 et 4,7% des particules de la gaine et entre 5,6 et 9,0% des particules du volume ont été mesurées dans les canaux 3 et 4 du COP (diamètre optique des particules entre 0,5 et 0,8 μm). Moins de 1% de particules observées par le COP étaient entre 2 et 5 μm que ce soit dans la gaine ou dans le volume. Les concentrations totales en particules aéroportées au sein de la gaine variaient entre $7,02 \cdot 10^9$ et $1,35 \cdot 10^{10}$ particules/ m^3 alors qu'au sein du volume elles étaient comprises entre $2,31 \cdot 10^9$ et $6,02 \cdot 10^9$ particules/ m^3 sur une mesure de 4,5 heures.

La Figure 29 décrit la dispersion granulométrique des particules retrouvées dans la gaine et dans le volume du bureau.

La comparaison deux à deux des différents échantillons montre qu'il n'y a pas de différences significatives entre les 4 profils. En effet, l'ensemble des *p-value* des tests de Wilcoxon est supérieur à 0,05 ($p > 0,74$).

Le COP a montré des profils similaires pour chaque jour d'échantillonnage dans la gaine et dans le volume que ce soit en présence ou en absence d'occupants. On observe notamment la présence d'un mode à un diamètre optique de 2,5 μm correspondant au « mode grossier », dans la gaine et dans le volume (Figure 30).

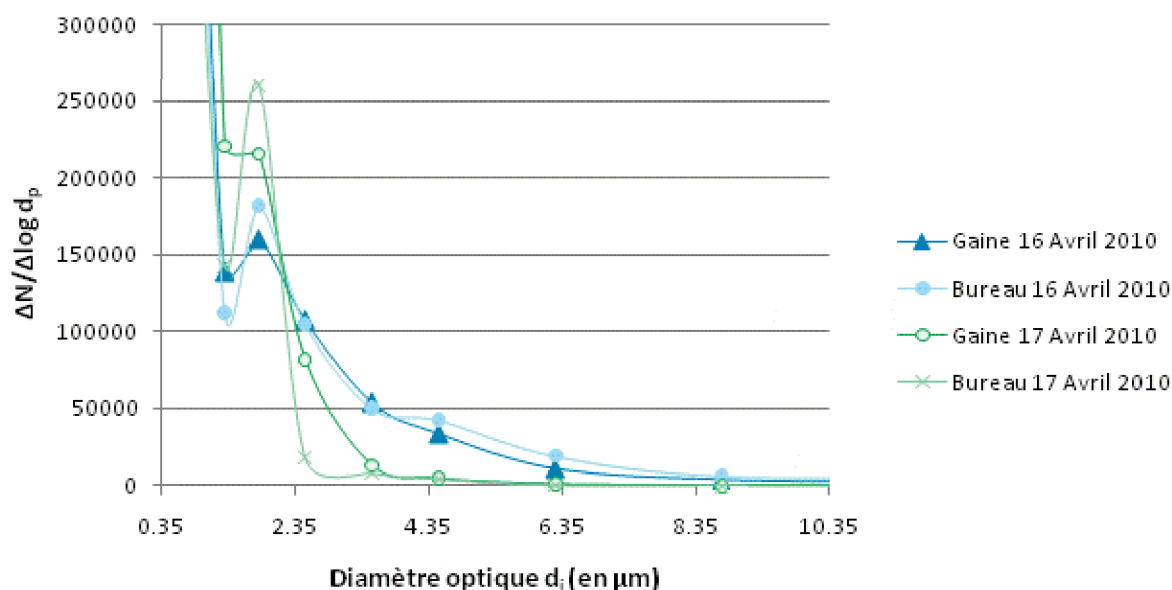


Figure 30 : Profils granulométriques obtenus à partir des mesures faites dans la gaine et dans l'enceinte du bureau les 16 et 17 avril 2010.

I.3.C.b Diversité bactérienne

La même démarche a été appliquée sur des prélèvements biologiques afin de s'assurer de la pertinence d'utiliser un système intégré pour l'étude de la diversité microbienne des espaces clos. Pour cela, deux prélèvements ont été effectués : l'un réalisé dans le volume de la pièce au moyen d'un prélèvement cyclonique et le second, au niveau de la gaine aéraulique transportant l'air de la pièce, par le biais du système intégré développé (Figure 31).

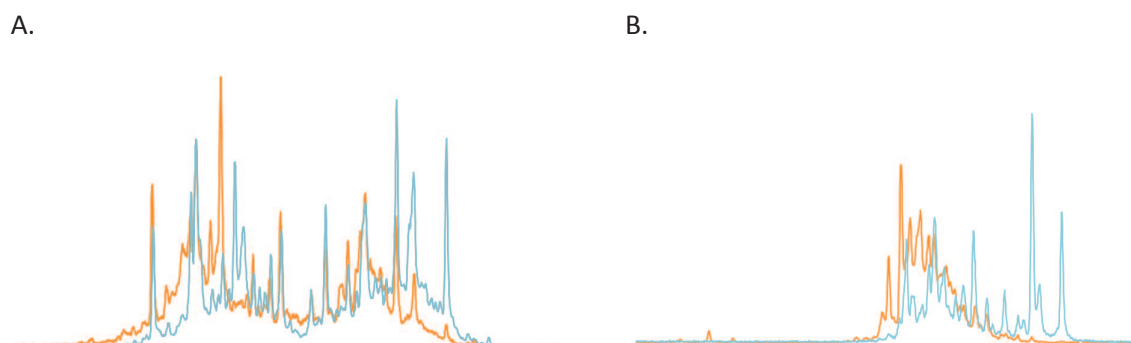


Figure 31 : Profils CE-SSCP obtenus à partir d'un prélèvement cyclonique dans l'enceinte de la pièce (en bleu) et d'un prélèvement intégré dans la gaine aéraulique (en orange). A. Diversité bactérienne globale observée par CE-SSCP. B. Diversité eucaryote globale observée par CE-SSCP.

Les deux profils CE-SSCP Bactéries obtenus sont proches. La similarité mesurée à l'aide du logiciel StatFingerprints indique 97% de similarité entre les deux structures de communauté bactérienne. Pour les eucaryotes, 96% de similarité entre les structures des communautés eucaryotes sont

obtenus pour les deux types de prélèvements. Des valeurs de 98% de similarité ont été observées à partir de deux réplicats d'extraction d'un même prélèvement.

Les résultats obtenus permettent d'envisager une analyse de la microbiologie de l'air pertinente et réaliste par le biais d'un système intégré. Celui-ci a donc été employé pour différents sites d'études : un hôpital, un bureau et un musée.

1.3.C.c Evaluation de la stabilité du filtre lors d'un prélèvement intégré de quatre semaines

Dans le cadre de l'étude globale qui vise à déterminer la diversité microbienne de l'air de différents espaces clos sur une période donnée, un système de filtration intégré a été choisi et conçu par le CSTB. Ce type de système permet, entre autre, de concentrer suffisamment de matériel biologique pour des analyses de séquençage très haut débit. Le but de ces expérimentations sera à terme de réaliser un important inventaire moléculaire.

Les filtres HEPA mis en place lors des prélèvements sont utilisés pour la détermination des microorganismes présents dans l'air et ne doivent donc pas interférer sur la dynamique des environnements microbiens prélevés. C'est pourquoi, l'évolution des filtres a été analysée sur le long terme. Pour cela, une étude de la diversité microbienne a été effectuée toutes les semaines par CE-SSCP afin de déterminer la dynamique biologique à la surface du filtre lors d'un prélèvement intégré de quatre semaines.

Toutes les semaines (durant quatre semaines), 2/8^e du filtre ont été récupérés et ont subi les étapes du protocole d'extraction. Deux huitièmes d'un filtre témoin ont également été analysés chaque semaine, afin de s'assurer de l'absence de contamination à chaque étape du traitement de l'échantillon (Extraction, PCR-SSCP et CE-SSCP) (Figure 32).

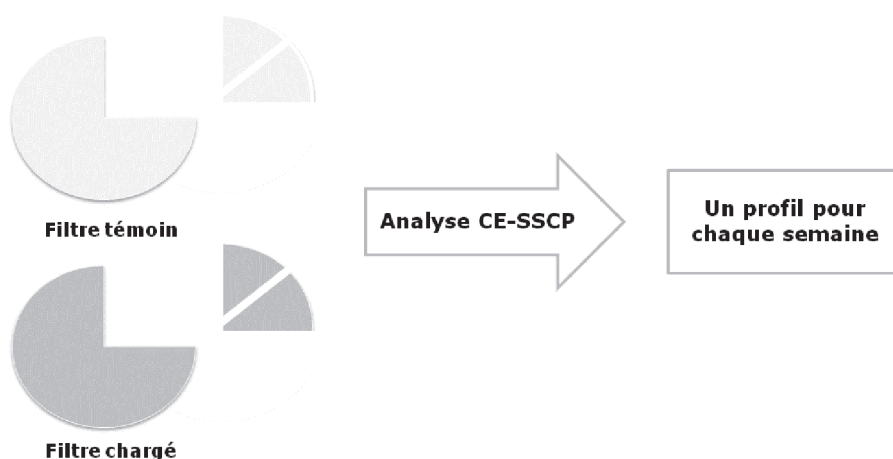


Figure 32 : Représentation schématique de la méthodologie adoptée pour l'étude de la stabilité du filtre sur quatre semaines.

Les diversités microbiennes (Bactéries) de chacun des morceaux de filtre ont été comparées par empreinte moléculaire (analyse CE-SSCP) basée sur la variabilité de l'ADNr 16S (Figure 33).

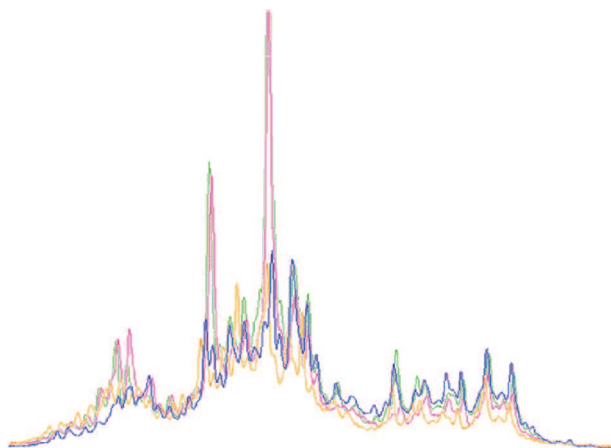


Figure 33 : Suivi des communautés bactériennes à raison d'un profil par semaine.

Toutes les communautés bactériennes ont produit des profils complexes (en moyenne plus de 15 pics).

Les profils obtenus, où chaque pic représente une séquence d'ADNr 16S, sont très proches, montrant des structures de communautés bactériennes similaires et donc l'absence d'une croissance bactérienne contaminante durant les prélèvements. Le filtre ne semble donc pas interférer sur la dynamique des communautés bactériennes présentes à sa surface.

La stabilité des profils obtenus met également en évidence la reproductibilité du protocole expérimental d'analyse à chacune des étapes (extraction, PCR et SSCP).

Au cours des tests en situation du biocollecteur intégré, des échantillons ont été analysés par CE-SSCP toutes les quatre semaines sur une durée d'une année. Les profils obtenus, où chaque pic représente une séquence d'ADNr 16S, sont également très proches (Figure 34).

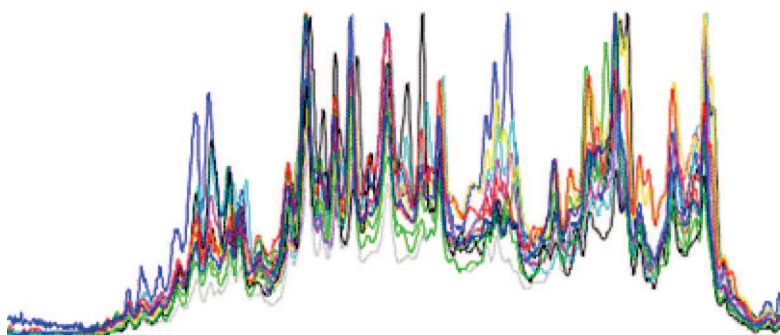


Figure 34 : Suivi des communautés bactériennes sur une durée d'un an.

II PARTIE 2 - ETUDE *IN SITU* DE LA DIVERSITE MICROBIENNE AEROPORTEE

Dans la partie précédente, l'objectif principal de la recherche était de proposer un protocole fiable et efficace pour la caractérisation de la diversité microbienne en aérosols dans les environnements intérieurs par l'utilisation d'outils moléculaires. Cette étude a permis de développer une méthodologie intégrant à la fois l'échantillonnage, l'évaluation de la diversité bactérienne et eucaryote en suspension dans l'air intérieur et les analyses moléculaire ultérieures.

Le système de collecte cyclonique est apparu comme étant le plus efficace en se basant sur les critères définis dans notre étude pour l'analyse des microorganismes aéroportés (aspects quantitatifs et qualitatifs, le coût et la facilité de mise en œuvre).

Cette étude a également fait apparaître la nécessité de recourir à des collecteurs fonctionnant à des débits importants afin de parvenir à la réalisation d'analyses moléculaires dans des conditions optimales.

Afin de maximiser la quantité de microorganismes collectée, et en raison des contraintes (évaporation de l'eau, notamment) de notre biocollecteur, la durée de prélèvement a été fixée à 40 minutes (contre 30, précédemment), soit un volume de 40 m³ d'air échantillonné. Dans l'hypothèse d'un environnement investigué faiblement contaminé avec une fraction cultivable de 10 UFC/m³, 4.10⁵ unités génomiques par échantillon seraient alors collectées, quantité suffisante compte tenu de la sensibilité analytique des techniques moléculaires employées (CE-SSCP et PCRq).

II.1 ARTICLE 2 : STABILITE TEMPORELLE DES AEROSOLS MICROBIENS DANS LE MUSEE DU LOUVRE

Le manque de données moléculaires environnementales sur les microorganismes aéroportés dans les espaces clos a souligné la nécessité de planifier une surveillance de la diversité microbienne. Dans ce contexte, cette étude vise à donner une représentation globale de la diversité et de la dynamique des microorganismes aéroportés d'un ERP (le musée du Louvre) sur une période de six mois.

Notre approche s'est divisée en deux parties. La première, devait permettre d'évaluer la charge microbienne et d'identifier la stabilité ou les variations temporelles des communautés bactériennes et fongiques. La seconde partie a été consacrée à l'étude de la diversité bactérienne et a été appliquée de la même manière à des échantillons choisis au terme de l'analyse préliminaire.

Ce travail devait conduire à une meilleure description des communautés microbiennes rencontrées dans l'air du musée du Louvre.

STABILITY OF AIRBORNE MICROBES IN THE LOUVRE MUSEUM OVER TIME.

Carole Gaüzère^{a*}, Marina Moletta-Denat^a, Hélène Blanquart^b, Stéphanie Ferreira^b, Stéphane Moularat^a, Jean-Jacques Godon^c, Enric Robine^a

^aUniversité Paris-Est, Centre Scientifique et Technique du Bâtiment (CSTB), Laboratoire de Recherche et d'Innovation pour l'Hygiène des Bâtiments, 84, avenue Jean Jaurès - Champs-sur-Marne, 77447 Marne-la-Vallée Cedex 2, France.

^bGenoscreen, Genomic Platform and R&D, Campus de l'Institut Pasteur, 1 rue du Professeur Calmette, 59000 Lille, France.

^cINRA, UR50, Laboratoire de Biotechnologie de l'Environnement (LBE), Avenue des Etangs, 11100 Narbonne, France.

*Corresponding author: carole.gauzere@gmail.com

Telephone number: +33(0).1.64.68.85.17

Fax number: +33(0).1.64.68.88.23

Bioaerosols, indoor air quality, pyrosequencing, Q-PCR, CE-SSCP, Louvre Museum

Abstract

The microbial content of air has as yet been little described, despite its public health implications, and there remains a lack of environmental microbial data on airborne microflora in enclosed spaces. In this context, the aim of this study was to characterise the diversity and dynamics of airborne micro-organisms in the Louvre Museum using high-throughput molecular tools. Thus the microbial community was monitored for a six month period (autumn and winter). The total bacterial and fungal loads as well as the dynamics of the structure of airborne micro-organisms were assessed using Quantitative Real Time Polymerase Chain Reaction, fingerprinting methods and phylogenetic analysis. The quantitative results revealed variations in the concentrations of less than one logarithm, with average values of 10^3 and 10^4 genome equivalent per m^3 for bacteria and fungi, respectively. Our observations highlighted the stability of the indoor airborne community over time, while the corresponding eukaryote community was less stable. Bacterial dynamics seemed to be driven mainly by stable indoor parameters and, more specifically, by the existence of the main source arising from human occupants. On the other hand, eukaryote dynamics seemed to be partially influenced by variable outdoor parameters.

1. Introduction

The proliferation of epidemic alerts due to microbial aerosols and anthropogenic changes of use (urbanization, intensive agriculture, waste treatment, travel, air-conditioning, etc.) has led governments to reconsider the health risks associated with air quality (Angenent et al., 2005). Modern lifestyles mean that populations throughout the world spend increasingly more time indoors, a level reaching about 90% in Western countries. Air is a natural vector of biological materials (pollen, different organic fragments, micro-organisms, etc.). The transmission of infectious agents cannot always be avoided because controlling the dissemination of airborne pathogens is far more difficult than preventing the pathogenic contamination of surfaces, water or food. However, data on the diversity of microbial aerosols in indoor environments, and their spatial or temporal variations still remains scanty. Much more information is needed on this diversity, including fluctuations in its quality and quantity, in order to better understand the role of air in microbes disseminating in indoor environments.

Although the diversity of the cultivable bacteria found in confined spaces is relatively well documented, this field of study has not benefited from recent technological advances such as the use of metagenomic tools and from potential improvements in the description of microbial diversity. Only three studies have investigated the microbial diversity of air in indoor environments since the first inventory of air was compiled by Radosevich et al. in 2002 (Angenent et al., 2005; Osman et al., 2008; Tringe et al., 2008).

This new data concerning the microbial diversity of indoor air has demonstrated the presence of all microbial domains (*Bacteria*, *Eukarya* and *Archaea*) and revealed bacterial diversity which differs from that observed using cultivation techniques.

Because airborne micro-organisms are present at low concentrations, it is a challenge to collect them, particularly when using molecular tools (Tringe et al., 2008). Collection devices with high flow rates or high collection efficiency may be necessary to achieve molecular analysis under optimum conditions (Kejun, 2011; C. Gaüzère, unpublished).

The measurement of total airborne bacteria using Real-time Quantitative Polymerase Chain Reaction (Q-PCR) is now widely applied in medical research as well as in industrial working environments (Nehme et al., 2008; Oppliger et al., 2008; Rinsoz et al., 2008; Moletta-Denat et al., 2010; Just et al., 2011), and, also, in some indoor environments such as commercial airline cabins (La Duc et al., 2007; Osman et al., 2008). It is now accepted that non-viable or as yet-uncultivable micro-organisms can induce allergic, toxic and inflammatory responses (Gorny et al., 2002; Rinsoz et al., 2008) and must be taken into account.

Additionally, little data is available regarding temporal variations in enclosed spaces determined using molecular techniques though indoor environments such as buildings, public places or transport systems, which are currently not studied, are where we spend most of our time in these settings.

The dynamics of the structure of bioaerosol communities have been assessed using molecular fingerprinting techniques and these have already been applied to outdoor air (Maron et al., 2006; Després et al., 2007), biogases (Moletta et al., 2007), composting sites (Bru-Adan et al., 2009) and, recently, to indoor environments such as offices (Kejun, 2011), poultry facilities (Just et al., 2011) and piggery buildings (Nehme et al., 2008).

Only one study on enclosed spaces has monitored bacterial load and diversity using a culture-independent approach; this focused on eight swine confinement buildings by means of visits throughout the year. During this study, total bacterial concentrations were found to be higher in winter than in summer. Despite this result, DGGE profiles and phylogenetic analyses revealed a similar biodiversity in each swine unit during both seasons. These results also suggested that pig slurry might be a potentially important source of the bioaerosol diversity encountered at such sites (Nehme et al., 2008).

Cultivation techniques have been used mainly when the objective has been to monitor variations in bacterial and fungal concentrations or diversity in enclosed spaces. All such studies came to different conclusions. Those by Augustowska and Dutkiewicz (2006) and Aydogdu et al. (2005), focusing on a hospital ward and primary schools respectively, highlighted seasonal variations: the concentration of fungi and bacteria varied as a function of different months. In the same way, Wang et al. (2010) demonstrated different concentrations of fungi and bacteria in commuter trains according to the seasons. In 2006, Cho et al. (2006) measured significantly higher levels of airborne fungi in five subway stations in Seoul when the number of passengers and the frequency of passing trains were the highest. Measurements performed in a Chinese museum also linked the results obtained to human activity (Chen et al., 2010). This study also suggested daily variations in the concentrations of micro-organism. These findings were consistent with those obtained by LeBouf et al. (2008).

In primary schools, Aygdodu et al. (2005) observed a predominance of certain bacterial genera such as *Staphylococcus*, *Corynebacterium* and *Bacillus* and of fungal genera such as *Penicillium*, *Cladosporium* and *Alternaria*. Furthermore, *Staphylococcus*, *Acinetobacter*, *Corynebacterium*, *Propionibacterium* and *Pseudomonas* genera were found during every month of the year.

The lack of environmental data on airborne micro-organisms in enclosed spaces has highlighted the need to develop the monitoring of microbial diversity. In this context, the present study was designed to characterize the diversity and dynamics of airborne micro-organisms in the Louvre Museum using high-throughput molecular tools.

Our study was divided into two parts. The first involved an assessment of the microbial load using molecular tools and the identification of overall variations through time i.e. the stability of bacterial and eukaryote communities. The second part sought to characterise the bacterial diversity of samples of interest as a function of the recorded variations over time, and to identify 'core-species' bacteria.

This objective was to achieve a clearer description of the microbial communities encountered in the air of the Louvre Museum, including both qualitative and quantitative data.

2. Results

Over a six-month period, 12 aerosol samples were collected in the Louvre Museum in order to determine the quantitative and qualitative dynamics of airborne micro-organisms over time.

2.1 Temporal stability of environmental parameters

During the measurement campaign (autumn and winter), the indoor temperature was $21.2^{\circ}\text{C} \pm 2.8^{\circ}\text{C}$ and relative humidity was $41.6\% \pm 9.8\%$. The highest temperature values were recorded in samples D3, D4 and D5, while the highest relative humidity levels occurred in samples D2, D5 and D87. Microclimatic monitoring highlighted homogenous values. During the period analysed (at all sampling times), fluctuations in temperature averaged between about 0.8% and 7.4% and about 1.0% to 9.0% for relative humidity. Outdoor temperatures during the same period were $7.2^{\circ}\text{C} \pm 6.1^{\circ}\text{C}$, with higher values observed for samples D164 and D178 and a lower value for sample D87.

Between 89.7% and 92.5% of indoor particles were measured by the first two OPC channels (particle optical diameter between 0.3 and 0.5 μm). Between 6.5% and 7.8% of indoor particles were measured in OPC channels 3 and 4 (particle optical diameter between 0.5 and 0.8 μm). Less than 1% of the particles observed by the OPC had dimensions between 2 and 5 μm . The total airborne particle concentration in this indoor environment ranged from 2.2×10^7 to 1.1×10^8 particles/ m^3 .

To provide a clearer representation, the particle size distributions were presented on a differential plot between $\Delta n / \Delta \log d_p$ and d_i , which showed the modes of particle size distribution as well as the amount of sample found in each size range along a continuous spectrum (Baron and Willeke, 2005). The corresponding mass and number concentrations of the aerosol particles in different size ranges are shown on Figure 35.

Mean matched comparisons of size distribution measurements did not reveal any significant differences between the five profiles. Indeed, all *p* values obtained using Wilcoxon tests were higher than 0.05 ($p > 0.65$). The number size distributions produced by the Grimm OPC displayed similar profiles for each week of the sampling campaign, containing a peak at an optical diameter of 2.5 μm which corresponded to 'coarse particles' (Figure 35).

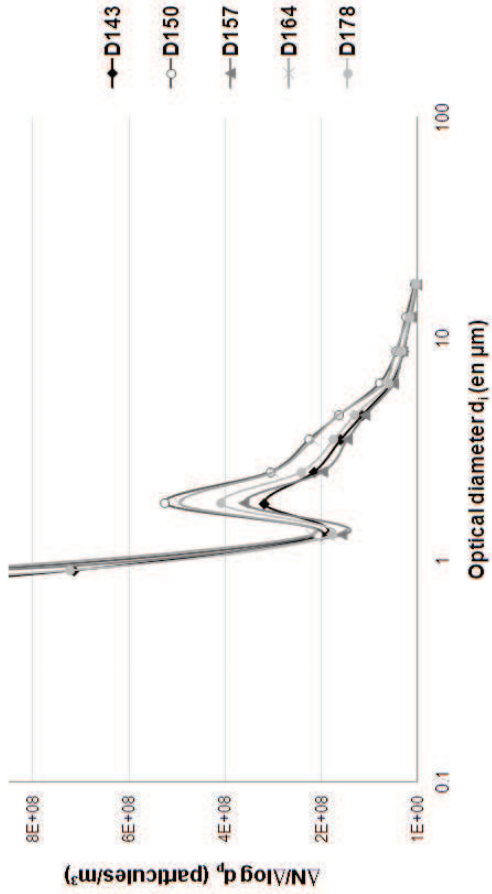


Figure 35 : Particle concentrations measured by the Grimm OPC.

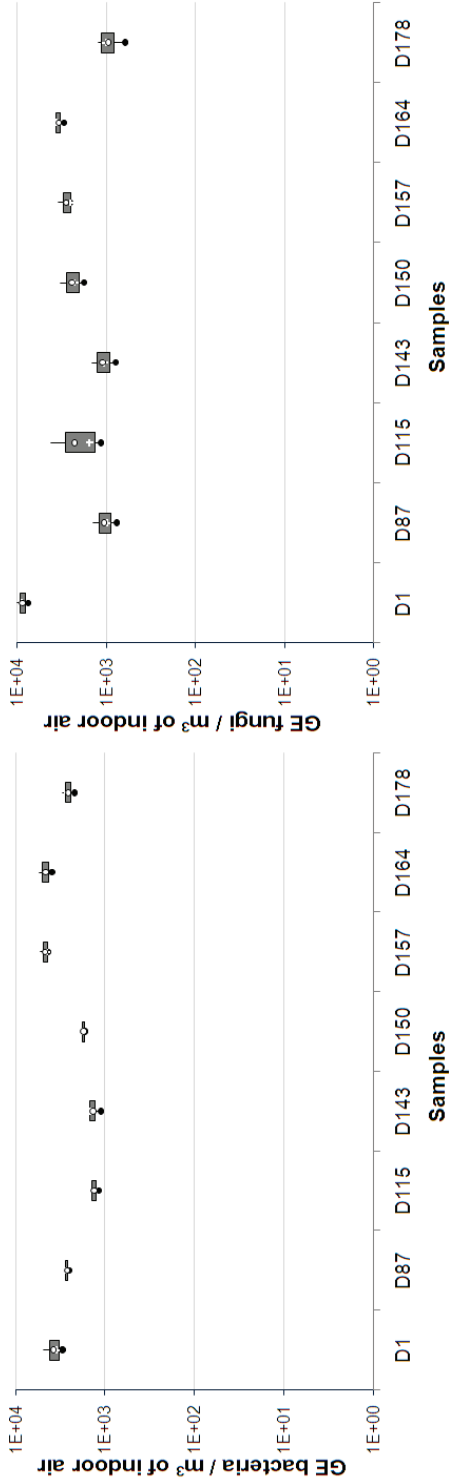


Figure 36 : Temporal monitoring of bacterial (left graphic) and fungal (right graphic) concentrations in the Louvre Museum.

2.2 Temporal stability of bacterial and fungal bioaerosol communities in terms of abundance

Quantitative values for bacterial and fungal concentrations were determined on 12 of the samples collected. Quantitative PCR results are presented herewith, together with the concentration of GE per cubic metre of air as a function of the sample collected.

The microbial concentrations in the samples from the Louvre Museum ranged from 1.1×10^3 to 5.4×10^3 GE bacteria/m³ air and from 1.2×10^3 to 9.9×10^3 GE fungi/m³ air (Figure 36).

The quantitative results revealed variations in the concentration that were smaller than one logarithm with respect to both bacterial and fungal loads.

A Friedman test was performed on all the samples for both bacterial and fungal quantification and did not reveal any significant differences between the values found ($p=0.96$ and 0.2 for bacteria and fungi, respectively). Nor were any significant differences observed between bacterial and fungal values during either weekly and monthly monitoring.

2.3 Temporal stability of bacterial and eukaryal bioaerosols communities at the structure level

The dynamics of the structure of microbial communities were assessed using CE-SSCP applied to the 12 samples collected. As shown in Figure 37, CE-SSCP bacterial profiles were represented in terms of the mean CE-SSCP profile and the standard deviation (+ 2SD).

The presence of similarly-migrating peaks in bacterial profiles suggested that some species were present in all samples. But although each sample collected had a similar bacterial profile, some differences could be observed (relative abundance, missing peaks). All samples appeared to be very similar even when they were collected at short intervals (several days) or longer intervals (several months). A comparison of all profiles revealed 97% similarity, while 98% similarity was observed between two replicates of two independent extraction patterns (data not shown).

By contrast, the structure of eukaryote communities displayed more pronounced differences, a comparison between all profiles producing 93% similarity (Figure 38).

The profiles revealed considerable bacterial richness (more than 20 common peaks in almost all profiles) and a high degree of diversity as shown by the Simpson index values (Table 16). By contrast, with respect to eukaryote richness there were only a limited number of common peaks (Figure 38) and, furthermore, diversity was less complex than that observed for bacteria (a smaller number of peaks and a lower Simpson index) (Table 16).

The common fraction of CE-SSCP profiles, based on the minimum value of each scan, produced values of 55% and 30% respectively for bacteria and eukaryotes.

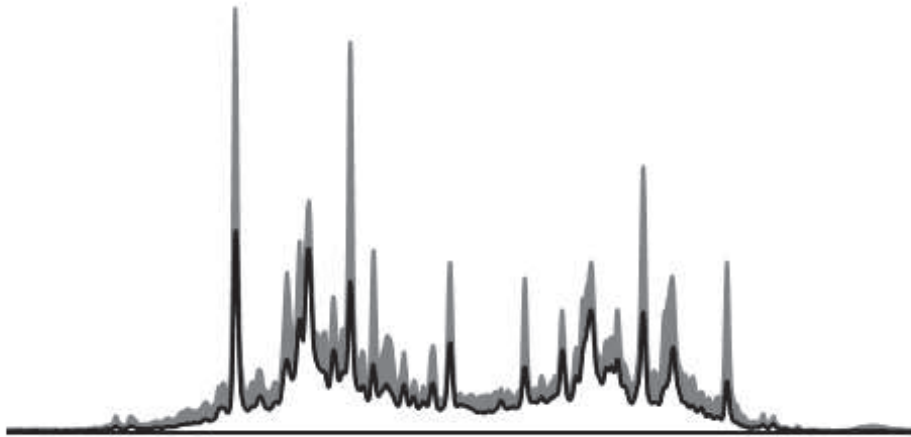


Figure 37 : Representation of the mean bacterial CE-SSCP profile and its standard deviation (+ 2SD).

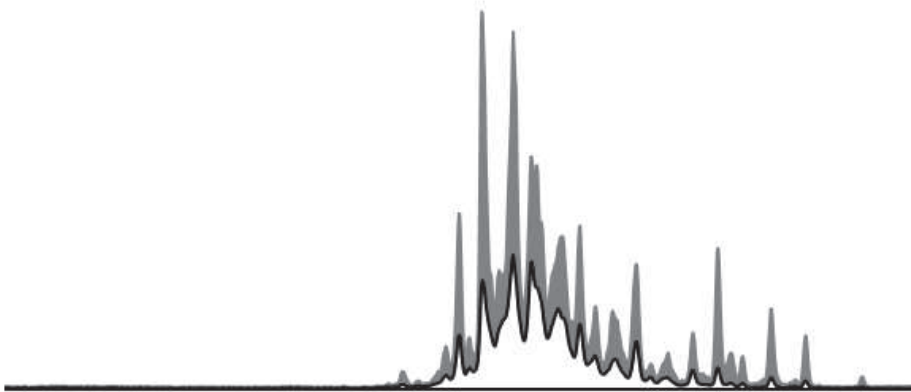


Figure 38 : Representation of the mean eukaryote CE-SSCP profile and its standard deviation (+ 2SD).

Table 16 : Analysis of bacterial diversity in indoor air samples.

CE-CCSP				Pyrosequencing			
Sample	Peak number (Bacteria / Eukarya)	Simpson index (Bacteria / Eukarya)	Number of sequences	Number of phylotypes	Coverage C (%)	S _{chao1} index	Simpson index
Day 1	26 / 11	6.2 / 2.2	6053	1036	62	1257	5.8
Day 2	26 / 12	5.1 / 4.1					
Day 3	27 / 18	5.6 / 4.0					
Day 4	28 / 16	5.6 / 4.5					
Day 5	25 / 12	5.4 / 3.7					
Day 87	29 / 17	5.2 / 4.8					
Day 115	22 / 14	5.0 / 2.5					
Day 143	21 / 16	5.0 / 5.9					
Day 150	26 / 16	5.3 / 4.1					
Day 157	31 / 15	6.0 / 3.3	6880	1261	63	1532	6.0
Day 164	32 / 20	6.0 / 3.9	6558	1374	59	1775	6.1
Day 178	28 / 17	5.7 / 4.7					

Table 17 : Phylogenetic positioning and abundance of bacterial phylotypes in the three indoor bioaerosols. Only phylotypes with an abundance of more than 0.5% in one bioaerosol or more are presented. Phylotypes found in three, two or one samples are presented respectively as white-on-black shading, dark grey shading and light grey shading.

Phylotypes	Percentage of sequences (%)				Closest relatives	Accession number	Similarity (%)
	Day 1	Day 157	Day 164	Total			
Actinobacteria (535 phylotypes, 5157 sequences)							
MILIA 11	1.3	<0.1	<0.1	0.4	bacterium Ellin6023	100	AY234675
MILIA 15	0.9	0.8	1.6	1.1	uncultured bacterium	100	FM874763
MILIA 50	2.1	2.6	3.7	2.8	uncultured bacterium	100	FM874711

MILIA 55	1.1	2.7	2.5	2.1	<i>Micrococcus sp. TUT1210</i>	100	AB188213
MILIA 211	0.5	0.8	1.1	0.8	<i>unidentified bacterium</i>	100	AY345490
MILIA 10	0.7	0	0	0.2	<i>uncultured bacterium</i>	100	HM273602
MILIA 23	0.9	0.5	0.3	0.6	<i>Corynebacterium sp. IMMIB WACC-658</i>	100	FN295567
MILIA 33	0.8	0.1	<0.1	0.3	<i>uncultured bacterium</i>	100	AY958846
MILIA 80	0.6	0.4	0.6	0.5	<i>uncultured bacterium</i>	100	HM308448
MILIA 128	0.3	0.8	0.7	0.6	<i>Kocuria carniphila (T)</i>	99	AJ622907
MILIA 139	0.6	0.2	0.3	0.4	<i>Arthrobacter agilis</i>	100	AF511518
MILIA 142	0.6	0.4	0.2	0.4	<i>Brevibacterium iodinum (T)</i>	100	X83813
MILIA 188	0.1	0.1	0.6	0.3	<i>Corynebacterium genitalium</i>	100	X84253
MILIA 386	0.1	0.6	0.1	0.3	<i>uncultured bacterium</i>	100	AY958846

Alphaproteobacteria (494 phylotypes, 3903 sequences)

MILIA 43	1.4	1.9	0.7	1.3	<i>Paracoccus sp. mdw-1</i>	100	AY819696
MILIA 54	1.1	1.4	1.0	1.2	<i>Paracoccus marcusii (T)</i>	100	Y12703
MILIA 74	1.0	0.1	0.0	0.4	<i>Paracoccus sp. SA5</i>	100	AY864654
MILIA 78	1.0	0.9	1.4	1.1	<i>Sphingomonas sp. eh2</i>	100	AF548567
MILIA 115	1.8	0.2	0.0	0.7	<i>Methylobacterium podarium</i>	100	AY468363
MILIA 159	0.8	1.3	0.5	0.9	<i>Paracoccus marcusii (T)</i>	100	Y12703
MILIA 14	0.8	0.4	0.1	0.4	<i>Brevundimonas vesicularis (T)</i>	100	AJ227780
MILIA 77	0.6	0.0	<0.1	0.2	<i>Methylobacterium podarium</i>	100	AY468363
MILIA 175	0.2	0.7	0.1	0.3	<i>bacterium str. 96446</i>	100	AF227855
MILIA 217	0.2	0.5	0.8	0.5	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	100	FM866280
MILIA 266	0.4	1.0	0.4	0.6	<i>uncultured bacterium</i>	100	DQ856552

Betaproteobacteria (145 phylotypes, 1065 sequences)

MILIA 93	0.7	0.2	0.2	0.4	<i>uncultured Oxalobacteraceae bacterium</i>	100	AY395341
----------	-----	-----	-----	-----	--	-----	----------

MILIA 99	0.9	0.5	0.4	0.6	Burkholderia phenazinium (T)	100	U96936
<i>Gammaproteobacteria</i> (268 phylotypes, 3496 sequences)							
MILIA 1	1.1	0.3	0.4	0.6	unidentified bacterium	100	Z93987
MILIA 9	3.2	3.8	1.4	2.8	uncultured gamma proteobacterium	100	AJ619051
MILIA 13	1.5	1.7	1.4	1.5	Acinetobacter lwoffii	100	AF188302
MILIA 98	1.2	0.6	0.4	0.7	uncultured Pseudomonas sp.	99	DQ234206
MILIA 292	0.8	1.3	0.3	0.8	uncultured bacterium	100	AY907718
MILIA 26	0.7	0.8	0.7	0.7	uncultured bacterium	100	HM822530
MILIA 35	0.6	0.6	0.4	0.5	enrichment culture bacterium LB-P	100	AF538773
MILIA 79	0.6	0.2	0.1	0.3	uncultured Pseudomonas sp.	100	AY082368
MILIA 101	0.7	0.1	0.1	0.3	Acinetobacter sp. RD4355	100	AJ633637
MILIA 112	1.0	0.6	0.6	0.7	Acinetobacter schindleri (T)	100	AJ278311
MILIA 148	0.8	0.2	0.2	0.4	uncultured Aeromonas sp.	100	HM159964
MILIA 198	0.6	0.2	0.2	0.3	Pseudomonas sp.	100	AJ387903
<i>Firmicutes</i> (439 phylotypes, 3052 sequences)							
MILIA 146	0.7	1.0	0.6	0.8	uncultured bacterium	100	AY958839
MILIA 174	0.8	1.2	1.3	1.1	uncultured bacterium	100	DQ532146
MILIA 7	0.9	0	0	0.3	Bacillus massiliensis	100	DQ350816
MILIA 8	0.6	0.2	0.9	0.6	uncultured Streptococcus sp.	100	AF408263
MILIA 108	0.6	0.1	0.0	0.2	Planifilum yunnanense (T)	100	DQ119659
MILIA 135	0.3	0.7	0.6	0.6	uncultured Streptococcus sp.	100	AM420131
MILIA 154	0.6	0.9	0.8	0.7	Staphylococcus succinus (T)	100	AJ320272
MILIA 222	0.6	0.9	0.7	0.7	Staphylococcus epidermidis	100	FJ357586
MILIA 243	0.8	0.0	0.0	0.3	Bacillus sp. TAT105	100	AB066342
MILIA 304	0.3	0.1	0.6	0.3	uncultured bacterium	100	FM873779

2.4 Temporal stability of bacterial bioaerosol communities at the phyla level

Because the CE-SSCP profiles were markedly similar, three environmental samples (D1 and D157/D164 separated by a period of five months and D157 and D164 separated by only one week) were chosen for the phylogenetic analysis.

A total of 52,752 raw 16S rRNA sequences were then sequenced and analyzed from three different air samples in order to characterize the bacterial diversity present in these enclosed spaces. Of these sequences, only 19,491 were validated in terms of quality, length and absence of chimera sequences. The others were removed from the bioinformatics analysis.

In the three bacterial 16S rDNA libraries, all sequences were distributed within 2,577 phylotypes defined at a threshold of 97% similarity.

The similarities based on comparing the sequences were between 100% and 59%. 95.2% of the sequences displayed at least 97% similarity with known sequences found in the RDP public database. By contrast, only 1.3% of the sequences displayed similarity of less than 90% with previously published sequences.

The indoor air sequences belonging to the bacterial domain were analyzed at the phylum level. The phylogenetic identification of each phylotype, as well as its abundance at the different sites, is shown in Table 17, which presents sequences with more than 90% similarity to the closest sequences in the RDP database. Only phylotypes with an abundance higher than 0.5% were included. A table showing the identification of all bacterial phylotypes is included as supplementary material.

Bacterial diversity was represented by 19 different phyla but was largely dominated by *Proteobacteria* and *Actinobacteria* (Figure 39A). The *Proteobacteria* (*Alpha*, *Beta*, *Gamma*, *Delta* and *Epsilon*) phylum was the best represented in the three air samples, with 51.1%, 46.9% and 38.4% of sequences in samples D1, D157 and D164, respectively.

Indeed, of the 2,577 bacterial phylotypes obtained overall for the three samples, 45.5% were assigned to *Proteobacteria* and 26.5% to *Actinobacteria*. The remaining 28.0% were mainly distributed between *Firmicutes* and *Bacteroidetes*. *Alphaproteobacteria* and *Gammaproteobacteria* were better represented in all samples.

Some phyla were uncommon and found in only one indoor air sample: *Chlamydiae*, *Tenericutes*, *OP10* and *Aquificae*. Two non-cultivated phyla were found: *TM7* (0.15% of sequences in sample D1, 0.04% of sequences in D157 and 0.09% of sequences in D164) and *OP10* (0.03% of sequences in sample D164).

The dominant bacteria were represented by *Actinobacteria* genera and *Paracoccus* sp. (in samples D1 and D157) and *Actinobacteria* genera and *Sphingomonas* sp. (in sample D164). *Paracoccus* sp., *Pseudomonas* sp., *Acinetobacter* sp., *Streptococcus* sp. and *Sphingomas* sp. were present in all the studied samples at proportions ranging from 4% to 9%.

The bacterial diversity of indoor bioaerosols was assessed using several parameters including rarefaction curves (Figure 39B), diversity indices and coverage (Table 16).

Based on rarefaction curves constructed from these data and by the analysis of S_{chao1} values, the samples were estimated to contain a total of 1,257, 1,532 and 1,775 separate Operational Taxonomic Units (OTU) for samples D1, D157 and D164, respectively. Bacterial coverage was similar in the three

samples. The Simpson indexes revealed considerable bacterial diversity in all samples, although it was slightly higher in D157 and D164. Moreover, the values given by S_{chao1} also predicted a much higher bacterial diversity in these two samples. The lowest values of the two diversity indexes were obtained for sample D1.

2.5 Temporal stability of bacterial bioaerosols communities at the phylotype level

Among the 2,577 phylotypes found in the three samples, only 303 were common, representing 11.8% of OTU and 58.4% of the total number of sequences obtained from the three samples (Figure 40). Each sample was similarly represented in this overall percentage (18.4% of diversity in D1, 21.3% in D157 and 18.7% in D164). However, these values corresponded to a majority of the total number of sequences found in each sample (59.0% of sequences in D1, 60.3% in D157 and 55.9% in D164).

The 303 representatives of an OTU common to the three sites and belonging to the bacterial domain were analyzed at the phylotype and sub-group levels. The distribution and abundance of phyla in the 303 OTU were the same as those observed previously among the 2,577 phylotypes, with a predominance of *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Firmicutes* and *Bacteroidetes*.

The dominant bacteria were represented by *Actinobacteria* genera, *Paracoccus* sp., *Acinetobacter* sp., *Pseudomonas* sp., *Enhydrobacter* sp., *Sphingomonas* sp., *Staphylococcus* sp. and *Streptococcus* sp.

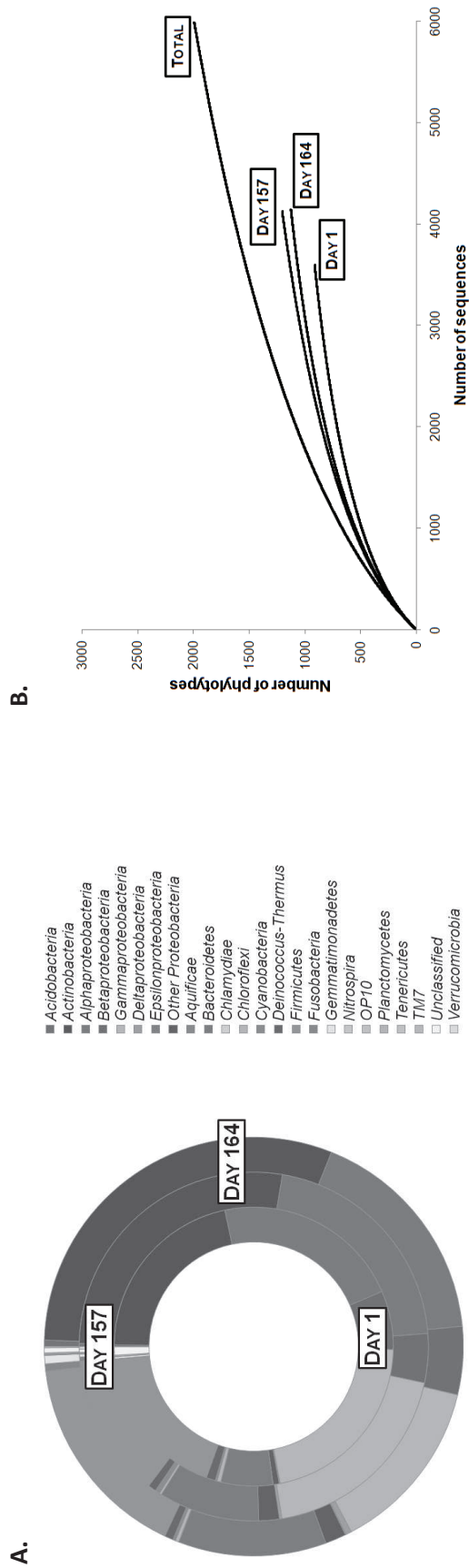


Figure 39 : A. Distribution of microbial phyla in each of the environmental samples. Working from the centre outwards, the circles represent the samples for day 1, day 157 and day 164. B. Rarefaction curves determined from 16S rDNA libraries for indoor bioaerosols.

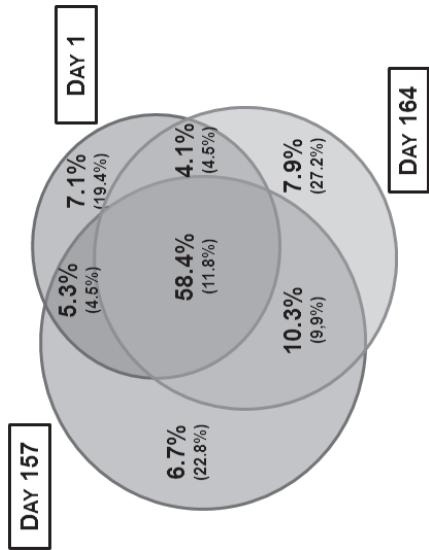


Figure 40 : Sequences were grouped into OTUs at a 97% level of sequence similarity. OTUs overlapping between day 1, day 157 and day 164 samples are shown in the inset. Sequence abundances are presented and OTU abundances are given in brackets.

3. Discussion

During this study, we explored the temporal dynamics of airborne microbes from the Louvre Museum during a 6-month sampling campaign broken down to the day, week and month scales.

Observations performed throughout the campaign were able to link bacterial loads to the total occupancy of the room investigated during the sampling time. Indeed, when room occupancy was low (<100 visitors during the sampling period), the values obtained were below the limit of detection or significantly lower (D2, D3, D4 and D5). Conversely, when room occupancy was higher (during French school holidays, with on average between 150 and more than 300 visitors), the bacterial load could reach values ranging from 3.6×10^3 to 4.7×10^3 GE bacteria/m³ air.

The values obtained were lower than the data obtained previously in the Mona Lisa room of the Louvre Museum and in the Decorative Arts Museum: at the former site, samples yielded between 3.7×10^4 and 4.1×10^4 GE bacteria/m³ air (between 1.5×10^5 and 1.7×10^5 16S copies/m³ considering a value of 4.1 16S gene copies per genome or cells according to Klappenbach et al. (2001)) and between 5.0×10^4 and 5.9×10^4 GE fungi/m³ air; while in the Decorative Arts Museum, the values were between 2.1×10^4 and 2.5×10^4 GE bacteria/m³ air (between 8.6×10^4 and 1.0×10^5 16S copies/m³) and between 1.4×10^4 and 1.7×10^4 GE fungi/m³ (C. Gaüzère, unpublished). These differences could be explained by a more pronounced confinement (room occupancy higher and/or its volume smaller). This was in line with data on other enclosed spaces that might be qualified as confined (industrial environments) where recent findings have revealed significantly higher Q-PCR microbial loads in air samples. In such environments, high concentrations of bacteria were revealed by Q-PCR; for example, values of between 7.7×10^7 and 1.3×10^9 bacterial cells/m³ air were found in poultry houses (Oppliger et al., 2008; Just et al., 2011). In the case of flight cabins (where ventilation rates are lower than those applied in museums), the values recorded ranged from 10^6 to 10^7 16S gene copies/m³ (Osman et al., 2008). Nevertheless, values with a similar order of magnitude for both bacterial and fungal counts were observed on seven sampling dates in urban outdoor air (Lee et al., 2010).

Statistical studies performed on the Q-PCR results also showed no significant variations over time. However, the small number of samples along with problems encountered in analysing certain samples did not enable us to draw a conclusion regarding the dynamics of bacterial and fungal concentrations over time. More exhaustive campaigns will be necessary to provide a realistic picture of the exposure of occupants; and new collection strategies should be considered in order to manage indoor air quality.

Bacterial CE-SSCP findings revealed very similar patterns for the main peaks in all indoor samples. Even with changes to the level of occupancy, no modifications were reflected by the CE-SSCP patterns.

The bacterial diversity encountered during our study appeared to be similar to the bacterial diversity described in studies of other indoor environments which demonstrated a relatively similar breakdown for phyla. Even though the same principal phyla were represented, the proportions differed in all indoor environments and in all samples from the Louvre Museum. Similarities were found regarding the phyla preferentially encountered in various indoor environments (*Actinobacteria*, *Proteobacteria*, *Firmicutes*, *Bacteroidetes*, etc.) and the presence of non-cultivated phylum such as *TM7*.

Physical parameters such as temperature, relative humidity and particle counts displayed stability throughout the collection campaign even though variations were seen in the outdoor atmosphere.

Indoor air can be considered as a microenvironment with stable microclimatic parameters such as particle counts, temperature or relative humidity, as well as stable bacterial diversity. According to our observations, the stability of airborne bacteria in the Louvre Museum might have derived from the constant source provided by its occupants. Although, as a general rule, an outdoor air supply is present in about 20% of enclosed spaces, its effect seems to be negligible. Similar conclusions were reached in the study by Nehme et al. (2008) on bioaerosols collected from the air in piggeries buildings. Indeed, their findings suggested that the absence of modifications to DGGE patterns could be linked to a common origin of the bioaerosols. Furthermore, analyses of phylotype diversity showed that the bioaerosol contamination might have derived from pig faeces.

Because the occupants were one of the links found in indoor environments, it is appropriate to consider humans as a potential source of bioaerosols in enclosed spaces. Moreover, studies describing the diversity of the human skin microbiome have highlighted inter- and intra-personal variations at phylum level, with more pronounced inter-personal variations and a stability of these variations over times (Gao et al., 2007; Grice et al., 2009).

These differences might explain the limited number of variations observed between the abundances of phyla.

The structure of the bacterial community displayed a common signal of 55%, while that of the eukaryote community appeared to be more variable, with a common signal of 30% which, on average, represents half that of bacteria. Based on our data, the diversity of eukaryotes varied in an indoor environment. By examining fungal diversity in an urban area, Lee et al. (2010), demonstrated similar shifts over time in an outdoor environment. We advance the hypothesis that external sources might markedly influence indoor eukaryote loads and communities. Moreover, the Simpson diversity index for bacteria produced values between 5.0 and 6.2, which corresponded to the values observed in compost samples, rumen or gut samples (J.-J. Godon, unpublished). Eukaryote values displayed significant variations and ranged from 2 to 5.9.

To date, ecological studies of airborne biological samples have only been carried out using cultivation-based techniques. Conversely, culture-independent studies have demonstrated the prevalence of Gram-negative bacteria that are rarely found in the literature on cultivable bacteria but which might be found in enclosed spaces; these include *Pseudomonas* sp., *Paracoccus* sp., *Sphingomonas* sp or *Acinetobacter* sp. These differences are not new and might be explained by microbes that are preferentially cultivated, such as particularly resistant species, e.g. *Staphylococcus* sp. (Gilbert and Duchaine, 2009). *Acinetobacter* sp. are present in both environmental and commensal skin microflora and were found in all the air samples during our study. Gao et al. (2007) found that they were associated with common skin flora in six individuals.

These results highlight the need to use more exhaustive methods in order to access the preponderant micro-organisms of microbial diversity in enclosed spaces.

This study has provided a characterization of the diversity and dynamics of airborne micro-organisms in the Louvre Museum. To sum up, the indoor airborne community of bacteria remained very stable over time. Its dynamic was therefore mainly driven by the stable parameters of an indoor environment. The analyses carried out emphasised that bacterial diversity could derive from human

sources in enclosed spaces. By contrast, the indoor airborne community of eukaryotes was less stable, its dynamic being partially influenced by variable outdoor parameters.

4. Experimental Procedures

4.1 Measurement site

Indoor bioaerosol measurements were made during a 6-month sampling campaign between 27 September 2010 and 23 March 2011, in the Louvre Museum. All measurements were made in room 36 on the second floor of the museum's "Richelieu" wing (Figure 41).

The number of visitors to the room was counted during measurements in order to determine occupancy, which proved to be moderate (an average of 250 visitors passing through during the collection of micro-organisms). All measurements were made during the autumn and winter.

Monitoring was carried out at different intervals: every day (D1, D2, D3, D4 and D5), every week (D143, D150, D157, D164 and D178) and every month (D3, D87, D115, D143 and D178) (Table 18).

4.2 Physical parameters

Parameters of the microclimate in the room (temperature and relative humidity) were measured continuously with respect to all samplings (Hanwell ML 4106). Particle counts were performed on the samples collected each week using an Optical Particle Counter (Grimm OPC, Model 1.108). The quantities and size distribution of organic dusts were studied throughout the sampling period. The Grimm OPC thus recorded the number, concentration and size distribution of particles every 6 seconds with 16 measurement channels ranging from 0.3 to 20 μm . The results were expressed in particles/ m^3 .

4.3 Samples collection

Samples were collected using an experimental bioaerosol collector (a cyclone-like device), developed by our laboratory (CSTB) and previously used for the *in situ* sampling of airborne *Legionella* spp. (Mathieu et al., 2006). The aerosols penetrated the sampling device tangentially to the cyclone wall where they impacted. In order to concentrate the aerosol particles collected, the wall was washed constantly with a molecular-grade water flow circulating in a closed loop. The cut-off diameter (d_{50}) of the experimental cyclone was 0.5 μm . Sampling was done under controlled airflow conditions of 1000 L/min for 40 min to sample 40 m^3 of air in 100 mL of molecular-grade water.

The collection system was placed in front of the circulation flow of the room, in a restricted area which separated the room into equal parts. The system was accepted by the public despite the noise generated. The samples were shipped directly to the laboratory where they were pre-treated and stored at -80°C until DNA extraction.

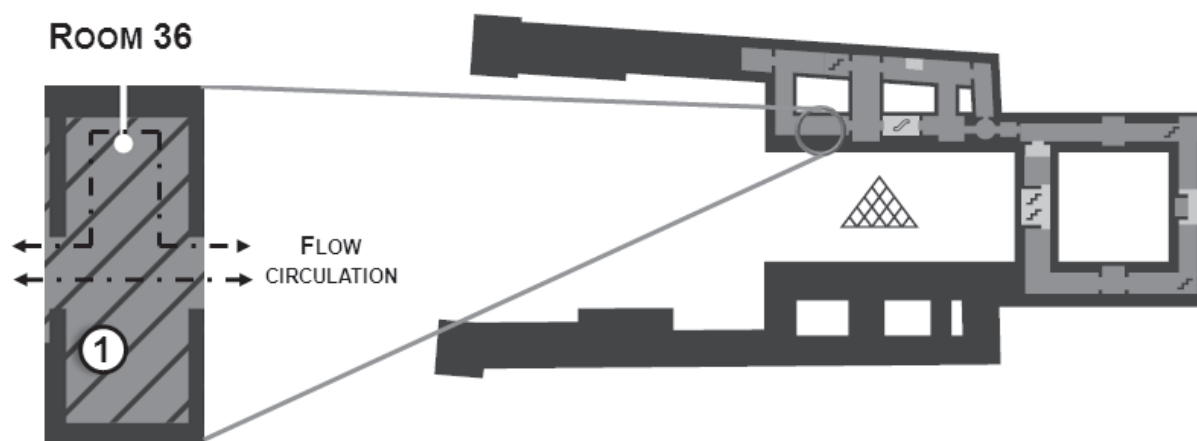


Figure 41 : Location of sampling sites in the Louvre Museum and positioning of the cyclone-like device (reference 1).

Table 18 : Synopsis of information from the samples and the analyses performed.

* Samples for which Q-PCR values were below limits of detection.

Sample	Date	Code	Q-PCR analysis	CE-SSCP analysis	Sequencing
			(Bacteria and Fungi)	(Bacteria and Eukarya)	(Bacteria)
Day 1	27/09/2010	D1	X	X	X
Day 2	28/09/2010	D2	X*	X	-
Day 3	29/09/2010	D3	X*	X	-
Day 4	30/09/2010	D4	X*	X	-
Day 5	01/10/2010	D5	X*	X	-
Day 87	22/12/2010	D87	X	X	-
Day 115	19/01/2011	D115	X	X	-
Day 143	16/02/2011	D143	X	X	-
Day 150	23/02/2011	D150	X	X	-
Day 157	02/03/2011	D157	X	X	X
Day 164	09/03/2011	D164	X	X	X
Day 178	23/03/2011	D178	X	X	-

4.4 Sample preparation

The samples were concentrated by filtering the solution through a 47 mm, 0.2 µm polyestersulfone sterile filter (Supor 200, Pall Corporation, USA). The filter was then cut using a sterile scalpel and each half-filter was placed in a 1.5 mL sterile tube and frozen at -80°C.

4.5 Extraction and purification of total genomic DNA

DNA extraction was performed directly on the filter using a slightly modified version of the protocol described by Moletta et al. (2007). The filter was ground to a powder using a sterile plastic stick while maintained in dry ice. Total DNA was then purified using a QiaAmp DNA microkit (Qiagen, Hilden, Germany) and collected in 50 µL DNA-free water.

After extraction, the DNA was stored at -80°C. An extraction control was produced using molecular-grade water and then passed through all the extraction and amplification stages.

4.6 Real-time PCR (Polymerase Chain Reaction) amplification and quantification

Analysis of the data was carried out on a RotorGene 3000 (Corbett Research, Australia). The calibration curve was generated using RotorGene software, version 6.1.

During this study, two different quantitative real-time PCR systems were used in order to assess concentrations of bacteria and fungi in indoor air. They were all based on 16S and 18S rRNA gene sequences. All primers and the TaqMan® probe were synthesized by Sigma Proligo (Paris, France). The cycle threshold (CT) was calculated as the cycle number at which the reaction became exponential. The cycle threshold of each sample was then compared to a standard curve and the result was expressed as a numerical value of the number of target genomes in the sample. The standard curves were generated by amplifying serial 5-fold dilutions of the total genomic DNA of *Escherichia coli* and *Aspergillus fumigatus*. Concentrations of 2.32×10^6 Genome Equivalent (GE) bacteria/µL and 5.65×10^5 GE fungi/µL of the total genomic DNA solution were determined using the Genequant Pro system (Amersham Biosciences). Each standard was tested in triplicate.

The current specificity of all real-time amplification systems was tested *in silico* using Probematch software for the ARB database and NCBI Blast (Altschul et al., 1990) against all 16S and 18S rRNA gene sequences available in RDP and/or Genbank.

Table 19 : Details of the different primers and probes used for molecular analyses.

Names	Types	Target	Sequences	Positions	References
<i>Real-time Q-PCR</i>					
B01	Primer	Bacteria	5'-TCCTACGGGAGGCAGCAGT-3'	F331-349	Horz et al. (2005)
B02	Primer	Bacteria	5'-GGACTACCAGGGTATCTAATCCTGTT-3'	R772-797	Horz et al. (2005)
B14	Probe	Bacteria	5'-CGTATTACCGCGGCTGCTGGCAC-3'	506-528	Horz et al. (2005)
E07	Primer	Fungi	5'-TTAGCATGGAATAATRRAAATAGGA-3'	F817	Borneman and Hartin (2000)
E08	Primer	Fungi	5'-TCTGGACCTGGTGAGTTTCC-3'	R1196	Borneman and Hartin (2000)
<i>PCR-SSCP</i>					
B22	Primer	Bacteria	5'-ACGGTCCAGACTCCTACGGG-3'	F329-348	Zumstein et al. (2000)
B23	Probe	Bacteria	5'-TTACCGCGCTGCTGGCAC-3'	R515-533	Zumstein et al. (2000)
E04	Primer	Eukaryotes	5'-CTTAATTTGACTCAACACGG-3'	F955	Godon et al. (1997)
E12	Probe	Eukaryotes	5'-GGGCATCACAGACCTGTT-3'	R1195	Godon (2004)

4.6.1 Assessment of total bacterial load

A 441 bp (base pair) fragment of bacterial 16S rDNA was amplified with bacteria-directed primers and a probe set (see details in Table 19) (Horz et al., 2005). PCR was performed using the Quantitect Probe PCR kit (Qiagen), with 12.5 µL Master Mix, 0.25 µL forward primer, 0.25 µL reverse primer and 0.25 µL probe, with water being added to a final volume of 20 µL. 5 µL of the sample were added to the PCR mix. Amplification was carried out under the following conditions: 95°C for 15 min, then 50 cycles at 94°C for 15 s, 60°C for 60 s and 72°C for 20 s. No-template-controls with molecular-grade water, rather than DNA, were included in each run.

Serial dilutions of *Escherichia coli* (DSMZ 5695, ATCC 12435) DNA were used as the standard to determine bacterial concentrations with real-time PCR. All samples were included in triplicate in each run. The reaction efficiency of the standard curve for bacterial load evaluations ranged from 85% to 100%, the correlation coefficient R^2 being >0.99.

4.6.2 Assessment of total fungal load

A 379 bp fragment of fungal 18S rDNA was amplified with fungus-directed primers (see details in Table 19). PCR was performed using the Quantitect Sybr Green PCR kit (Qiagen), with: 12.5 µL Master Mix, 2.25 µL forward primer and 2.25 µL reverse primer, with water being added to a final volume of 20 µL. 5 µL of the sample were added to the PCR mix. Amplification was carried out under the following conditions: 95°C for 15 min, then 45 cycles at 94°C for 15 s, 52°C for 30 s and 72°C for 45 s. No-template-controls with molecular-grade water, rather than DNA, were included in each run.

The Q-PCR system used during this study can be used to amplify the 18S rRNA gene sequence of the four major fungal phyla: *Ascomycetes*, *Basidiomycetes*, *Zygomycetes* and *Chytridomycetes* (Borneman and Hartin, 2000).

Serial dilutions of *Aspergillus fumigatus* DNA (Institut d'Hygiène et d'Epidémiologie in Brussels – Mycology Section) were used as the standard to determine fungal concentrations with real-time PCR. All samples were included in triplicate in each run. The reaction efficiency of the standard curve for fungal load evaluations ranged from 91% to 94% and the correlation coefficient was $R^2 > 0.99$.

4.6.3 Limits of quantification

The limit of quantification was defined using the lowest concentration of the standard within the linear range at which 95% of PCR results were positive. The limit of quantification of the number of GE bacteria or GE fungi per cubic metre of collected air was then calculated for each sample using these values, taking account of the equivalent volume of air used for DNA extraction and the dilution factor applied prior to Q-PCR. In the case of bacteria, the limit of detection was 1.9×10^2 GE/m³ air. For the fungal system, the limit of detection (LD) was 9.0×10^1 GE/m³ air and was given by the smallest dilution of the amplified range. The limit of detection values found for fungi lower than for bacteria, mainly because of the presence in Q-PCR reagents of contaminating rRNA gene sequences arising from the manufacturing process (Rueckert and Morgan, 2007).

Lower GE numbers (10^2) was observed in four of the five daily samples (D2 to D5) which coincided with difficulties in amplifying sufficient 16S or 18S rRNA gene fragments for subsequent quantification by Q-PCR. These samples were withdrawn from the analysis (Table 18).

The dispersion of values using this collecting system was based on an analysis of the Q-PCR standards performed in triplicate, and were found to be those typical in the quantitative experiment; i.e. 8%. The dispersion observed for Q-PCR triplicate analyses was 3%.

4.7 CE-SSCP (Capillary Electrophoresis Single Strand Conformation Polymorphism) analysis and structure of the microbial community

4.7.1 PCR amplification

Five microliters of total DNA were used for each PCR-SSCP amplification. The B22 and B23* were used to amplify the V3 16S rDNA bacterial region (Zumstein et al., 2000). The eukaryotic primers used for 18S V7 ribosomal DNA were E04 and E12*

Five microlitres of total DNA were used for each PCR-SSCP amplification. B22 and B23* were used to amplify the V3 16S rDNA bacterial region (Zumstein et al., 2000). The eukaryotic primers used for 18S V7 ribosomal DNA were E04 and E12* (see details in Table 19) (Godon et al., 1997; Godon et al., 2004). The PCR-SSCP amplification mix contained 1.25 units of *Pfu Turbo* (Stratagene, La Jolla, California), 5 µL 10X buffer, 200 µM dNTPs, and 130 ng of each primer, with water added to make up a final volume of 50 µL. The thermal profile used to amplify ribosomal RNA genes was as follows: incubation at 94°C for 2 min, then 30 cycles of denaturation at 94°C for 30 s, 61°C for 30 s and 72°C for 30 s and a final elongation of 10 min at 72°C. The same thermal amplification profile was used for Eukaryota, except that the annealing temperature was 51°C.

4.7.2 CE-SSCP analysis

Global microbial communities were studied by CE-SSCP analysis using an ABI310 system (Applied Biosystems) on all samples with 1 µL of extracted DNA, in accordance with CE-SSCP amplification methods previously described (Delbes et al., 2000).

4.7.3 Analysis of CE-SSCP profiles and calculation of the diversity index

Diversity indexes can be calculated by taking account of either the number of peaks on the fingerprint profile or the number of peaks and their relative abundances (area or height under each peak of the fingerprint profile). The following diversity indexes are available: peak number (often named Richness), and Simpson's minus logarithm, under which normalization is calculated as $D = -\log \sum a_i^2$ where a_i is the relative abundance of each peak. This ranges from 0 (a single peak) to infinity (an infinite number of peaks of equal abundance). This index was calculated for all the samples analyzed with CE-SSCP fingerprinting using StatFingerprints (Loisel et al., 2006; Vanpeteghem et al., 2008; Michelland et al., 2009).

The minimum value of each scan was extracted from the overall profiles in order to determine a percentage stability of each profile.

4.8 16S rRNA gene sequencing

The samples were amplified using the following primers: bacterial forward primers (5'-CCATCTCATCCCTGCGTGTCTCCGACTCAGACGAGTGC GTGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA-3' for D1; 5'-CCATCTCATCCCTGCGTGTCTCCGACTCAGAGACGCACTCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA-3' for W3 and 5'-CCATCTCATCCCTGCGTGTCTCCGACTCAGAGCACTGTAGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATA-3' for W4) and a reverse primer (5'-CCTATCCCCTGTGTGCCTTGGCAGTCTCAGGGGCATCACAGACCTGTT-3'). DNA aliquots of each sample were used for a 50 µL PCR reaction. SSU ribosomal DNA fragments with an average size of 270 pb were amplified to build up three bacteria libraries. The Gene Amp High Fidelity PCR system (Applied Biosystems) was used for PCR under the following conditions: 95 °C for 10 min followed by 30 cycles of 95 °C for 30 s; 50 °C for 30 s and 72 °C for 1 min; and a final elongation step at 72 °C for 10 min. All amplicon products from different samples were purified using Agencourt AmPure XP beads (Agencourt Bioscience Corporation, MA, USA). The purification step was checked on Agilent DNA 1000 chips (Agilent Technologies) and the amplicons were sequenced using 454 GS-FLX Titanium (Roche).

4.9 Sequences analyses

Each sequence was cleaned of its primers, and all shorter sequences (>150 bp) were removed using the initial process of the RDP pyrosequencing pipeline. The sequences were then checked for chimeras, aligned, and a distance matrix was generated using MOTHUR (v.1.20.0) (Schloss et al., 2009). Phylotypes were defined at the level of 97% similarity using the DOTUR program (Schloss and Handelsman, 2005). One representative of each phylotype was compared with the RDP public database (Cole et al., 2007; Cole et al., 2009) using the SEQMATCH program (v.10.27). Rarefaction curves and diversity indexes were generated by DOTUR at 97% of similarity. The identification of common phylotypes in the different air samples was ensured using DOTUR and MOTHUR programs.

One sequence for each phylotype was deposited in the GenBank database. The accession numbers of bacterial nucleotide sequences were FQ077208–FQ079780.

4.10 Statistical analyses

Matched means for size distribution measurements were compared using a non-parametric Wilcoxon test. The type I error rate was 0.05.

The normality of the distribution of Q-PCR results was studied using the Shapiro–Wilk test method.

Due to the small number of samples available (n=24), non-parametric statistical tests were used. In order to compare the means for Q-PCR findings, a Friedman test was run. The type I error rate was 0.05.

Acknowledgements

This research was supported by the DGA, the CSTB, the INRA-LBE and GENOSCREEN. The authors wish to thank all those who contributed to this study and particularly Joëlle Le Roux from the Louvre Museum. They also gratefully acknowledge the contributions of Sabine Gaüzère regarding automated sequences analyses and Valérie Bru-Adan and Anaïs Bonnafeous who provided valuable assistance with SSCP analyses.

References:

- Altschul, S.F., Gish, W., Miller, W., Myers, E.W., and Lipman, D.J. (1990) Basic local alignment search tool. *J Mol Biol* 215: 403-410.
- Angenent, L.T., Kelley, S.T., Amand, A.S., Pace, N.R., and Hernandez, M.T. (2005) Molecular identification of potential pathogens in water and air of a hospital therapy pool. *Proc Natl Acad Sci U S A* 102: 4860-4865.
- Augustowska, M., and Dutkiewicz, J. (2006) Variability of airborne microflora in a hospital ward within a period of one year. *Ann Agr Env Med* 13: 99-106.
- Aydogdu, H., Asan, A., Otkun, M.T., and Ture, M. (2005) Monitoring of Fungi and Bacteria in the Indoor Air of Primary Schools in Edirne City, Turkey. *Indoor Built Environ* 14: 411-425.
- Baron, P., and Willeke, K. (2005) *Aerosol Measurement; Principles, Techniques, and Applications*: John Wiley & Sons.
- Borneman, J., and Hartin, R.J. (2000) PCR Primers That Amplify Fungal rRNA Genes from Environmental Samples. *Appl Environ Microbiol* 66: 4356-4360.
- Bru-Adan, V., Wery, N., Moletta-Denat, M., Boiron, P., Delgenes, J.P., and Godon, J.J. (2009) Diversity of bacteria and fungi in aerosols during screening in a green waste composting plant. *Curr Microbiol* 59: 326-335.
- Chen, Y.P., Cui, Y., and Dong, J.G. (2010) Variation of airborne bacteria and fungi at Emperor Qin's Terra-Cotta Museum, Xi'an, China, during the "Oct. 1" gold week period of 2006. *Environ Sci Pollut R* 17: 478-485.
- Cho, J.H., Hee Min, K., and Paik, N.W. (2006) Temporal variation of airborne fungi concentrations and related factors in subway stations in Seoul, Korea. *Int J Hyg Envir Heal* 209: 249-255.
- Cole, J.R., Chai, B., Farris, R.J., Wang, Q., Kulam-Syed-Mohideen, A.S., McGarrell, D.M. et al. (2007) The ribosomal database project (RDP-II): introducing myRDP space and quality controlled public data. *Nucleic Acids Res* 35: 169-172.
- Cole, J.R., Wang, Q., Cardenas, E., Fish, J., Chai, B., Farris, R.J. et al. (2009) The Ribosomal Database Project: improved alignments and new tools for rRNA analysis. *Nucleic Acids Res* 37: 141-145.
- Delbes, C., Moletta, R., and Godon, J.J. (2000) Monitoring of activity dynamics of an anaerobic digester bacterial community using 16S rRNA polymerase chain reaction - single-strand conformation polymorphism analysis. *Environ Microbiol* 2: 506-515.
- Després, V.R., Nowoisky, J.F., Klose, M., Conrad, R., Andreae, M.O., and Pöschl, U. (2007) Characterization of primary biogenic aerosol particles in urban, rural, and high-alpine air by DNA sequence and restriction fragment analysis of ribosomal RNA genes. *Biogeosciences* 4: 1127-1141.
- Gao, Z., Tseng, C.-h., Pei, Z., and Blaser, M.J. (2007) Molecular analysis of human forearm superficial skin bacterial biota. *Proc Natl Acad Sci U S A* 104: 2927-2932.
- Gilbert, Y., and Duchaine, C. (2009) Bioaerosols in industrial environments: a review. *Can J Civil Eng* 36: 1873.
- Godon, J.-J., Zumstein, E., Dabert, P., Habouzit, F., and Moletta, R. (1997) Microbial 16S rDNA diversity in an anaerobic digester. *Water Sci Technol* 36: 49-57.

- Godon, J.J., Bayle, S., Leclerc, M., and Delgenes, J.P. (2004) Comparison of 16S ribosomal DNA structure of ten anaerobic digestors. In Final Program Abstracts, 10th ISME, Cancun, Mexico: pp. 176.
- Gorny, R.L., Reponen, T., Willeke, K., Schmechel, D., Robine, E., Boissier, M., and Grinshpun, S.A. (2002) Fungal fragments as indoor air biocontaminants. *Appl Environ Microbiol* 68: 3522-3531.
- Grice, E.A., Kong, H.H., Conlan, S., Deming, C.B., Davis, J., Young, A.C. et al. (2009) Topographical and Temporal Diversity of the Human Skin Microbiome. *Science* 324: 1190-1192.
- Horz, H.P., Vianna, M.E., Gomes, B.P., and Conrads, G. (2005) Evaluation of universal probes and primer sets for assessing total bacterial load in clinical samples: general implications and practical use in endodontic antimicrobial therapy. *J Clin Microbiol* 43: 5332-5337.
- Just, N., Kirychuk, S., Gilbert, Y., Létourneau, V., Veillette, M., Singh, B., and Duchaine, C. (2011) Bacterial diversity characterization of bioaerosols from cage-housed and floor-housed poultry operations. *Environ Res* 111: 492-498.
- Kejun, L. (2011) Molecular comparison of the sampling efficiency of four types of airborne bacterial samplers. *Sci Total Environ* 409: 5493-5498.
- Klappenbach, J.A., Saxman, P.R., Cole, J.R., and Schmidt, T.M. (2001) rrndb: the Ribosomal RNA Operon Copy Number Database. *Nucleic Acids Res* 29: 181-184.
- La Duc, M.T., Stuecker, T., and Venkateswaran, K. (2007) Molecular bacterial diversity and bioburden of commercial airliner cabin air. *Can J Microbiol* 53: 1259-1271.
- LeBouf, R., Yesse, L., and Rossner, A. (2008) Seasonal and diurnal variability in airborne mold from an indoor residential environment in northern New York. *J Air Waste Manag Assoc* 58: 684-692.
- Lee, S.-H., Lee, H.-J., Kim, S.-J., Lee, H.M., Kang, H., and Kim, Y.P. (2010) Identification of airborne bacterial and fungal community structures in an urban area by T-RFLP analysis and quantitative real-time PCR. *Sci Total Environ* 408: 1349-1357.
- Loisel, P., J, H., Zemb, O., Latrille, E., Lobry, C., Delgenes, J., and Godon, J. (2006) Denaturing gradient electrophoresis (DGE) and single-strand conformation polymorphism (SSCP) molecular fingerprintings revisited by simulation and used as a tool to measure microbial diversity. *Environ Microbiol* 8: 720-731.
- Maron, P.A., Mougél, C., H. Lejon, D.P., Carvalho, E., Bizet, K., Marck, G. et al. (2006) Temporal variability of airborne bacterial community structure in an urban area. *Atmos Environ* 40: 8074-8080.
- Mathieu, L., Robine, E., Deloge-Abarkan, M., Ritoux, S., Pauly, D., Hartemann, P., and Zmirou-Navier, D. (2006) Legionella Bacteria in Aerosols: Sampling and Analytical Approaches Used during the Legionnaires Disease Outbreak in Pas-de-Calais. *J Infect Dis* 193: 1333-1335.
- Michelland, R.J., Dejean, S., Combes, S., Fortun-Lamothe, L., and Cauquil, L. (2009) StatFingerprints: a friendly graphical interface program for processing and analysis of microbial fingerprint profiles. *Mol Ecol Resour* 9: 1359-1363.
- Moletta-Denat, M., Bru-Adan, V., Delgenes, J.-P., Hamelin, J., Wéry, N., and Godon, J.-J. (2010) Selective microbial aerosolization in biogas demonstrated by quantitative PCR. *Bioresource Technol* 101: 7252-7257.

- Moletta, M., Delgenes, J.-P., and Godon, J.-J. (2007) Differences in the aerosolization behavior of microorganisms as revealed through their transport by biogas. *Sci Total Environ* 379: 75-88.
- Nehme, B., Létourneau, V., Forster, R.J., Veillette, M., and Duchaine, C. (2008) Culture-independent approach of the bacterial bioaerosol diversity in the standard swine confinement buildings, and assessment of the seasonal effect. *Environ Microbiol* 10: 665.
- Oppliger, A., Charriere, N., Droz, P.-O., and Rinsoz, T. (2008) Exposure to Bioaerosols in Poultry Houses at Different Stages of Fattening; Use of Real-time PCR for Airborne Bacterial Quantification. *Ann Occup Hyg* 52: 405-412.
- Osman, S., La Duc, M.T., Dekas, A., Newcombe, D., and Venkateswaran, K. (2008) Microbial burden and diversity of commercial airline cabin air during short and long durations of travel. *ISME J* 2: 482-497.
- Radosevich, J.L., Wilson, W.J., Shinn, J.H., DeSantis, T.Z., and Andersen, G.L. (2002) Development of a high-volume aerosol collection system for the identification of air-borne micro-organisms. *Lett Appl Microbiol* 34: 162-167.
- Rinsoz, T., Duquenne, P., Greff-Mirguet, G., and Oppliger, A. (2008) Application of real-time PCR for total airborne bacterial assessment: Comparison with epifluorescence microscopy and culture-dependent methods. *Atmos Environ* 42: 6767-6774.
- Rueckert, A., and Morgan, H.W. (2007) Removal of contaminating DNA from polymerase chain reaction using ethidium monoazide. *J Microbiol Meth* 68: 596-600.
- Schloss, P.D., and Handelsman, J. (2005) Introducing DOTUR, a Computer Program for Defining Operational Taxonomic Units and Estimating Species Richness. *Appl Environ Microbiol* 71: 1501-1506.
- Schloss, P.D., Westcott, S.L., Ryabin, T., Hall, J.R., Hartmann, M., Hollister, E.B. et al. (2009) Introducing mothur: Open Source, Platform-independent, Community-supported Software for Describing and Comparing Microbial Communities. *Appl Environ Microbiol* 75: 7537-7541.
- Tringe, S.G., Zhang, T., Liu, X., Yu, Y., Lee, W.H., Yap, J. et al. (2008) The airborne metagenome in an indoor urban environment. *PLoS ONE* 3: 1-10.
- Vanpeteghem, D., Zemb, O., and Haegeman, B. (2008) Dynamics of neutral biodiversity. *Math Biosci* 212: 88-98.
- Wang, Y.-F., Wang, C.-H., and Hsu, K.-L. (2010) Size and seasonal distributions of airborne bioaerosols in commuting trains. *Atmos Environ* 44: 4331-4338.
- Zumstein, E., Moletta, R., and Godon, J.-J. (2000) Examination of two years of community dynamics in an anaerobic bioreactor using fluorescence polymerase chain reaction (PCR) single-strand conformation polymorphism analysis. *Environ Microbiol* 2: 69-78.

II.2 ARTICLE 3 : SIGNATURE BACTERIENNE ET ORIGINE DES BACTERIES DE L'AIR DES ENVIRONNEMENTS INTERIEURS.

Les résultats obtenus et décrits dans la partie précédente, permettent d'envisager une analyse de la microbiologie de l'air pertinente et réaliste par le biais d'un système intégré. Celui-ci a donc été employé pour différents sites d'études : un lieu dit sensible de part une forte concentration de population (un musée) ou de part la vulnérabilité des populations qu'on y rencontre (un établissement de soins), enfin un environnement où les occupants sont susceptibles de subir une durée d'exposition prolongée (un bureau).

Cette stratégie permet ainsi de collecter les aérosols sur une zone plus étendue tout en limitant au maximum la gêne des occupants et en collectant une matrice ADN suffisante pour les analyses envisagées.

Actuellement, le manque de données moléculaires environnementales sur les microorganismes aéroportés dans les espaces clos ainsi que sur l'environnement d'origine des séquences, ne permet pas une description de la diversité bactérienne de l'air intérieur dans sa globalité.

Dans ce contexte, l'objectif de cette étude était de caractériser la diversité bactérienne de l'air intérieur, en particulier, les « *core species* », les pathogènes opportunistes et l'origine des bactéries à l'intérieur, dans trois différents espaces clos, avec trois niveaux d'occupation (faible pour le bureau, élevé pour le musée et moyenne pour l'hôpital).

Les résultats obtenus dans le cadre de cette étude, sont présentés dans un article soumis à *FEMS Microbiology Ecology*.

‘CORE SPECIES’ IN THREE SOURCES OF INDOOR AIR BELONGING TO THE HUMAN MICRO-ENVIRONMENT TO THE EXCLUSION OF OUTDOOR AIR.

‘Core species’ in indoor air

Carole Gaüzère^{a*}, Jean-Jacques Godon^b, Hélène Blanquart^c, Stéphanie Ferreira^c, Stéphane Moularat^a, Enric Robine^a, Marina Moletta-Denat^a

^aUniversité Paris-Est, Centre Scientifique et Technique du Bâtiment (CSTB), Laboratoire de Recherche et d’Innovation pour l’Hygiène des Bâtiments, 84, avenue Jean Jaurès - Champs-sur-Marne, 77447 Marne-la-Vallée Cedex 2, France.

^bINRA, UR50, Laboratoire de Biotechnologie de l’Environnement (LBE), Avenue des Etangs, 11100 Narbonne, France.

^cGenoscreen, Genomic Platform and R&D, Campus de l’Institut Pasteur, 1 rue du Professeur Calmette, 59000 Lille, France.

* Corresponding author: carole.gauzere@gmail.com

Telephone number: +33(0).1.64.68.85.17

Fax number: +33(0).1.64.68.88.23

Bioaerosols, ‘core species’, indoor air quality, pyrosequencing

Abstract

Although we spend the majority of our lives indoors, the airborne microbial content of enclosed spaces is still poorly described. In this context, the objective of this study was to characterize the bacterial diversity of indoor air in three different enclosed spaces with three levels of occupancy and, in particular, to highlight the 'core species', opportunistic pathogens and sources of indoor bacteria. Our findings provide an overall description of bacterial diversity in these indoor environments. Data gathered from the three enclosed spaces revealed the presence of a common indoor signature (60% of total sequences in common). This work will provide a clearer understanding of the dominant groups of bacteria encountered in enclosed spaces: *Actinobacteria*, *Proteobacteria*, *Firmicutes* and *Bacteroidetes*. Thus, certain evidence revealed a connection between 'core species' and the human micro-environment (20% of phylotypes and 12% of sequences of human origin). Overall PCA analysis showed that the indoor environment may be influenced mainly by the microbial diversity from nose and skin. Among the 'core species' found during this study, a large number (72% of all pathogen-related sequences were concentrated in 'core species') of genera and species are known to be responsible for opportunistic or nosocomial diseases or to include human commensal bacteria such as *Mycobacterium* sp., *Acinetobacter baumannii*, *Aerococcus viridians*, *Thermoactinomyces vulgaris* or *Clostridium perfringens*.

1. Introduction

Which element is the most widely shared by human beings? Neither food nor water but air. This unavoidable sharing, a potential vector of many diseases, has increased exponentially in recent years due to changes to our lifestyle. Indoor air accounts for only 0.3 millionth of tropospheric air. The Earth's population continues to grow, people are travel more, but 50% of them live in urban areas and spends up to 90% of their lifetime indoors (children in day care, nursing homes, dwellings, offices, transport systems, public buildings, etc.). This is why assessing the risks associated with micro-organisms in enclosed spaces has become so necessary (Höppe and Martinac, 1998). Despite concern with public health, the microbial content of indoor air as well as the role of air in spreading pathogens remain poorly described in comparison to other environments such as outdoor air, soil, food or water. The result is that indoor air is a scientific field that is largely unexplored. And yet the transmission of infectious agents cannot always be avoided because controlling the dissemination of airborne pathogens is far more difficult than preventing the pathogenic contamination of surfaces, water or food.

Most studies of enclosed spaces have linked the indoor environment with the outdoors, entailing a description of both settings. But some studies have presented indoor air quality as being closely linked to major sources indoors, including human activity or mere occupation (Zuraimi and Tham, 1994; Kotzias *et al.*, 2009; Wichmann *et al.*, 2010). The particle concentrations found suggest that inadequate ventilation systems may lead to an increased of concentration pollutants in indoor environments (Daisey *et al.*, 2003; Fromme *et al.*, 2007; Almeida *et al.*, 2011). Moreover, physical activities in an indoor space cause the re-suspension of sedimented particles from indoor floor dust (Fromme *et al.*, 2007; Fromme *et al.*, 2008; Almeida *et al.*, 2011). The study by Hospodsky *et al.* (2011) reached a similar conclusion, suggesting that bacterial populations recovered from indoor air showed greater similarity to the populations found in floor dust than to those in outdoor air. Zuraimi and Tham (1994) showed that higher levels of human-related bacteria were associated with high

occupancy rates, irregular floors and the frequency of surface cleaning. Liu *et al.* (2000) investigated bacterial concentrations in the indoor air of two elementary schools and hypothesized that the children and teachers might be the principal source of bacterial contamination. They also showed that indoor air contained many opportunistic culturable bacteria that could be infectious to exposed occupants. Furthermore, a comparison between airborne micro-organisms found in shopping centres and those in other environments located nearby indicated that indoor-air micro-organisms seemed to arise from indoor domestic niches and were not related to any inward transfer from outdoor environments. They also suggested an interaction between airborne microflora and human occupants in indoor environments (Tringe *et al.*, 2008).

Most studies employ culture methods that do not fully describe microbial diversity. Indeed, only 1% of environmental micro-organisms can currently be cultivated (Amann *et al.*, 1995) and microbial aerosols appear to be particularly recalcitrant because of the constraints hampering the methods used for their collection (Wang *et al.*, 2001; Radosevich *et al.*, 2002). The collection of airborne micro-organisms, because they are present at low concentrations, is a challenging task, particularly when subsequently using molecular tools. Collection systems with high flow rates may be necessary to permit molecular analysis under optimum conditions (Gaüzère *et al.*, 2011). Sampling larger volumes of air using integrated systems may also be an efficient alternative (Tringe *et al.*, 2008). Although the diversity of cultivable bacteria in confined spaces is relatively well-documented, the use of molecular methods remains rare. Only three studies have investigated the microbial diversity of air in indoor environments since the first such inventory was made by Radosevich *et al.* in 2002: in a therapeutic swimming pool (Angenent *et al.*, 2005), in two shopping centres in Singapore (Tringe *et al.*, 2008) and in commercial airline cabins (Osman *et al.*, 2009). The data obtained with molecular methods on the microbial diversity of indoor air have demonstrated the presence of all microbial domains (*Bacteria*, *Eukarya* and *Archaea*). Examination of these data reveals a bacterial diversity which differs from that observed using culture methods: bacterial diversity is mainly dominated by *Alpha*-, *Beta*- and *Gamma-Proteobacteria*. There are similarities regarding the groups preferentially found in various environments (*Actinobacteria*, *Proteobacteria*, etc.) and the presence of non-cultivated phylum such as *TM7*. There appears to be a specific diversity of indoor air. In terms of the health risks associated with the presence of pathogenic species in air, these studies highlighted the over-representation of opportunistic pathogen species such as *Propionibacterium acnes*, *Staphylococcus* spp., *Streptococcus* spp. or *Stenotrophomonas maltophilia*. The pathogenic species found in air are often associated with nosocomial infections (*Acinetobacter baumannii*, *Clostridium jeikeium*, etc.) and respiratory infections (*Mycobacterium* spp.). But no virulent pathogens such as *Bacillus anthracis* or *Legionella pneumophila*, for example, were encountered during these studies.

There is currently a lack of molecular data both on the environmental airborne species found in enclosed spaces and on the environmental origin of the sequences present.

In this overall context, the aim of this study was to characterize the bacterial diversity of indoor air and, in particular, to highlight 'core species', opportunistic pathogens as well as the origin of indoor bacteria found in three different enclosed spaces with three different levels of occupancy (low: office, high: museum and average: hospital).

2. Materials and Methods

2.1. Measurement sites

The measurement of the indoor bioaerosols was done during four-week sampling periods in 2010: 14 January – 11 February in Lagny Hospital (H), 16 July – 13 August in an office in Champs-sur-Marne (O) and 30 September – 28 October in the Louvre Museum in Paris (M).

These three sites differ in terms of their levels of occupancy (on average: 10,000 people in the museum (M), 1,000 people in the Emergency Paediatric Department of the hospital (H) and 20 people in the office (O)).

Only the entrance and waiting room of the Paediatric Emergency Department in the hospital were investigated. This site is considered to be highly sensitive to the presence of pathogens. In the Louvre Museum, measurements were performed on the second floor of the Richelieu wing, which represents a huge sampling volume. The office was an open-plan area occupied during working hours (5 days a week between 08:00 and 19:30).

2.2. Collection of samples

A sampling device was developed that could be connected to the existing ventilation system of the buildings (Figure 42). This filtration device operated at a rate of 6.3 m³/h. The duration of each sampling period was 4 weeks and an average volume of 4200 m³ air was filtered. A cellulose HEPA 13 filter (CAMFIL FARR) was used, its diameter 200 mm, and its collection efficiency 99.95% for particles of 0.3 microns. The filters were then scraped into molecular-grade water.

A control filter was stored at 4°C during the 4-week collection period and was then subjected to all the analytical stages.

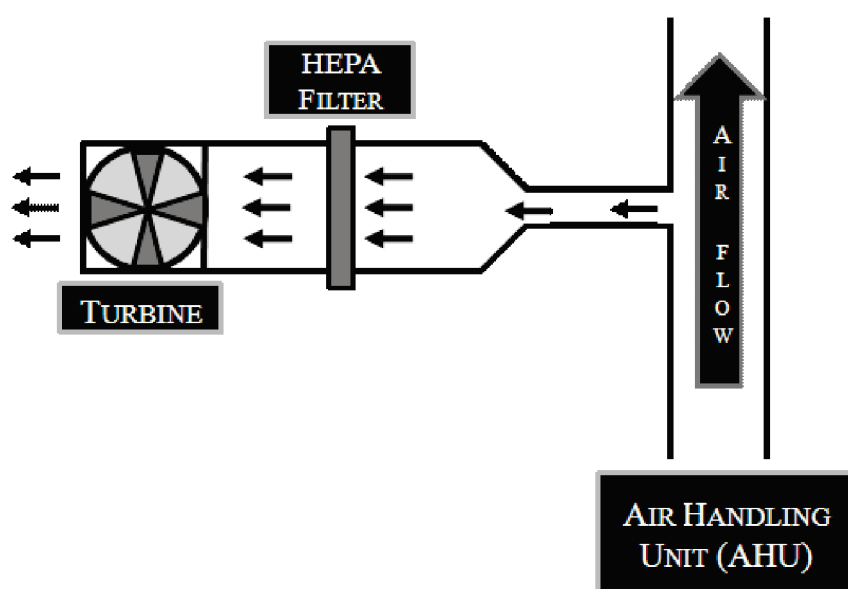


Figure 42 : A schematic view of the sampling filtration system used at the three sites.

2.3. Sample preparation

The samples were concentrated by filtering the solution through a sterile 47 mm x 0.2 µm polyestersulfone filter (Supor 200, Pall Corporation, USA). The filter was then cut in half using a sterile scalpel and each was placed in a 1.5 mL sterile tube and frozen at a temperature of -80°C.

2.4. Extraction and purification of total genomic DNA

DNA extraction was performed directly on the filter using a slightly modified version of the protocol described by Moletta *et al.* (2007). The filter was ground to a powder using a sterile plastic stick while maintained in dry ice. Total DNA was then purified using a QiaAmp DNA microkit (Qiagen, Hilden, Germany) and collected in 50 µL DNA-free water.

After extraction, the DNA was stored at -80°C. An extraction control was produced using molecular-grade water and then passed through all the extraction and amplification stages.

2.5. 16S rRNA gene sequencing

The samples were amplified using the following primers: a bacterial forward primer (5'-CCATCTCATCCCTGCGTGTCTCCGACTCAGCTCGCGTGTCTGCCAGCAGCCGCGGTAATA-3') and a reverse primer (5'-CCTATCCCCTGTGTGCCTTGGCAGTCTCAGGCGTGGACTACCAGGGTATCT-3'). DNA aliquots of each sample were used for a 50 µl PCR reaction. SSU ribosomal DNA fragments with an average size of 270 pb were amplified to build up three bacteria libraries. The Gene Amp High Fidelity PCR system (Applied Biosystems) was used for PCR. All amplicon products from different samples were purified using Agencourt AmPure XP beads (Agencourt Bioscience Corporation, MA, USA). The purification step was checked on a Agilent DNA 1000 chip (Agilent Technologies) and the amplicons were sequenced using 454 GS-FLX Titanium (Roche).

2.6. Sequence analyses

In the initial step of the overall process, each sequence was cleaned of its primers and all shorter sequences (≥ 150 bp) were removed using RDP's pyrosequencing pipeline. Then the sequences were checked for chimeras and aligned and a distance matrix was generated using MOTHUR (v.1.20.0) (Schloss *et al.*, 2009). Phylotypes were defined at the level of 97% similarity using the DOTUR program (Schloss and Handelsman, 2005). One representative of each phylotype was compared with the RDP public database (Cole *et al.*, 2007; Cole *et al.*, 2009) using the SEQMATCH program (v.10.27). Rarefaction curves and diversity indexes were generated by DOTUR at 97% similarity. The identification of common phylotypes in the different air samples was carried using the DOTUR and SONS programs (Schloss and Handelsman, 2006).

Of 42,753 raw 16S rRNA sequences, only 26,297 were validated in terms of quality, length and absence of chimera sequences. The others were removed from the bioinformatics analysis.

For each phylotype, one sequence was deposited in the GenBank database. The accession numbers of bacterial nucleotide sequences were FQ074240–FQ077207.

2.7. Statistical analysis of data: Principal Component Analysis (PCA)

A matrix of 15 lines or observations (samplings) and 31 columns or variables (phyla) was constructed using sequences previously published in different databases, originating from humans, indoor air and outdoor air, (Hold *et al.*, 2002; Radosevich *et al.*, 2002; Maron *et al.*, 2005; Paez-Rubio *et al.*, 2005; Brodie *et al.*, 2007; Grice *et al.*, 2009; Chen *et al.*, 2010; Frank *et al.*, 2010; Louis *et al.*, 2010; Durbán *et al.*, 2011). The dimensions of this data matrix were such that it was impossible to detect directly any similarities in statistical behaviour between the samples (individuals) or the phyla encountered (variables). Principal Component Analysis (PCA) (Lebart *et al.*, 1997) was chosen to analyze these results. The data analysis software used for these analyzes was the SPAD version 3.5 (Décisia).

3. Results

3.1. Bacterial diversity in indoor air

In the three bacterial 16S rDNA libraries, all sequences were distributed in 2,971 phylotypes defined with a threshold 97% of similarity.

The similarities based on a comparison of the sequences were between 100% and 50%. 93.8% of the sequences displayed a similarity matching at least 97% with known sequences found in the RDP public database. By contrast, only 2.5% of the sequences displayed similarity of less than 90% with previously published sequences.

The sequences of indoor air belonging to the bacterial domain were analyzed at the phylum level. The phylogenetic identification of each phylotype, as well as its abundance at the different sites, is shown in Table 20, which presents sequences with more than 90% similarity to the closest sequences in the RDP database. Only phylotypes with an abundance higher than 1% were included. A table showing the identification of all bacterial phylotypes is included as supplementary material.

Table 20 : Phylogenetic positioning and abundance of bacterial phylotypes in the three indoor bioaerosols. Only phylotypes with an abundance of more than 1% in one bioaerosol or more are presented. Phylotypes found at three, two or one sites are presented respectively in white-on-black, dark grey and light grey shading.

Phylotypes	Percentage of sequences (%)				Closest relatives	Accession number	Similarity (%)	Origin
	Museum	Office	Hospital	Total				
Actinobacteria (640 phylotypes, 8354 sequences)								
IoNA 3	7.9	0	0.2	2.7	uncultured bacterium	GQ111666	100	Skin
IoNA 25	0.8	1.2	0.2	0.7	Kocuria carniphila (T)	AJ622907	100	ND
IoNA 37	3.2	36.3	5.2	14.9	Micrococcus luteus	AB023371	100	ND
IoNA 61	0.3	3.2	0.2	1.2	uncultured bacterium	FM873583	100	Dust
IoNA 93	2.4	1.7	1.4	1.8	uncultured bacterium	FM873570	100	Dust
IoNA 97	1.3	0.7	0.4	0.8	unidentified bacterium	AY345490	99	Sediment
IoNA 105	0.1	1.5	0.1	0.6	Crocobacterium ilecola	DQ826511	100	OE
IoNA 149	0.1	1	0.2	0.4	Micrococcus luteus	GQ260074	100	Human
IoNA 153	2.6	2	1.3	2.0	uncultured bacterium	GQ034508	100	Skin
IoNA 191	1.3	0.6	0.5	0.8	Corynebacterium sp. 47081	AF227825	100	OE
IoNA 218	0.2	3.8	0.3	1.4	Curtobacterium herbarum (T)	AJ310413	100	Soil
IoNA 246	0.2	1.5	0.2	0.6	Micrococcus antarcticus (T)	AJ005932	100	OE
IoNA 271	0.6	0.1	0	0.2	Streptomyces sp. s8-203	EF012134	100	Water
IoNA 366	0.2	2.1	0.2	0.8	Micrococcus sp. TUT1210	AB188213	100	Compost
IoNA 447	0.1	1.2	0.1	0.5	Rhodococcus fascians	Y11196	100	ND
IoNA 476	0.4	1	0.1	0.5	uncultured actinobacterium	EF016815	100	Soil
IoNA 587	0.4	2.1	0.3	0.9	Rathayibacter caricis (T)	AF159364	100	OE
IoNA 653	0.2	1.9	1.6	1.2	uncultured bacterium	AM697552	100	Dust
IoNA 1056	0.1	1	0	0.4	Micrococcus sp. OS6	EF491956	100	OE
Gammaproteobacteria (279 phylotypes, 4677 sequences)								
IoNA 16	4.9	1.9	2.8	3.2	uncultured Pseudomonas sp.	DQ234206	98	Water

IoNA 27	1.5	3.1	6.6	3.7	<i>unidentified bacterium</i>	Z93992	100	Waste
IoNA 39	3.3	3.2	3.9	3.5	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	AJ619051	100	OE
IoNA 94	1.5	2.1	10.7	4.8	<i>Acinetobacter lwoffii</i>	AF188302	100	Water
IoNA 122	0.4	1.8	0.8	1.0	<i>Pseudomonas sp. K15</i>	AB088755	100	ND
IoNA 129	0.8	1	2.3	1.4	<i>uncultured bacterium</i>	AY907718	100	Water
IoNA 214	0.4	0.2	1.2	0.6	<i>Pantoea sp. NCCP-116</i>	AB574400	100	OE
IoNA 230	0.6	0.2	1.8	0.9	<i>Pseudomonas sp.</i>	AJ387903	100	ND
IoNA 296	1	3.3	0.8	1.7	<i>uncultured bacterium</i>	FJ152954	100	Soil
IoNA 570	<0.1	0	1.3	0.4	<i>uncultured bacterium</i>	EU842126	100	OE
IoNA 790	0.4	0.5	1.7	0.9	<i>Pantoea sp. NIST-167</i>	FJ445213	100	Soil

Alphaproteobacteria (469 phylotypes, 4197 sequences)

IoNA 30	4.2	1.1	1.6	2.3	<i>Paracoccus yeii</i>	AY014169	100	OE
IoNA 59	0.6	1.6	0.5	0.9	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	GQ850582	100	Water
IoNA 117	2.5	6.3	2.3	3.7	<i>Sphingomonas aurantiaca</i>	AJ429237	100	Air
IoNA 179	1.9	1.1	1.4	1.5	<i>Paracoccus carotinifaciens (T)</i>	AB006899	100	ND
IoNA 268	1.2	1.6	0.6	1.1	<i>Paracoccus sp. PA216</i>	AM900779	100	Dust
IoNA 436	0.3	1.1	0.3	0.6	<i>Methylobacterium sp. OS-16.b</i>	AM237344	99	Dust
IoNA 508	1.7	2.5	0.8	1.7	<i>Paracoccus sp. MBIC4036</i>	AB025192	100	Water

Betaproteobacteria (145 phylotypes, 1735 sequences)

IoNA 41	1.9	1.4	1.3	1.5	<i>uncultured eubacterium WD285</i>	AJ292644	100	Soil
IoNA 175	1.4	0	0	0.5	<i>uncultured Bacillus sp.</i>	EU567044	99	Soil
IoNA 286	0.3	1.1	0.2	0.5	<i>uncultured proteobacterium OCS7</i>	AF001645	100	OE
IoNA 297	0.3	1.8	0.8	1.0	<i>uncultured proteobacterium OCS7</i>	AF001645	100	OE
IoNA 352	0.4	0.4	1.1	0.6	<i>uncultured bacterium</i>	EU431681	100	OE
IoNA 509	0.1	1.2	0.9	0.7	<i>uncultured hydrocarbon seep bacterium BPC087</i>	AF154097	100	Sediment

Firmicutes (534 phylotypes, 4002 sequences)									
IoNA 5	1.1	0.2	0.1	0.5	Staphylococcus haemolyticus	FN393802	100		Clean Room
IoNA 57	1	1.1	1.2	1.1					
IoNA 120	1.8	1.7	3.6	2.4	Thermoactinomyces vulgaris	EU430570	100		OE
IoNA 139	0.7	1	2.1	1.3	Staphylococcus sp. NCCP 255	AB619597	100		OE
IoNA 147	1.4	0.3	0.2	0.6	uncultured bacterium	AF371691	100		OE
IoNA 322	0.9	0.5	2.1	1.2	Streptococcus oralis	GU561395	100		Skin
IoNA 379	0.3	1.7	0.1	0.7	Thermoactinomyces intermedius (T)	AF138734	100		OE
IoNA 542	1.5	2.7	2.2	2.1	uncultured bacterium	FM875342	98		Dust
Bacteroidetes (417 phylotypes, 2048 sequences)									
IoNA 151	1	<0.1	1	0.7	Cytophaga sp. An36	AJ551174	100		Sediment
IoNA 1595	0	2.4	0	0.8					
Deinococcus-Thermus (29 phylotypes, 296 sequences)									
IoNA 19	2.1	0	0.1	0.7	Thermus sp.	L09661	100		ND
IoNA 89	1.4	0.3	<0.1	0.6	Thermus brockianus	Y18409	99		OE

Bacterial diversity, made up of by 22 different phyla, was largely dominated by *Proteobacteria* and *Actinobacteria* (Figure 43A). The *Proteobacteria* (*Alpha*, *Beta*, *Gamma*, *Delta* and *Epsilon*) phylum was the best represented phylum in two air samples, with respectively, 42.1% and 47.5% of sequences in the museum and hospital samples. The office library was dominated by *Actinobacteria*, which accounted for 41.8% of sequences, while *Proteobacteria* represented 36.2% of the sequences.

Indeed, of the 2,971 bacterial phylotypes obtained overall at the three sites, 40.3% were assigned to *Proteobacteria* and 31.8% to *Actinobacteria*. The remaining 27.9% were mainly distributed between *Firmicutes* and *Bacteroidetes* (Figure 43B). Although the same trend was observed at the three sites with respect to *Proteobacteria* (36.2% to 47.5%), differences were observed in class abundance from one site to another. *Alphaproteobacteria* were dominant in the museum and office locations, while *Gammaproteobacteria* were better represented in the hospital samples.

Some phyla were uncommon and were found only in one indoor air sample: *Spirochaetes*, *Nitrospira*, *OP11* and *Aquificae*. Three non-cultivated phyla were found: *TM7* (0.15% of sequences in the museum, 0.08% of sequences in the office and 0.11% of sequences in the hospital), *OP10* (0.12% in the museum, 0.05% in the office and 0.02% in the hospital) and *OP11* (0.02% of sequences in the museum).

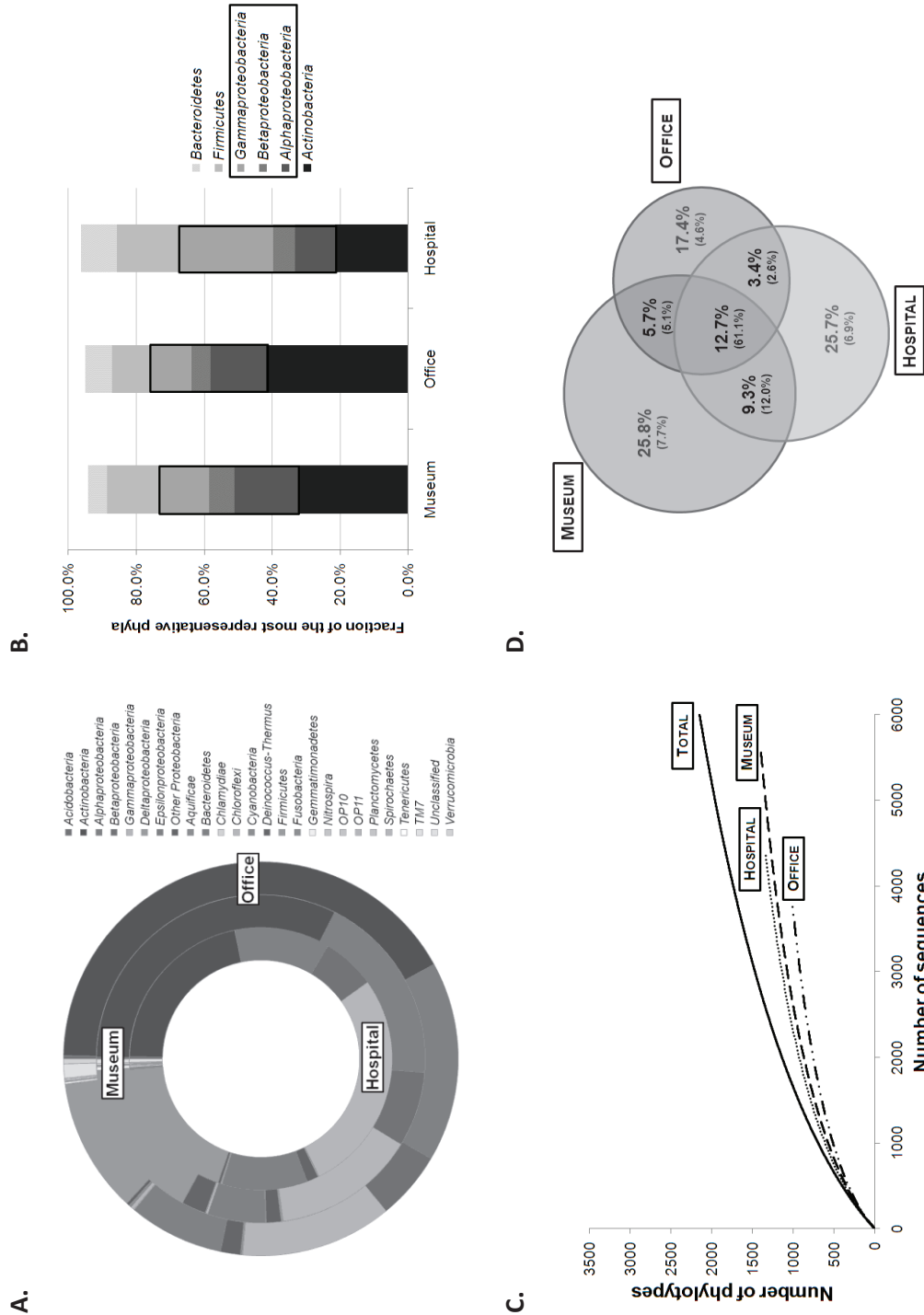
The dominant bacteria were represented by *Actinobacteria* genera and *Micrococcus* sp. (particularly in the office where *Micrococcus* predominated). *Paracoccus* sp., *Pseudomonas* sp., *Acinetobacter* sp. and *Sphingomas* sp. were present at all the sites studied in proportions ranging from 2% to 6%.

The bacterial diversity of indoor bioaerosols was assessed using several parameters including rarefaction curves (Figure 43C), diversity indices and coverage (Table 21).

Based on the rarefaction curves built up from these data and by the analysis of S_{chao1} values, the samples were estimated to contain a total of respectively, 1,875, 1,449 and 1,851 separate OTU in the museum, office and hospital. Bacterial coverage was similar at the three sites. Simpson index at all three sites revealed considerable bacterial diversity although it was slightly higher in the museum and hospital. In fact, the values given by S_{chao1} predicted a much higher bacterial diversity for these two sites. The lowest values of the two diversity indexes were obtained in the office environment.

Table 21 : Analysis of bacterial diversity in the air of indoor environments.

Sites	Number of sequences	Number of phylotypes	Coverage C (%)	Diversity indexes	
				S_{chao1}	Simpson
Museum	10406	1589	63	1875	6.1
Hospital	8122	1164	63	1851	6.4
Office	7769	1518	63	1449	5.6



3.2. Airborne pathogen species in indoor environments

A total of 43 different genera, including some closely related to known pathogens, were detected among the indoor air sequences. The 43 pathogen-related genera along with the 32 species found during this analysis are shown in Table 22. Pathogen-related genera accounted for 6%, 8% and 7% ,respectively, of all the sequences analyzed from the museum, office and hospital. Different pathogen-related genera tended to dominate at each site. Indeed, four genera that may be related to pathogens (*Bacillus* sp., *Micrococcus* sp., *Corynebacterium* sp. and *Pseudomonas* sp.) were recovered at frequencies higher than 10% from the museum pathogen-related sequence library. The office was largely represented by *Micrococcus* sp. (63.8% of pathogen-related sequences), while *Acinetobacter* sp., *Micrococcus* sp. and *Pseudomonas* sp. were mostly encountered in the hospital samples. With regard to the presence of pathogen-related bacterial species, it should be noted that the genera and species encountered were those which are often responsible for opportunistic or nosocomial diseases or form part of human commensal bacteria. Species such as *Haemophilus influenzae* or *Acinetobacter baumannii* or *Lwoffii* are opportunistic pathogens which cause respiratory complaints in the immuno-compromised and nosocomial infections in sensitive occupants (the elderly, children, sick people, etc.). *Aerococcus viridians* may also be an opportunistic pathogen in sensitive individuals. *Thermoactinomyces vulgaris*, which was found at all sites, is a causal agent of hypersensitivity pneumonitis. *Clostridium perfringens* is a commensal micro-organism found in normal human intestinal flora but it is also a pathogen that can cause a range of gastro-intestinal disorders (some of which may be extremely severe).

Some sequences were affiliated to virulent and opportunistic pathogenic genera, such as *Borrelia* sp., *Burkholderia* sp., *Legionella* sp., *Neisseria* sp. and *Mycobacterium* sp., but the level of sequence identity was not sufficient to predict the species concerned.

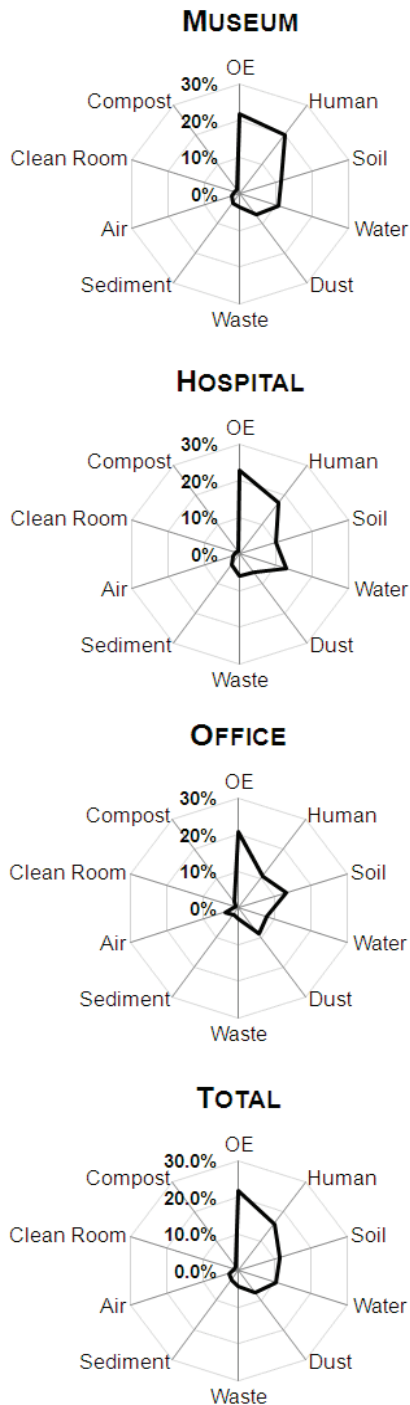
Table 22 : Sequence numbers per thousand of known pathogenic genera at each site. The site where pathogenic species were identified is shown in brackets. Bold numbers indicate the most numerous per thousand for each site.

Genus	Museum	Office	Hospital	Total	Pathogenic species
<i>Achromobacter</i> sp.	1.2	3.7	3.1	2.7	
<i>Acinetobacter</i> sp.	76.3	47.6	253.3	125.7	<i>xylosoxidans</i> (M, O, H) <i>baumanii</i> (M, H) <i>calcoaceticus</i> (M, O, H) <i>johnsonii</i> (M, O, H) <i>lwoffii</i> (M, O, H) <i>schindleri</i> (M, O, H)
<i>Actinomadura</i> sp.	13.1	0.0	4.2	5.8	
<i>Actinomyces</i> sp.	13.1	0.0	4.7	5.9	
<i>Aerococcus</i> sp.	5.4	1.4	15.7	7.5	
<i>Aeromonas</i> sp.	4.8	6.9	16.7	9.4	<i>viridans</i> (M, O, H)
<i>Alcaligenes</i> sp.	0.6	0.9	4.7	2.1	<i>caviae</i> (H) <i>schubertii</i> (M)
<i>Bacillus</i> sp.	162.1	40.2	24.0	75.5	<i>faecalis</i> (M, O, H)
<i>Bacteroides</i> sp.	0.0	2.3	1.0	1.1	
<i>Bifidobacterium</i> sp.	3.0	0.0	5.2	2.7	<i>fragilis</i> (H)
<i>Borrelia</i> sp.	0.0	1.4	0.0	0.5	
<i>Burkholderia</i> sp.	17.9	7.8	7.8	11.2	
<i>Clostridium</i> sp.	24.4	5.0	27.2	18.9	<i>butyricum</i> (M, O, H)
					Opportunistic Opportunistic Commensal Opportunistic Opportunistic Opportunistic Opportunistic Opportunistic Opportunistic Opportunistic Pathogen (Pathogen) Opportunistic (Pathogen) Opportunistic Commensal Pathogen Pathogen Opportunistic

<i>Corynebacterium</i> sp.	113.2	29.3	53.8	65.4	<i>glycolicum</i> (O) <i>perfringens</i> (M, H)	Opportunistic Pathogen
<i>Enterococcus</i> sp.	1.2	3.2	3.1	2.5	<i>xerosis</i> (H)	Opportunistic/Pathogen
<i>Escherichia</i> sp.	4.8	1.4	0.0	2.0	<i>durans</i> (H)	Commensal
<i>Eubacterium</i> sp.	6.6	3.2	8.4	6.0	<i>coli</i> (M, O)	Commensal/Pathogen
<i>Flavobacterium</i> sp.	39.3	0.9	25.6	21.9		Commensal
<i>Francisella</i> sp.	1.2	0.0	0.0	0.4		Commensal/Opportunistic (Pathogen)
<i>Fusobacterium</i> sp.	0.6	0.0	3.7	1.4		(Pathogen)
<i>Gemella</i> sp.	0.6	0.0	0.0	0.2		Commensal
<i>Haemophilus</i> sp.	1.8	0.0	5.7	2.5		
<i>Klebsiella</i> sp.	6.6	9.1	7.8	7.8	<i>haemolyticus</i> (M, H)	Pathogen
<i>Lactobacillus</i> sp.	16.1	11.9	24.5	17.5		Opportunistic
<i>Legionella</i> sp.	3.6	0.0	1.6	1.7		Commensal
<i>Micrococcus</i> sp.	137.7	639.7	112.8	296.7		Pathogen
<i>Mycobacterium</i> sp.	3.6	3.2	6.8	4.5		Commensal/Opportunistic
<i>Mycoplasma</i> sp.	0.6	0.0	2.1	0.9		Pathogen/Opportunistic
<i>Neisseria</i> sp.	8.3	0.5	3.7	4.2		Commensal/Opportunistic
<i>Nocardia</i> sp.	1.2	0.0	0.0	0.4		Commensal/(Pathogen)
<i>Pasteurella</i>	0.0	0.0	1.0	0.3	<i>asteroides</i> (M)	Opportunistic
<i>Peptostreptococcus</i> sp.	1.8	1.8	14.6	6.1	<i>aerogenes</i> (H)	Pathogen
<i>Porphyromonas</i> sp.	0.0	0.0	9.4	3.1		Opportunistic Commensal/(Pathogen)

<i>Prevotella</i> sp.	1.2	0.0	9.9	3.7	(Pathogen)
<i>Propionibacterium</i> sp.	2.4	0.0	0.0	0.8	
					<i>acnes</i> (M)
<i>Proteus</i> sp.	0.0	0.5	0.5	0.3	Commensal
					<i>granulosum</i> (M)
					Pathogen
<i>Pseudomonas</i> sp.	109.7	41.2	103.9	84.9	
					<i>vulgaris</i> (O, H)
					<i>aeruginosa</i> (M, H)
					Opportunistic
					<i>alcaligenes</i> (M)
					Opportunistic
					<i>pseudodacaligenes</i> (M, O, H)
					Opportunistic
					<i>putida</i> (M, O, H)
					Opportunistic
					<i>stutzeri</i> (M, H)
					Opportunistic
<i>Rhodococcus</i> sp.	13.1	23.8	4.7	13.9	(Pathogen)
<i>Rickettsia</i> sp.	0.6	0.0	0.0	0.2	
					<i>prowazekii</i> (M)
<i>Serratia</i> sp.	2.4	1.8	4.7	3.0	Pathogen
					<i>marcescens</i> (M, O, H)
<i>Staphylococcus</i> sp.	62.6	35.2	67.9	55.2	Opportunistic
					<i>haemolyticus</i> (M, O, H)
<i>Streptococcus</i> sp.	42.3	8.2	67.4	39.3	Pathogen
					(Pathogen)
<i>Thermoactinomyces</i> sp.	95.4	68.1	88.8	84.1	
					<i>vulgaris</i> (M, O, H)
					Opportunistic

A.



B.

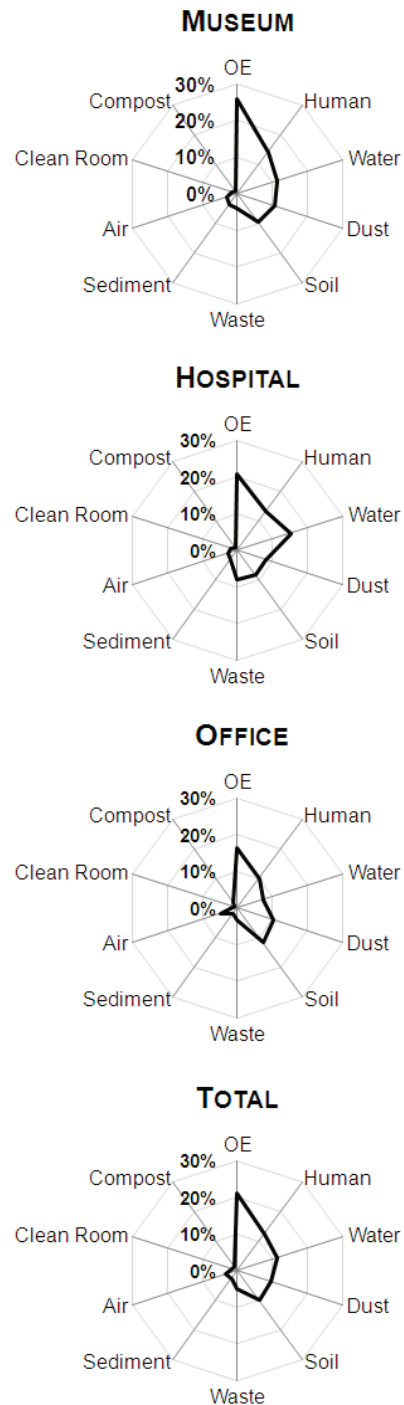


Figure 44 : Environmental origin of the closest bacterial relatives in public databases according to 16S rDNA similarities. A. Percentage abundances for all sequences. B. Percentage abundances for common sequences. The closest bacterial relatives recovered from several environments are shown under 'other environments (OE)'. Sequences for which the environment of the closest relatives was not found in the database are not presented. The term 'Waste' was used for aerobic and anaerobic treatment processes, biogas and digestors.

3.3. Comparison of sequence origins in the database

It is generally assumed that indoor airborne micro-organisms may arise from nearby primary environments such as soil or water as well as from occupants, dust or outdoor air. In order to determine whether the sequences obtained were affiliated to bacterial phylotypes previously identified in hypothetical sources of indoor contamination, the origin of the closest sequences present in public databases was collected for each phylotype, based on the data available on the Genbank sequence page. The origins determined for each phylotype are shown in Table 20 and Figure 44A.

Of the total number of indoor air sequences considered, 15.9% were of human origin (skin, faeces, oral, nasal, etc.). In addition, sequences displaying similarity of 95% or more with sequences of air or dust origin accounted for 2.7% and 7.3% of sequences, respectively. The other sequences were close to sequences found in sea and fresh water, waste, compost, plants, clinical isolates, animal faeces and biofilms.

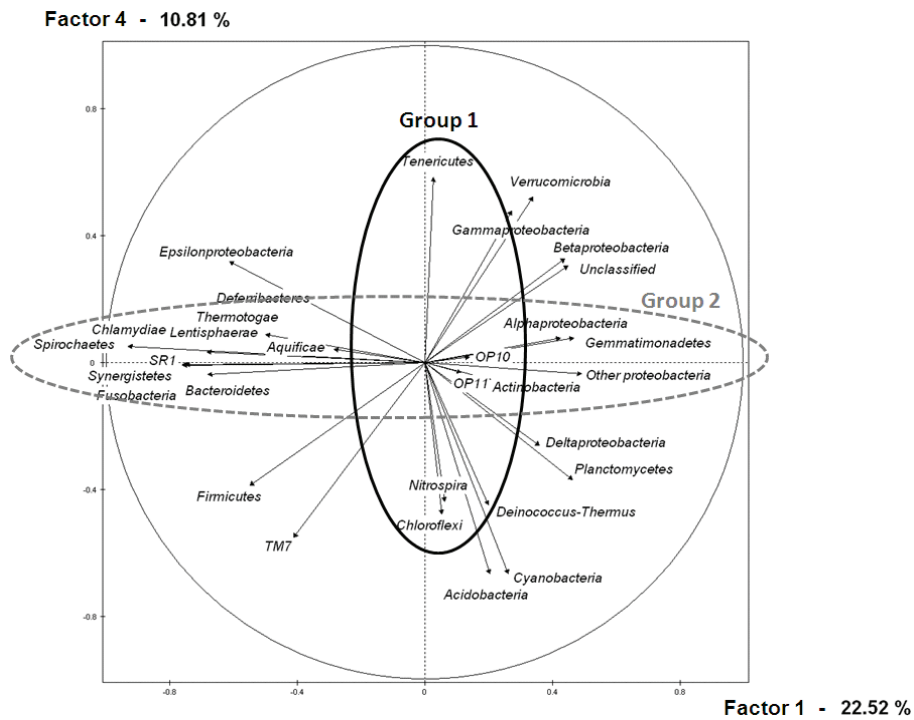
With the exception of the composite group of sequences of diverse origins (OE), the three sources found were mainly soil, water and humans.

3.4. Global analysis of different bacterial libraries

Analysis of the distribution of phyla at the different sampling sites generated a 31-column matrix (corresponding to the 31 different phyla retrieved from the bacterial libraries investigated). The results of PCA performed on this matrix showed that axis 1 represented 7 out of 31 variables. The two factors selected accounted for more than 33% of global variance, the principal plane thus grouping most of the information. In order to identify the variables responsible for the pattern observed, the 31 phyla were then projected onto a correlation circle (Figure 45A). Phyla from group 1 defined factor 1 while phyla from group 2 defined factor 4. The other phyla made an identical contribution to the construction of axes 1 and 4.

Figure 45B is a diagrammatical representation of a PCA. Each point represents a sampling. Three distinct groups could be observed: A (oral and faeces of human origin), B (nasal and skin of human origin) and C (two shopping centres, the therapeutic swimming pool, commercial airline cabins, hospital, museum and offices). As can be seen from Figure 45B, it was mainly the first factor that separated groups B and C from group A. The fourth factor separated groups A, B and C and the rural site from other outdoor sites. This representation also grouped the two shopping centres and the two urban sites. PCA thus revealed the presence of specific bacterial microflora common to the indoor environments. The matrix used to construct the PCA (based on the percentage abundance of phyla) and the differences or links observed between the groups may be due to the microbial diversity observed in each environment. The PCA analysis linked these microflora mainly to human nasal and skin microflora. It also highlighted the correlation between groups B and C. Group A was characterized by phyla from group 2 where there was a higher abundance of *Spirochaetes*, *Thermotogae*, *Deferribacteres*, *Synergistetes*, *Fusobacteria*, *Bacteroidetes*, *SR1*, *Lentisphaerae* and *Chlamydiae*. Group A was defined by a lower abundance of *Alphaproteobacteria*, *Actinobacteria*, *Gemmatimonadetes*, other *Proteobacteria*, *OP10* and *OP11* whereas group C was characterized by a higher abundance of these phyla.

A.



B.

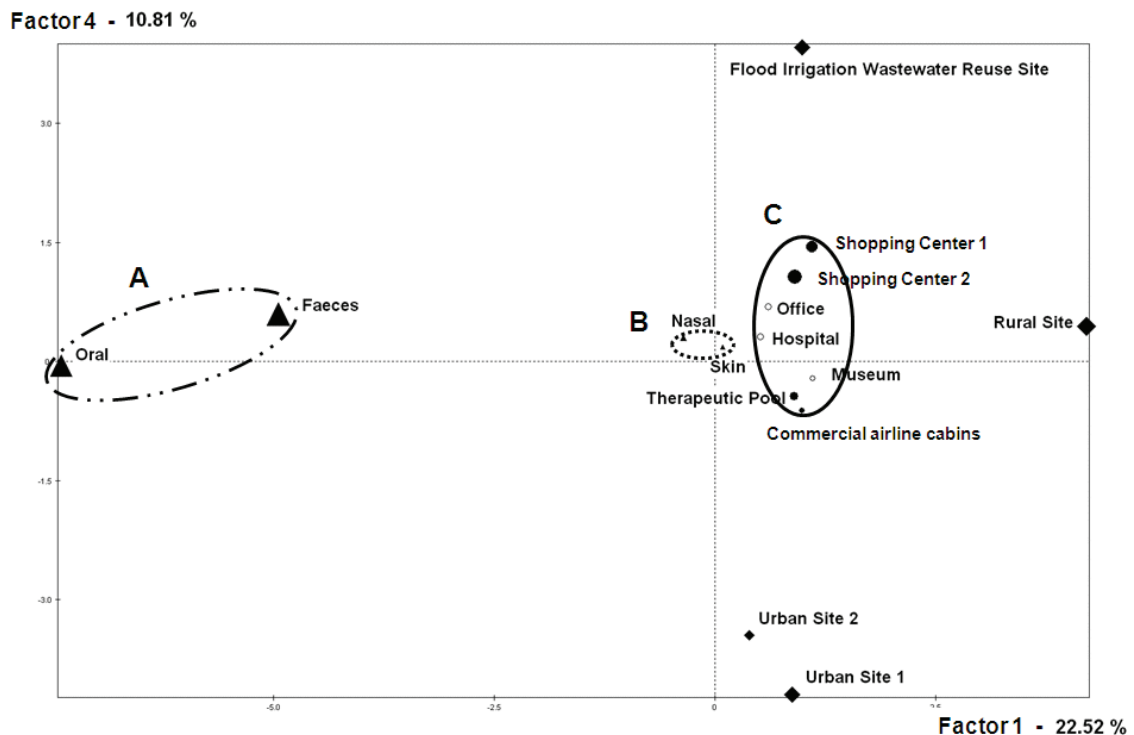


Figure 45 : A. Phyla were projected onto a correlation circle (1st and 4th factor: factors enabling a better representativity of indoor samples). B. Diagrammatic representation of PCA on samples from 15 sampling sites and 31 phyla: ● Indoor sites cited in the literature (6,014 sequences), ○ Indoor sites investigated during this study (26,297 sequences), ▲ human origin (154,583 sequences), ◆ outdoor sites cited in the literature (735 sequences).

3.5. Identification of common 'core species' in airborne bacteria from enclosed spaces

Of the 2,971 phylotypes found at the three sites, only 378 were common to the museum, the office and the hospital and they accounted for 12.7% of the OTU (Operational Taxonomic Units) and 61.1% of the total number of sequences obtained for the three indoor environments (Figure 43D). Each environment was represented more or less equally in this overall percentage (22.0% of diversity in the museum, 21.1% in the office and 18.0% in the hospital). However, these values corresponded to a majority of the total number of sequences found in each environment (55.7% of sequences in the museum, 71.4% in the office and 58.1% in the hospital).

The 378 phylotypes representative of an OTU common to the three sites and belonging to the bacterial domain were analyzed at phylotype and sub-group levels. The distribution and abundance of phyla in the 378 OTU were the same as those observed previously, with a predominance of *Proteobacteria*, *Actinobacteria*, *Firmicutes* and *Bacteroidetes*.

The dominant bacteria were represented by *Actinobacteria* genera, *Paracoccus* sp., *Acinetobacter* sp., *Micrococcus* sp., *Pseudomonas* sp., *Enhydrobacter* sp., *Staphylococcus* sp. and *Thermoactinomyces* sp.

The *Actinobacteria* dominant in the office mainly corresponded to *Micrococcus* sp., although differences from one site to another were observed. The most abundant airborne microbes in the hospital included several species of *Acinetobacter* sp., some of which were pathogen-related species (Table 22). The office samples were largely dominated by *Micrococcus* species, some of them known as pathogens. *Actinobacteria* genera and *Paracoccus* species represented almost identical percentages of the sequences found in the museum (12.8% and 12.4%, respectively).

In order to determine whether common bacterial flora in indoor air represented a mere copy of bacterial flora of human origin, the 378 bacterial phylotypes were considered relative to the ecosystem producing the closest sequence found in the database. Interestingly, this comparison showed that in each indoor air library, 63 phylotypes presented more than 97% similarity with the database sequences found in humans (skin, oral, etc.). Of the total number of indoor air sequences reviewed, 20% of the phylotypes and 12% of the sequences were of human origin (Figure 44B). Among the 378 phylotypes presenting similarity of 95% or higher, nine were associated with air and 34 with dust, accounting for 3% and 10% of the indoor air sequences, respectively (Figure 44B).

Pathogen-related genera were also investigated in the common diversity established for the three sites: the total proportion of the 66 common pathogenic phylotypes represented 26.7% of common sequences and 72% of all pathogen-related sequences (58% for the museum, 89% for the office and 69% for the hospital).

Genera such as *Micrococcus* sp., *Corynebacterium* sp., *Thermoactinomyces* sp., *Pseudomonas* sp. and *Acinetobacter* sp. accounted for more than 75% of pathogen-related sequences.

4. Discussion

To date, the microbial content of air in enclosed spaces has been little described. Environmental data resulting from an investigation of sources and pathogens are extremely rare despite their health implications. Our study addressed these issues. The results of sequencing of the data collected at three enclosed spaces revealed a common microflora (more than 60% of all sequences). Among these common phyla, four were in a majority: *Actinobacteria*, *Proteobacteria* (*Alpha*, *Beta* and *Gamma*), *Firmicutes* and *Bacteroidetes*. These findings are in agreement with data in the literature. Thus, of the 13 phyla identified during studies in two shopping centres, airline cabins and a therapeutic swimming pool, the same four phyla were common to all air samples (Angenent *et al.*, 2005; Tringe *et al.*, 2008; Osman *et al.*, 2009). During our study, a comparison with the Genbank database of the 'core species' found in our three indoor environments showed that several of our sequences (22%) had been determined during other studies involving the human micro-environment (skin, oral, etc.) and dust. This observation is consistent with the findings of Hospodsky *et al.* (2011), who suggested that bacterial populations in indoor air show greater similarity to the populations found in floor dust than to populations from outdoor air. This indicates that human occupancy is a major source of indoor aerosols and that the re-suspension of floor dust might also be an important source of aerosols in enclosed spaces. This conclusion is in line with several other observations in indoor environments that have demonstrated an increase in the concentration of micro-organisms linked to human occupancy (Pastuszka *et al.*, 2000; Jo and Seo, 2005; Hospodsky *et al.*, 2011), even where controlled spaces are involved such as the International Space Station (ISS) and operating theatres, where bioaerosols are mainly associated with human emissions (skin, hair and respiratory tract) (Favero *et al.*, 1968; Novikova *et al.*, 2006). In fact, the human body hosts numerous bacteria and may constitute an important source of dust and microbial aerosols, which can be found on the skin, on mucous membranes in the respiratory tract, in the mouth, in nasal passages and in the gastrointestinal tract (Hold *et al.*, 2002; Grice *et al.*, 2009; Chen *et al.*, 2010; Frank *et al.*, 2010; Louis *et al.*, 2010; Durbán *et al.*, 2011). The convective plume around a human body carries re-suspended particles (skin scales, textile fibers, bacteria, etc.) that may contribute to dust production (Scheinder, 2008; Clark and de Calcina-Goff, 2009; Täubel *et al.*, 2009). Indeed, the entire outer skin layer of humans is shed every 1 to 2 days, which can result in the release of several million skin scales per minute (Schneider, 2008). Moreover, certain human activities such as talking, coughing or sneezing can generate enormous quantities of droplets: one sneeze, for example produces about 100,000–1,000,000 droplets, many of which carry bacteria (Xie *et al.*, 2007).

Our study thus confirmed these observations by showing that the majority of sequences were of various human origins in both the global database (15.9% of sequences) and 'core species' database (12.0%). Hence, PCA analysis linked this microflora mainly to human nasal and skin microflora.

The analysis of the species involved showed that of the 61.1% sequences found in all three environments, 26.7% were pathogen-related and common to all sites. Moreover, the results obtained by studying pathogen-related sequences among the 'core species' revealed an increase in the number of pathogen-related species, and particularly of opportunistic species.

Acinetobacter sp. and *Staphylococcus* sp. are present in both environmental and commensal skin microflora and were found in all the air samples we studied. Together with *Propionibacterium* spp. and *Corynebacteria* spp., they represent 2.2% of the diversity of the skin flora common to six people (Gao *et al.*, 2007). During a broader study on samples from 20 different skins sites,

Actinobacteria genera and *Staphylococcus* sp. were encountered in all samples (Grice *et al.*, 2009). During the present study, *Pseudomonas* sp. was also found in all the air samples. Lee *et al.* (2007) pointed out that *Pseudomonas* sequences were the most abundant in their clone libraries obtained from samples collected from the surfaces of toys in a child-care facility. In the office samples of our study, *Micrococcus* was more common than other genera. This was in line with the findings of Bouillard *et al.* (2005), who investigated healthy office buildings and found that the two most frequent cultivable species in air samples were *Micrococcus* spp. and *Staphylococcus* spp.

The predominance of some Gram-negative bacteria in indoor air raises questions about their effect on health and, particularly, the allergenic potential of cell-wall fragments or endotoxins associated with these bacteria.

Airborne micro-organisms are sometimes directly implicated in health emergencies. Indeed, *Mycobacterium* spp. was identified using molecular methods in the air of a therapeutic swimming pool and incriminated in the pulmonary infections caught by some of the staff (Angenent *et al.*, 2005). Managing and controlling the quality of indoor air must be suited to the actual use of a building, in particular to its occupancy levels and energy requirements.

Although the office space was the least frequented, the diversity recorded seems to be similar to that observed in the museum and hospital. This diversity is clearly linked to the similar anthropogenic and endogenous sources of micro-organisms. There is no correlation between the level of occupancy and the diversity found at the three sites investigated. Nevertheless, the percentage of pathogen-related organisms in office air was much higher than that found in either the museum or the hospital. Although occupancy was lower in the office area, its volume was also the smallest, leading to an increased load of contaminants and, consequently, to a higher concentration of opportunistic and pathogenic species (Daisey *et al.*, 2003). If the bacterial pollution arose from an interaction between the occupants and other indoor sources (dust of human origin), indoor contamination might be explained by the use of an inadequate or insufficient ventilation system.

The determination of common pathogenic species may well make it possible to identify specific indicators crucial for managing the bacterial quality of air in indoor environments or for evaluating the efficiency of ventilation systems. A similar approach was adopted in the study of bioaerosols in composting facilities, where it was possible to determine phylogenetic groups common to different aerosols and thus define microbial indicators for dispersal or risk assessment analysis (Le Goff *et al.*, 2009). However, given the large number of commonly occurring phylotypes present in the air of indoor environments, it will be necessary to increase the variety of environments studied in order to draw up a workable list of specific indicators that will effectively improve the management of indoor air quality.

This study is the first to have gathered a large dataset on bioaerosols found in three different enclosed spaces (museum, office and hospital). It has thus improved our knowledge of the dominant bacteria encountered in the air of such environments and highlighted the predominance of *Actinobacteria*, *Proteobacteria*, *Firmicutes* and *Bacteroidetes* and the specific phyla signatures of the indoor environments studied.

Comparison of the sequences for the three different sites revealed a common bacterial signature (more than 60% of all sequences) and the presence of 'core species' arising from the human microenvironment and not from outdoors. The detection of pathogenic species common to all the

sites means that it may be possible to use them to define indicators and, subsequently, an index to be used as a basis for the development of tools for managing indoor air quality.

Acknowledgements

This research was supported by the DGA, the CSTB, the INRA-LBE and GENOSCREEN. The authors gratefully acknowledge the assistance provided by Ms Sabine Gaüzère through her helpful contribution to automated sequence analyses and the help from Mrs Joëlle Le Roux of the Louvre Museum.

References

- Almeida SM, Canha N, Silva A, Freitas MdC, Pegas P, Alves C *et al* (2011). Children exposure to atmospheric particles in indoor of Lisbon primary schools. *Atmos Environ* **45**: 7594–7599.
- AmannRI, Ludwig W, Schleifer KH (1995). Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiol Rev* **59**: 143-169.
- Angenent LT, Kelley ST, AmandAS, Pace NR, HernandezMT (2005). Molecular identification of potential pathogens in water and air of a hospital therapy pool. *Proc Natl Acad Sci USA* **102**: 4860-4865.
- Bouillard L, Michel O, Dramaix M, Devleeschouwer M (2005). Bacterial contamination of indoor air, surfaces, and settled dust, and related dust endotoxin concentrations in healthy office buildings. *Ann Agr Env Med* **12**: 187-192.
- Brodie EL, DeSantis TZ, Parker JPM, Zubietta IX, Piceno YM, Andersen GL (2007). Urban aerosols harbor diverse and dynamic bacterial populations. *Proc Natl Acad Sci USA* **104**: 299-304.
- Chen T, Yu WH, Izard J, Baranova OV, Lakshmanan A, Dewhirst FE (2010) The Human Oral Microbiome Database: a web accessible resource for investigating oral microbe taxonomic and genomic information. *Database*. doi: 10.1093/database/baq013
- Clark RP, de Calcina-Goff ML (2009). Some aspects of the airborne transmission of infection. *J R Soc Interface* **6**: S767-S782.
- Cole JR, Chai B, Farris RJ, Wang Q, Kulam-Syed-Mohideen AS, McGarrell DM *et al* (2007). The ribosomal database project (RDP-II): introducing myRDP space and quality controlled public data. *Nucleic Acids Res* **35**: 169-172.
- Cole JR, Wang Q, Cardenas E, Fish J, Chai B, Farris RJ *et al* (2009). The Ribosomal Database Project: improved alignments and new tools for rRNA analysis. *Nucleic Acids Res* **37**: 141-145.
- Daisey JM, Angell WJ, Apte MG (2003). Indoor air quality, ventilation and health symptoms in schools: an analysis of existing information. *Indoor Air* **13**: 53-64.
- Durbán A, Abellán J, Jiménez-Hernández N, Ponce M, Ponce J, Sala T *et al* (2011). Assessing Gut Microbial Diversity from Feces and Rectal Mucosa. *Microb Ecol* **61**: 123.

- Favero MS, Puleo JR, Marshall JH, Oxborrow GS (1968). Comparison of Microbial Contamination Levels Among Hospital Operating Rooms and Industrial Clean Rooms. *Appl Environ Microb* **16**: 480-486.
- Frank DN, Feazel LM, Bessesen MT, Price CS, Janoff EN, Pace NR (2010). The Human Nasal Microbiota and *Staphylococcus aureus* Carriage. *PLoS ONE* **5**: 1-15.
- Fromme H, Diemer J, Dietrich S, Cyrus J, Heinrich J, Lang W *et al* (2008). Chemical and morphological properties of particulate matter (PM₁₀, PM_{2.5}) in school classrooms and outdoor air. *Atmos Environ* **42**: 6597-6605.
- Fromme H, Twardella D, Dietrich S, Heitmann D, Schierl R, Liebl B *et al* (2007). Particulate matter in the indoor air of classrooms-exploratory results from Munich and surrounding area. *Atmos Environ* **41**: 854-866.
- Gao Z, Tseng C-h, Pei Z, Blaser MJ (2007). Molecular analysis of human forearm superficial skin bacterial biota. *Proc Natl Acad Sci* **104**: 2927-2932.
- Gaüzère, C, Moletta-Denat, M, Bousta, F, Moularat, S, Orial, G., Ritoux, S *et al.* (2011). Etude de la diversité microbienne dans les espaces clos par une approche moléculaire : résultats préliminaires dans un bureau paysager et un musée. 26^{ème} CFA, Paris, France.
- Gilbert Y, Duchaine C (2009). Bioaerosols in industrial environments: a review. *Can J Civil Eng* **36**: 1873-1886.
- Grice EA, Kong HH, Conlan S, Deming CB, Davis J, Young AC *et al* (2009). Topographical and Temporal Diversity of the Human Skin Microbiome. *Science* **324**: 1190-1192.
- Hold GL, Pryde SE, Russell VJ, Furrie E, Flint HJ (2002). Assessment of microbial diversity in human colonic samples by 16S rDNA sequence analysis. *FEMS Microbiol Ecol* **39**: 33.
- Höppe P, Martinac I (1998). Indoor climate and air quality. *Int J Biometeorol* **42**: 1-7.
- Hospodsky D, Qian J, Yamamoto N, Nazaroff WW, Peccia J (2011). Size-fractionated emissions and microbial population characterization to reveal sources of bacteria in indoor air. *In Final Program Abstracts, 12th International Conference on indoor air quality and climate, Austin, Texas.*
- Jo WK, Seo YJ (2005). Indoor and outdoor bioaerosol levels at recreation facilities, elementary schools, and homes. *Chemosphere* **61**: 1570-1579.
- Kotzias D, Geiss O, Tirendi S, Barrero-Moreno J, Reina V, Gotti A *et al* (2009). Exposure to multiple air contaminants in public buildings, schools and kindergartens-The European Indoor Air Monitoring and Exposure Assessment (AIRMEX) Study. *Fresenius environmental bulletin* **18**: 670-681.
- Lebart L, Morineau A, Piron M (1997). *Statistique exploratoire multidimensionnelle - 2^{ème} édition*, Dunod Edition: Paris.
- Lee L, Tin S, Kelley ST (2007). Culture-independent analysis of bacterial diversity in a child-care facility. *BMC Microbiol* **7**: 27-40.
- Le Goff O, Bru-Adan V, Bacheley H, Godon JJ, Wéry N (2009). The microbial signature of aerosols produced during the thermophilic phase of composting. *J Appl Microbiol* **108**: 325-340.

- Liu LJ, Krahmer M, Fox A, Feigley CE, Featherstone A, Saraf A *et al* (2000). Investigation of the concentration of bacteria and their cell envelope components in indoor air in two elementary schools. *J Air Waste Manag Assoc* **50**: 1957-1967.
- Louis P, Young P, Holtrop G, Flint HJ (2010). Diversity of human colonic butyrate-producing bacteria revealed by analysis of the butyryl-CoA:acetate CoA-transferase gene. *Environ Microb* **12**: 304.
- Maron P-A, Lejon DPH, Carvalho E, Bizet K, Lemanceau P, Ranjard L *et al* (2005). Assessing genetic structure and diversity of airborne bacterial communities by DNA fingerprinting and 16S rDNA clone library. *Atmos Environ* **39**: 3687-3695.
- Moletta M, Delgenes J-P, Godon J-J (2007). Differences in the aerosolization behavior of microorganisms as revealed through their transport by biogas. *Sci Total Environ* **379**: 75-88.
- Novikova N, De Boever P, Poddubko S, Deshevaya E, Polikarpov N, Rakova N *et al* (2006). Survey of environmental biocontamination on board the International Space Station. *Res Microbiol* **157**: 5-12.
- Osman S, La Duc MT, Dekas A, Newcombe D, Venkateswaran K (2008). Microbial burden and diversity of commercial airline cabin air during short and long durations of travel. *ISME J* **2**: 482-497.
- Paez-Rubio T, Viau E, Romero-Hernandez S, Peccia J (2005). Source bioaerosol concentration and rRNA gene-based identification of microorganisms aerosolized at a flood irrigation wastewater reuse site. *Appl Environ Microb* **71**: 804-810.
- Pastuszka JS, Kyaw Tha Paw U, Lis DO, Wlazlo A, Ulfing K (2000). Bacterial and fungal aerosol in indoor environment in Upper Silesia, Poland. *Atmos Environ* **34**: 3833-3842.
- Radosevich JL, Wilson WJ, Shinn JH, DeSantis TZ, Andersen GL (2002). Development of a high-volume aerosol collection system for the identification of air-borne micro-organisms. *Lett Appl Microbiol* **34**: 162-167.
- Schloss PD, Handelsman J (2005). Introducing DOTUR, a Computer Program for Defining Operational Taxonomic Units and Estimating Species Richness. *Appl Environ Microb* **71**: 1501-1506.
- Schloss PD, Handelsman J (2006). Introducing SONS, a tool for operational taxonomic unit-based comparisons of microbial community memberships and structures. *Appl Environ Microb* **72**: 6773-6779.
- Schloss PD, Westcott SL, Ryabin T, Hall JR, Hartmann M, Hollister EB *et al* (2009). Introducing mothur: Open-Source, Platform-Independent, Community-Supported Software for Describing and Comparing Microbial Communities. *Appl Environ Microbiol* **75**: 7537-7541.
- Schneider T (2008). Dust and fibers as a cause of indoor environment problems. *Scand J Work Env Hea* **34**: 10-17.
- Täubel M, Rintala H, Pitkäranta M, Paulin L, Laitinen S, Pekkanen J *et al* (2009) The occupant as a source of house dust bacteria. *J Allergy Clin Immunol* **124**: 834-840.
- Tringe SG, Zhang T, Liu X, Yu Y, Lee WH, Yap J *et al* (2008). The airborne metagenome in an indoor urban environment. *PLoS ONE* **3**: 1-10.
- Wang Z, Reponen T, Grinshpun SA, Górny RL, Willeke K (2001). Effect of sampling time and air humidity on the bioefficiency of filter samplers for bioaerosol collection. *J Aerosol Sci* **32**: 661-674.

Wichmann J, Lind T, Nilsson MAM, Bellander T (2010) PM_{2.5}, soot and NO₂ indoor-outdoor relationships at homes, pre-schools and schools in Stockholm, Sweden. *Atmos Environ* **44**: 4536-4544.

Xie X, Li Y, Chwang AT, Ho PL, Seto WH (2007) How far droplets can move in indoor environments - revisiting the Wells evaporation falling curve. *Indoor Air* **17**: 211–225.

Zuraimi MS, Tham KW (2008). Indoor air quality and its determinants in tropical child care centers. *Atmos Environ* **42**: 2225-2239.

II.3 RESULTATS SUPPLEMENTAIRES : ANALYSE DE LA DIVERSITE EUCARYOTES

II.3.A Matériel et Méthodes

Ce chapitre présente la caractérisation de la diversité eucaryote présente dans l'air de deux environnements intérieurs. En particulier, il détaille la dynamique temporelle et spatiale de cette diversité dans le musée du Louvre et un bureau paysager.

II.3.A.a Séquençage

Les échantillons ont été amplifiés en utilisant les amorces suivantes : l'amorce eucaryote sens (5'-CCATCTCATCCCTGCGTGTCTCCGACTCAGACGAGTGCCTTAATTTGACTCAACACGG-3') pour l'échantillon J1 et (5'-CCATCTCATCCCTGCGTGTCTCCGACTCAGATCAGACACGCTTAATTTGACTCAACACGG-3') pour l'échantillon J164 et l'amorce eucaryote anti-sens (5'-CCTATCCCCTGTGTGCCTTGGCAGTCTCAGGGGCATCACAGACCTGTT-3'). Pour les échantillons bureau et musée, l'amorce eucaryote sens (5'-CCATCTCATCCCTGCGTGTCTCCGACTCAGTGATACGTCTCTTAATTTGACTCAACACGG-3') et l'amorce eucaryote anti sens (5'-CCTATCCCCTGTGTGCCTTGGCAGTCTCAGGGGCATCACAGACCTGTT-3') ont été utilisées. Des aliquots d'ADN de chaque échantillon ont été utilisés pour une réaction PCR de 50 µL. Des séquences avec une taille moyenne de 220 pb ont été amplifiées afin de construire quatre banques eucaryotes. Le système Gene Amp High Fidelity PCR (Applied Biosystems) a été utilisé pour la PCR dans les conditions suivantes : 95°C pendant 10 min, suivie de 30 cycles de 95°C pendant 30 s, 50°C pendant 30 s et 72°C pendant 1 min et une étape finale d'élongation à 72°C pendant 10 min. Tous les amplicons produits à partir d'échantillons différents ont été purifiés à l'aide de billes Agencourt AmPure XP (Agencourt Bioscience Corporation, MA, Etats-Unis). A l'issue de cette étape de purification, une partie des amplicons est contrôlée sur puce Agilent DNA 1000 (Agilent Technologies), afin de contrôler l'absence d'un pic aux environs de 120 pb, représentatif de la présence de dimères d'amorces. Les amplicons ont été séquencés en utilisant le 454 GS-FLX Titanium (Roche).

II.3.A.b Analyses phylogénétiques

Chaque séquence a été nettoyée de toutes les amorces et les séquences plus courtes (> = 150 pb) ont été enlevées à l'aide de la plateforme dédiée de RDP. Les séquences ont été vérifiées pour les chimères, ont été alignées et une matrice de distance a été générée en utilisant MOTHUR (v.1.20.0) (Schloss *et al.*, 2009). Les phylotypes ont été définis sur la base de 97% de similarité par le programme DOTUR (Schloss et Handelsman, 2005). Un représentant de chaque phylotype a été comparé à la base de données publique NCBI avec le programme MOTHUR (v.10.27). Les courbes de raréfaction et les indices de diversité ont été obtenus par le biais du programme DOTUR à 97% de similarité.

Un total de 55 339 séquences d'ARN ribosomique 18S a été analysé dans le but d'accéder à la diversité eucaryote présente dans l'air des environnements intérieurs. Parmi elles, 21 733 étaient

affiliées à différents domaines des plantes ou encore aux *Metazoa*. Ces séquences n'ont pas été gardées pour l'analyse suivante.

II.3.B Résultats

II.3.B.a Diversité temporelle des organismes eucaryotes dans l'air du Musée du Louvre

Deux banques d'ADNr 18S ont été construites à partir des prélèvements ponctuels réalisés les jours 1 et 164 dans le Musée du Louvre. Un total de 14 329 séquences pour l'échantillon J1 et de 15 499 séquences pour J164, ont été analysées sur la base de 97% de similarité. Ces séquences sont distribuées en 300 et 736 phylotypes pour J1 et J164, respectivement.

➤ Analyse au niveau du groupe

Les différentes séquences appartenant aux *Eukarya* ont été analysées au niveau groupe. On retrouve dans l'air du musée une faible diversité de groupes (2 à 3 pour les échantillons J1 et J164, respectivement) (Figure 46).

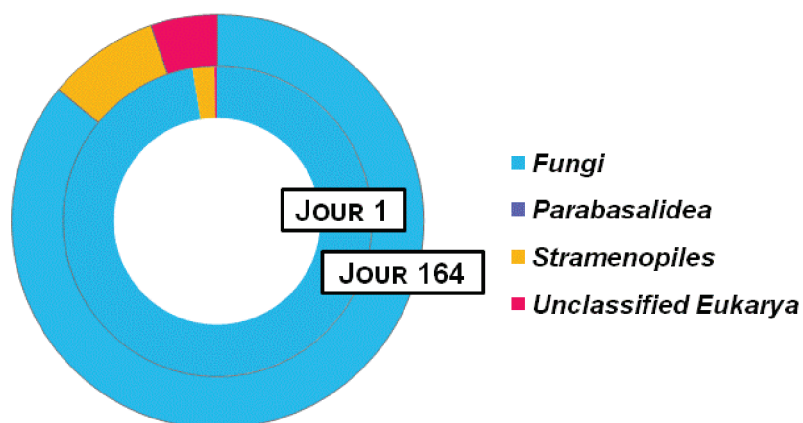


Figure 46 : Répartition des phyla eucaryotes dans chacun des échantillons d'air du musée du Louvre. Les cercles représentent, en partant de l'intérieur, l'échantillon J1 et J164.

Néanmoins, la diversité eucaryote du Musée du Louvre est majoritairement dominée par le groupe des *Fungi* (97,5% des séquences pour J1 et 86,0% des séquences pour J164). Le second groupe retrouvé dans les deux échantillons est celui des *Stramenopiles* (2,3% des séquences pour J1 et 8,8% des séquences pour J164). Le groupe des *Parabasalidea* a été retrouvé dans un seul des échantillons d'air intérieur (0,02% des séquences de l'échantillon J164).

➤ Analyse au niveau phylum et phylotype

La diversité eucaryotes de l'air intérieur du Musée du Louvre est dominée par les champignons affiliés aux *Ascomycota* (pour 92,2% J1 et 64,9% pour J164) et aux *Basidiomycota* (7,3% pour J1 et 32,3% pour J164) quelque soit la date du prélèvement (Figure 47).

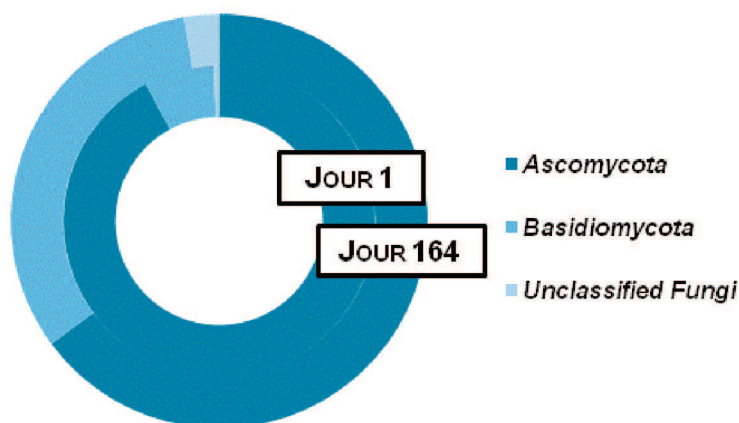


Figure 47 : Répartition des phyla fongiques de chacun des échantillons d'air du musée du Louvre. Les cercles représentent, en partant de l'intérieur, l'échantillon J1 et J164.

La diversité eucaryote des bioaérosols intérieurs a été évaluée à l'aide de plusieurs paramètres tels que les indices de diversité (Simpson et S_{chao1}), le recouvrement (C) (Tableau 23) et les courbes de raréfaction (Figure 48).

Tableau 23 : Analyse de la diversité eucaryote de deux échantillons d'air intérieur (J1 et J164).

Echantillons	Nombre de séquences	Nombre de phylotypes	Recouvrement C (%)	Indices de diversité	
				S_{chao1}	Simpson
Jour 1	14329	300	65	429	3.1
Jour 164	15499	736	61	1232	5.3

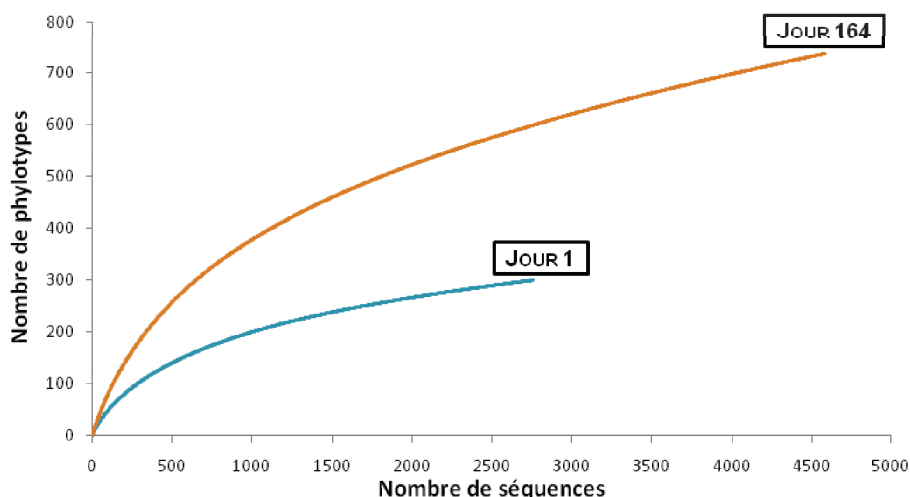


Figure 48 : Courbes de raréfaction déterminées à partir de bibliothèques ADN 18S pour les échantillons d'air J1 et J164.

En se basant sur les courbes de raréfaction construites à partir des données et de l'analyse des valeurs, les échantillons devraient contenir au total 429 et 1 232 OTU distincts pour J1 et J164, respectivement. Le recouvrement calculé est similaire pour les deux échantillons. Les indices de Simpson ont montré que la diversité eucaryote différait en fonction du jour de prélèvement. L'indice de Simpson est plus élevé pour l'échantillon J164. Par ailleurs, les valeurs données par S_{chao1} prédisent une diversité eucaryote trois fois plus élevée pour J164.

Les données mettent en évidence des différences de diversité au niveau phylum et phylotype entre les échantillons J1 et J164, soulignant une variabilité temporelle des eucaryotes dans l'air.

II.3.B.b Diversité spatiale des organismes eucaryotes dans l'air de deux espaces clos

Deux banques d'ADN 18S ont été construites à partir des prélèvements intégrés réalisés dans le musée et dans le bureau. Un total de 13 064 séquences pour le musée et de 10 447 séquences pour le bureau ont été analysées sur la base de 97% de similarité. Ces séquences sont distribuées en 722 et 1 029 phylotypes pour le musée et le bureau, respectivement.

➤ Analyse au niveau du groupe

La diversité eucaryote est représentée par trois groupes différents, mais reste largement dominée par le groupe des *Fungi* (Figure 49). Le groupe des *Fungi* apparaît comme le groupe le mieux représenté dans les deux échantillons d'air, avec 97,8% et 99,6% des séquences dans le musée et le bureau, respectivement.

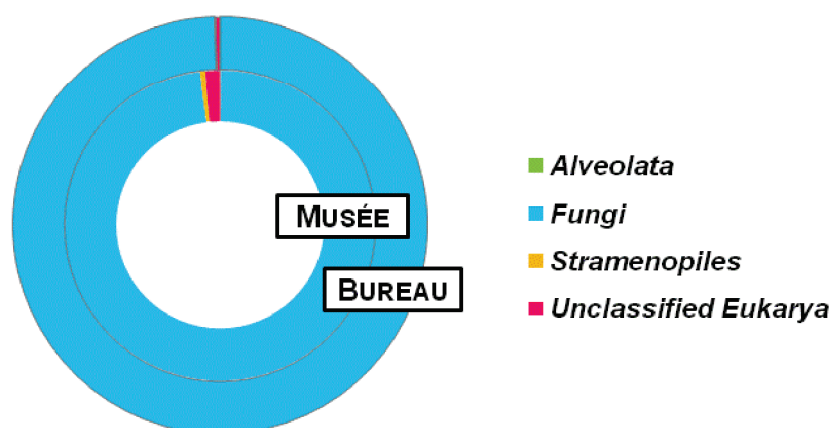


Figure 49 : Répartition des phyla eucaryotes dans chacun des échantillons d'air intérieur. Les cercles représentent, en partant de l'intérieur, le musée et le bureau.

➤ Analyse au niveau phylum et phylotype

La diversité eucaryotes de l'air intérieur du musée et du bureau est principalement dominée par les champignons affiliés aux *Basidiomycota* (63,7% des séquences pour le musée et 66,5% des séquences pour le bureau) et aux *Ascomycota* (35,0% pour le musée et 32,3% pour le bureau), quelque soit le lieu étudié (Figure 50).

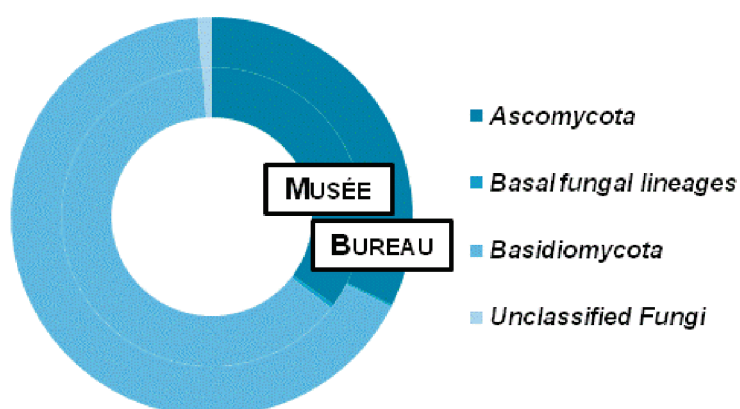
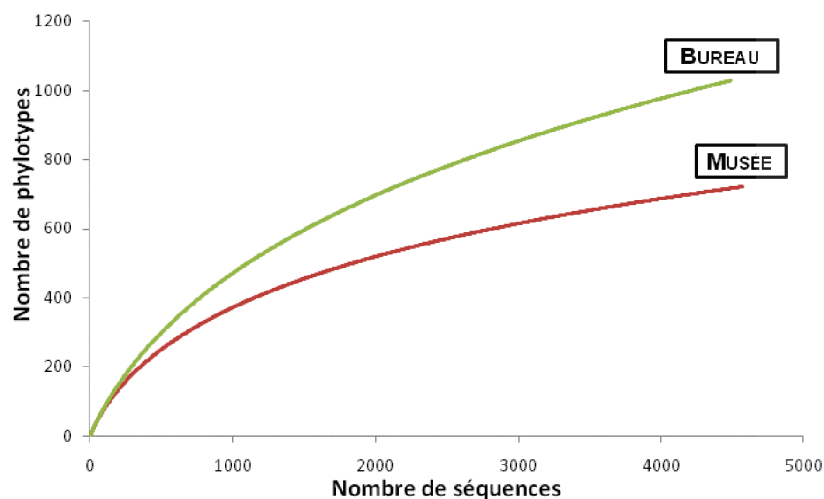


Figure 50 : Répartition des genres fongiques retrouvés dans les échantillons d'air du musée et du bureau. Les cercles représentent, en partant de l'intérieur, le musée et le bureau.

Comme précédemment, la diversité eucaryote des bioaérosols du musée et du bureau, a été évaluée à l'aide de plusieurs paramètres permettant de mesurer la diversité (Figure 51 et Tableau 24).

Tableau 24 : Analyse de la diversité eucaryote de l'air de deux environnements intérieurs (un musée et un bureau).

Echantillons	Nombre de séquences	Nombre de phylotypes	Recouvrement C (%)	Indices de diversité	
				S_{chao1}	Simpson
Musée	13064	722	67	1039	5.1
Bureau	10447	1029	56	1682	5.3

**Figure 51 : Courbes de raréfaction déterminées à partir de bibliothèques ADNr 16S pour les échantillons d'air du musée et du bureau.**

L'analyse des valeurs et des courbes de raréfaction estime qu'un total de 1 039 et 1 622 OTU distincts est retrouvé dans l'air du musée et du bureau, respectivement. Le recouvrement calculé est plus élevé pour le musée que pour le bureau. Les indices de Simpson et de S_{chao1} sont du même ordre de grandeur et montrent que la microflore eucaryote présente une diversité équivalente dans le musée et le bureau.

D'un point de vue spatial (deux sites de prélèvements différents), la diversité eucaryote moyennée sur quatre semaines apparaît plus stable.

II.3.C Discussion et conclusions

A l'heure actuelle, il n'existe que très peu de données disponibles permettant de caractériser la diversité des eucaryotes présents dans l'air des espaces clos (Chapitre 1, § IV.2.A.a).

Deux études traitant du sujet ont été publiées, l'une portant sur l'air d'une piscine thérapeutique et l'autre sur deux centres commerciaux. Les résultats de l'analyse de la diversité montrent comme dans notre étude la prédominance de séquences fongiques et notamment des phyla *Ascomycota* et *Basidiomycota* (Tringe *et al.*, 2008 ; Angenent *et al.*, 2005).

Récemment, quelques études se sont intéressées à la diversité fongique en aérosols de l'air extérieur par l'utilisation de méthodes moléculaires. Les auteurs suggèrent que les séquences d'ADN fongiques détectés dans l'air, proviennent de spores (connues pour résister aux stress environnementaux et pour leur capacité à survivre aux transports dans l'air) (Desprès *et al.*, 2007 ; Fröhlich-Nowoisky *et al.*, 2009). L'air extérieur apparait majoritairement dominé par les *Ascomycota* et les *Basidiomycota* quelque soit le lieu de prélèvement et le temps. Les différences observées sont au niveau de l'abondance de chaque phyla dans les différents échantillonnages (Boreson *et al.*, 2004 ; Desprès *et al.*, 2007 ; Fierer *et al.*, 2008 ; Fröhlich-Nowoisky *et al.*, 2009 ; Lee *et al.*, 2010).

Pour les personnes souffrant d'allergies, l'exposition à des spores fongiques ou des pollens en environnements intérieurs est particulièrement préoccupante. L'ensemble des maladies allergiques (asthme, rhinite, conjonctivite, etc.) concerne 20% de la population dans les pays industrialisés. La concentration en allergènes dans les lieux clos résulte assez souvent d'une mauvaise aération ou ventilation conduisant à une augmentation des concentrations en polluants et ainsi à une dégradation de la QAI. Si les spores d'ascomycètes (*Cladosporium* spp., *Aspergillus* spp. ou *Alternaria* spp.) sont fréquemment citées comme pouvant induire un certain nombre de réponses allergiques (Kurup *et al.*, 2000), les basidiomycètes sont eux, peu incriminés malgré qu'ils apparaissent représenter une part importante de la diversité fongique de l'air. L'exposition des individus aux spores de basidiomycètes ainsi que leurs implications dans les phénomènes allergiques sont peu documentées. L'étude de Helbling *et al.* (1998) démontre l'existence d'une sensibilisation aux basidiomycètes fréquente chez des sujets souffrant d'allergies respiratoires. Par ailleurs, ils mirent en évidence que des spores de *Pleurotus pulmonalis* pouvaient certainement induire des allergies respiratoires chez des sujets sensibilisés. Une autre étude sur quelques 701 adultes vivant aux Etats Unis ou en Europe de l'Ouest, montre que les basidiomycètes peuvent être une importante source d'allergènes de l'air et ce, dans des régions géographiquement très disparates. En outre, ces allergènes pourraient représenter un réel risque sanitaire pour les personnes souffrant d'asthme (Lehrer *et al.*, 1994).

Contrairement à la diversité bactérienne, qui affiche une certaine stabilité à la fois dans le temps et sur différents environnements, les données montrent une variabilité temporelle de la diversité eucaryote (Chapitre 2, § II.1 et § II.2). Cette observation est à relier à la valeur de stabilité obtenue à partir des profils de CE-SSCP. En effet, alors que la stabilité bactérienne était d'environ 55%, elle avoisinait les 30% pour la stabilité eucaryote.

D'un point de vue méthodologique, il n'y a pas congruence entre l'identification des champignons basée sur l'ADNr 18S et la classification encore essentiellement basée sur la région ITS, et sur les caractéristiques morphologiques et physiologiques. Ceci parce que l'ensemble des champignons n'ont aucune cohérence phylogénétique. Il existe des formes sexuées et non sexuées classées séparément. La région ITS habituellement utilisée est pertinente pour une classification intra-

spécifique. Ainsi, les analyses phylogénétiques ont uniquement permis d'accéder de manière pertinente au niveau phylum. En effet, la résolution donnée par l'utilisation de l'ADNr 18S n'est pas en accord avec la classification actuellement utilisée pour les eucaryotes, et en particulier celle des *Fungi*. L'ADNr 18S n'est pas assez variable chez les eucaryotes pour permettre une identification au niveau « genre ». Par contre, au niveau phyla, ce marqueur apparaît tout à fait indiqué. Plusieurs propositions peuvent être émises et utilisées en fonction des objectifs visés:

- L'utilisation de l'ADNr 18S comme marqueur « universel » pour les eucaryotes dans la caractérisation de la diversité eucaryote avec une résolution au niveau phyla (*Ascomycota*, *Basidiomycota*...) dans la classification actuellement utilisée.
- Le recours à une approche plus ciblée en utilisant par exemple les régions intergéniques (Reddy *et al.*, 2005).

CHAPITRE 3 –DISCUSSION GENERALE ET CONCLUSIONS

Le travail réalisé lors de cette thèse a conduit à la caractérisation de la diversité microbienne de l'air de 3 espaces clos de manière qualitative et quantitative. Les sites investigués sont des lieux sensibles d'un point de vue des occupants (Hôpital), de la densité de fréquentation (Le Musée du Louvre) ou d'un temps d'exposition prolongé (Bureau). La méthodologie est basée sur une étude *in situ* nécessitant le développement d'une stratégie d'échantillonnage spécifique des environnements clos en lien avec les outils analytiques de microbiologie moléculaire mis en œuvre dans l'étude. Ce travail apporte une nouvelle vision de la microbiologie de l'air, de sa dynamique temporelle et spatiale ainsi qu'une meilleure connaissance de l'exposition des occupants aux microorganismes de l'air intérieur. En particulier, il a permis la mise en évidence des espèces pathogènes ou allergisantes et le la création d'une base de données permettant le développement de nouveaux outils de surveillance.

I LA COLLECTE DES AEROSOLS MICROBIENS EN ENVIRONNEMENT INTERIEUR

Le travail de thèse a comporté en premier lieu, une dimension méthodologique avec la mise en place de deux types d'échantillonnage des aérosols microbiens dans les espaces clos (des prélèvements « ponctuels » dans l'ambiance des sites et des prélèvements « intégrés » réalisés au niveau des centrales de traitement d'air). Des optimisations ont également été apportées aux protocoles d'analyses moléculaires afin de les appliquer spécifiquement aux aérosols microbiens des environnements intérieurs.

Le premier axe de notre démarche expérimentale a consisté à développer puis à valider nos protocoles en environnements réels sur des bases qualitatives et quantitatives.

Nous avons mis en évidence l'intérêt de recourir à des collecteurs haut-débit qui permettent de s'affranchir de certains biais liés à une trop faible quantité d'ADN collecté, pour la réalisation d'analyses moléculaires dans des conditions optimales (Angenent *et al.*, 2005 ; Peccia et Hernandez, 2006 ; Tringe *et al.*, 2008). Ceci est concordant avec les observations de Kejun (2011), qui concluent à la meilleure efficacité des collecteurs par filtration et par impaction en milieu liquide en raison d'une plus haute efficacité de collecte.

En outre, un certain nombre de vérifications analytiques a été mis en œuvre permettant ainsi de s'assurer de la pertinence et de l'absence de différences significatives entre des collecteurs sélectionnés.

L'application de ces protocoles à des prélèvements *in situ* a permis de caractériser de manière pertinente la diversité microbienne en aérosols dans les environnements intérieurs.

II IDENTIFICATION MOLECULAIRE DES AEROSOLS MICROBIENS DE L'AIR INTERIEUR

Dans le travail de thèse présenté, la microbiologie de l'air a été décrite grâce aux nouvelles techniques de séquençage permettant d'accéder à une diversité microbienne rare et souvent non cultivée (cas en particulier des microorganismes pathogènes). Les résultats montrent une vision qualitative différente de celle observée par des méthodes culturales. Ils ont conduit à une meilleure connaissance de l'exposition des populations des espaces clos aux microorganismes aéroportés.

Les résultats produits ont alimenté une base de données moléculaires locale (AirInt) sur la diversité bactérienne et fongique de l'air intérieur (Figure 52). Cette base a été réalisée à partir de 45 788 séquences bactéries et 53 339 séquences eucaryotes. Composée de 8 335 microorganismes identifiés, elle associe également des informations sur l'origine des microorganismes en lien avec la base de données Genbank. Une telle base regroupe environ 100 fois plus d'information que l'ensemble des données de culture sur l'air intérieur publié depuis 1980 (Chapitre 1, § VI.2.B et § VI.2.A).

Les applications d'une base de données de ce type sont multiples. Tout d'abord, elle permet de faire un état des lieux de la qualité microbiologique d'un air « considéré comme sain » dans deux espaces clos différents, le bureau et le Musée du Louvre. En se référant à cette base, il est possible par comparaison de jeux de données de définir un air pouvant être qualifié de « dégradé ». Une démarche similaire a été mise en œuvre pour l'écosystème buccal, avec le développement d'une base spécifique mise en ligne appelée HOMD, qui permet à la communauté scientifique d'accéder à des données ordonnées spécifiques de la diversité microbienne retrouvée dans cet écosystème, au sein duquel la plupart des microorganismes sont non-cultivés (Chen *et al*, 2010b).

Dans le cadre d'une surveillance sanitaire (émergence, seuil critique) ou de défense (bioterrorisme), la base de données constituée peut être appliquée au développement de nouveaux outils de détection ou à la vérification *in silico* de la pertinence des outils de détection déjà développés. Par exemple, en s'appuyant sur les avancées récentes en termes de systèmes de capteurs (Ivnitsky *et al.*, 1999 ; Yeh *et al.*, 2012) et sur les progrès de la microfluidique en matière de détection biologique (Lee *et al.*, 2008), il paraît envisageable de développer un système de balise d'alerte, basé sur la détection d'indicateurs microbiens (espèces pathogènes, groupes ou espèces signant la diversité de l'air des espaces clos), et ce tout en intégrant biocollecte et analyse moléculaire, permettant d'assurer une surveillance de la qualité microbiologique de l'air. A l'heure actuelle, il est nécessaire de supprimer les éventuels verrous technologiques liés à la miniaturisation ainsi qu'à l'intégration de la biocollecte et de l'analyse moléculaire.

La démarche appliquée dans cette étude, permettant la réalisation d'un état des lieux qualitatif de la diversité microbienne de l'air intérieur, apparaît pertinente dans le but d'évaluer dans différents espaces clos (y compris les nouveaux bâtiments), et pourra être appliquée à plus grande échelle.

Phyla et genre donnés par SEQMATCH								
Nombre de séquences et site de présence								
OTU	M	B	H	Représentant de l'OTU	Similarité	Groupe	Genre	Séquence la plus proche dans la base de données
IoNA 1	16	2	1	G4TICC403GIOMM	0.992	Actinobacteria		Nocardioides sp. LMG 20237
IoNA 2	6	8	13	G4TICC403GJJ8R	1	Actinobacteria		Aeromicrobium ginsengisoli (T)
IoNA 3	447	0	7	G4TICC403GLHRZ	1	Actinobacteria		uncultured bacterium
IoNA 4	7	1	2	G4TICC403GSLXU	0.996	Firmicutes	Dialister	Dialister sp. oral clone BS095
IoNA 5	64	6	3	G4TICC403G719H	0.889	Firmicutes	Symbiobacterium	uncultured bacterium
IoNA 6	5	2	5	G4TICC403G2MAE	1	Proteobacteria	Rheinheimera	Rheinheimera sp. THWCSN2
IoNA 7	1	0	0	G4TICC403G8LCR	0.996	Proteobacteria	Aeromonas	uncultured bacterium
J1	J157	J164						
MILIA 1	68	19	25	HAV7D9G02BWRDO	1	Proteobacteria	Acinetobacter	unidentified bacterium
MILIA 2	6	18	2	HAV7D9G02COUPG	0.996	Actinobacteria	Actinomycetospira	Actinomycetospira sp. TT071-57
MILIA 3	4	0	0	HAV7D9G02BWL0B	0.996	Bacteroidetes	Flavobacterium	Flavobacterium sp. B053
MILIA 4	3	0	1	HAV7D9G02B25X4	1	Proteobacteria	Naxibacter	Naxibacter alkalitolerans (T)
MILIA 5	28	5	2	HAV7D9G02B9HHJ	1	Proteobacteria	Acinetobacter	uncultured bacterium
MILIA 6	5	0	0	HAV7D9G02BWE2J	1	Actinobacteria		uncultured Corynebacterium sp.
MILIA 7	53	0	0	HAV7D9G02B2QR0	1	Firmicutes	Lysinibacillus	Bacillus massiliensis

OTU et son numéro

Nom de la séquences présentant l'OTU

% de similarité

Nom de la séquence identifiée dans la Base de données

Titre de la publication associée			
Número d'accesion	Publication associée	Environnement	Origine
AJ316318	Bacterial and fungal diversity and biodeterioration problems in		AE
AB245394	Aeromicrobium ginsengisoli sp. nov., isolated from a ginseng field	soil of the ginseng field	Soil
GQ111666	Topographical and temporal diversity of the human skin microbiome	skin, antecubital fossa	Skin
AF287787	Bacterial diversity in human subgingival plaque		Human
GU325833	Molecular Analysis of Bacterial Community DNA in Sludge Undergoing	thermophilic sludge from wastewater	Waste
AM888197	Rheinheimera sp. THWCSN2, a novel isolate from Western Ghats, India	sediment sample	Sediment
JF166791	Direct Submission	skin, popliteal fossa	Skin
Z93987	Phylogenetic analysis and in situ identification of bacteria in		AE
AB514519	Description of Actinomycetospira chibensis sp. nov.,		ND
AM111087	Phylogenetic analysis of cultured bacteria in the deep sea sediment	deep sea sediment	Sediment
AY679161	Naxibacter alkalitolerans gen. nov., sp. nov., a novel member of		ND
EF174236	Cloned 16S ribosomal RNA gene sequence from direct PCR of activated	activated sludge	Waste
EF419421	Substantial alterations of the cutaneous bacterial biota in	human skin	Skin
DQ350816	Screening of Bacteria Having Thermostable Hydantoinase &		ND

Numéro d'accesion GENBANK

Environnement associé à la séquence

Nom générique déterminant l'origine

Figure 52 : Extrait de la base de données « Airlnt ».

III IMPACTS SANITAIRES

La connaissance de l'exposition et des sources de microorganismes contribuant à la qualité de l'air intérieur, apparaît indispensable pour la compréhension des risques, ainsi que pour assurer une meilleure définition et gestion de la QAI. Un Observatoire de la Qualité de l'Air Intérieur (OQAI) a d'ailleurs été créé en 2001, afin de disposer d'un outil de surveillance de la QAI, afin d'aider les pouvoirs publics dans leurs prises de décision. L'objectif de surveillance et d'amélioration de la QAI, ont récemment été intégrés au Grenelle 2 de l'environnement, témoignant ainsi de l'intérêt des pouvoirs publics. La loi du 12 juillet 2010 pose d'ailleurs l'obligation de surveiller périodiquement la qualité de l'air intérieur dans certains ERP accueillant des populations sensibles ou exposées sur de longues périodes (les crèches, les écoles, les établissements d'accueil de personnes handicapées ou encore les établissements pénitentiaires pour mineurs).

Ce travail de thèse étudie pour la première fois, la dynamique temporelle et spatiale de la microflore bactérienne et eucaryote dans différents espaces clos, sans recours à la cultivabilité des microorganismes. Les résultats montrent que dans le cas des bactéries, la diversité varie peu dans le temps et l'espace, soulignant une signature microbiologique de l'air intérieur.

En effet, l'origine humaine de l'aérobiocontamination, déjà constatée dans la littérature par d'autres approches (culture, biomarqueurs...) (Favero *et al.*, 1968 ; Liu *et al.*, 2000 ; Pastuszka *et al.*, 2000 ; Clark et De Calcina-Goff, 2009), a été confirmée par les résultats de ce travail de thèse. Dans le travail présenté, la description de la diversité et de l'origine des séquences communes montre une proximité entre les structures des communautés de la peau et des muqueuses nasales, par rapport à la structure de la diversité de l'écosystème digestif ou buccal.

De plus, parmi les « *core species* », il apparaît qu'une forte proportion (72% des séquences) est proche de microorganismes pathogènes, pathogènes opportunistes ou commensaux humains. Les principaux groupes microbiens pouvant avoir un impact sur la santé étaient des microorganismes opportunistes (tels que *Haemophilus influenzae*, *Acinetobacter baumannii* et *Lwoffii*, *Aerococcus viridians* ou *Thermoactinomyces vulgaris*) ou commensaux (tel que *Clostridium perfringens*). Des groupes microbiens pathogènes ont été retrouvés dans l'air des 3 sites investigués, comme dans les autres études portant sur la diversité microbienne de l'air intérieur. Il s'agissait de *Borrelia* spp., *Burkholderia* spp., *Legionella* spp., *Neisseria* spp. et *Mycobacterium* spp.

Ce résultat souligne le rôle de l'air comme vecteur de microorganismes pouvant avoir des implications sanitaires, établissant ainsi un lien fort entre qualité microbiologique de l'air intérieur et santé.

Ce constat amène à se poser plusieurs questions. En effet, ces dix dernières années, en raison des enjeux de lutte contre le réchauffement climatique, des efforts ont été consentis dans le milieu de la construction afin d'améliorer les performances énergétiques des bâtiments, qu'ils appartiennent au parc « ancien » ou « neuf et récent » (Derbez *et al.*, 2011). Ces efforts ont conduit à l'obtention de bâtiments moins consommateurs d'énergie tels que les bâtiments à basse consommation (BBC). En effet, ces nouveaux bâtiments ou encore certains lieux publics (écoles, musées, ...) sont soumis à certains usages anthropiques très intenses associés à des contingences du bâtiment tels que l'absence d'ouverture des fenêtres ou la diminution du taux de renouvellement d'air afin de limiter les déperditions de chaleur durant la période de chauffe hivernale. Ces pratiques favorisent les exigences énergétiques et le confort thermique par rapport aux concentrations de polluants

intérieurs. Ainsi, un des enjeux des bâtiments performants en énergie est de concilier les économies d'énergie avec une qualité de l'air satisfaisante et le bien-être des occupants (Derbez, 2009). A l'heure actuelle, le manque d'études et la diversité des méthodes d'évaluation de la QAI employées dans ces travaux, ne permettent pas d'aboutir à des conclusions (Derbez *et al.*, 2010). En outre, la qualité microbiologique de l'air de ce type de bâtiment, n'a jamais été investiguée. De part, les modes de vie actuels, essentiellement à l'intérieur et l'occupant comme source majeure de contamination microbiologique de l'air, un certain nombre d'interrogations essentielles se pose concernant ces bâtiments plus étanches. Ces restrictions énergétiques ne se font-elles pas au détriment de la qualité d'air ? Quelles solutions peuvent être apportées ?

En revanche, les résultats montrent dans le cas de l'air de l'hôpital, la présence de microorganismes impliqués dans les Infections Nosocomiales (IN) comme *Acinetobacter baumannii*. Celui-ci représente 0,2% des séquences dans l'air de cet environnement. Les dernières données françaises disponibles et publiées par le réseau d'alerte, d'investigation et de surveillance des infections nosocomiales (RAISIN) en 2004, impliquent ce microorganisme dans 1,1% des infections nosocomiales. La difficulté de lutte contre les infections à *Acinetobacter baumannii* réside également dans le développement de souches multi-résistantes aux antibiotiques. Malgré l'organisation, dès 1988, de la surveillance et de la prévention des IN, le risque de contracter à l'hôpital une infection perdure. En effet, en moyenne 7% des patients admis déclarent une IN, cette proportion pouvant atteindre 30% dans certains services de réanimation (INVS, 2006). Pour lutter contre les IN, les établissements associés au Comité de Lutte contre les Infections Nosocomiales (CLIN) ont déployé de nombreuses mesures de préventions. Les principales concernent l'hygiène des mains, l'isolement des sujets sensibles, une surveillance de l'usage des antibiotiques pour lutter contre l'émergence de souches multi résistantes, ou encore la surveillance de la qualité microbiologique de l'air, de l'eau et des surfaces. Néanmoins le poids de chacun des compartiments de contamination environnementaux reste méconnu, y compris pour l'air.

La présence dans l'air de microorganismes impliqués dans les IN souligne le rôle potentiel de l'air dans leur transport. Ils sont susceptibles d'être par la suite transmis directement ou indirectement via les surfaces, à des personnes sensibles.

D'un point de vue sanitaire, les phénomènes d'allergies respiratoires sont de plus en plus fréquents et dans les causes identifiées la part de l'environnement apparaît importante (Bush *et al.*, 2006 ; Fisk *et al.*, 2007 ; Mendell *et al.*, 2011). Dans notre étude, les Basidiomycètes, apparaissent très largement présents dans l'air intérieur (entre 8 et 67%) en comparaison des études basées sur la culture dans lesquels ils sont rarement recherchés ou identifiés (Tableau 10). Néanmoins, ils sont impliqués dans quelques cas d'allergies respiratoires (Lehrer *et al.*, 1994 ; Helbling *et al.*, 1998). Les résultats de notre étude et des deux inventaires moléculaires de l'air intérieur mis en œuvre avec une approche sans *a priori*, soulignent la pertinence de prendre en compte ce groupe dans la compréhension des phénomènes d'allergies respiratoires (Angenent *et al.*, 2005 ; Tringe *et al.*, 2008).

IV CONCLUSIONS

L'objectif de cette thèse consistait à caractériser la diversité microbienne de l'air des environnements intérieurs. Plusieurs conclusions sont émises à l'issue de ce travail de thèse :

- Le recours à une analyse moléculaire a permis d'accéder à une vision de la diversité microbienne de l'air des espaces clos, qui apparaît pertinente.
- Un certain nombre d'éléments ont été apporté, permettant d'améliorer la connaissance actuelle de la diversité des aérosols microbiens dans les espaces clos, tels que la forte proportion de microorganismes à Gram négatif (*Proteobacteria*) par rapport aux méthodes par culture qui mettaient en évidence une diversité essentiellement dominée par les bactéries à Gram positif (*Bacillus* spp. ...). Les principaux groupes microbiens pouvant avoir un impact sur la santé étaient des microorganismes opportunistes (tels que *Haemophilus influenzae*, *Acinetobacter baumannii* et *lwoffii*, *Aerococcus viridians* ou *Thermoactinomyces vulgaris*) ou commensaux (tel que *Clostridium perfringens*). Des genres pathogènes tels que *Borrelia* spp., *Legionella* spp., *Neisseria* spp. et *Mycobacterium* spp. ont également été retrouvés. Ces résultats montrent le rôle de l'air intérieur comme vecteur potentiel pouvant être impliqués dans des problématiques sanitaires.
- L'air intérieur est stable dans le temps d'un point de vue quantitatif aussi bien pour les bactéries que pour les champignons (valeurs comprises entre $1,1.10^3$ et $5,4.10^3$ GE bacteria/m³d'air et $1,2.10^3$ à $9,9.10^3$ GE fungi/m³d'air).
- La diversité bactérienne de l'air intérieur est presque entièrement pilotée par l'Homme
 - Mise en évidence d'une signature bactérienne de l'air intérieur dont une forte proportion (72% de séquences) est constituée de microorganismes pouvant avoir un impact sanitaires (pathogènes, opportunistes ou commensaux).
 - Cette signature est en lien avec les apports individuels moyens tels que débris de peau, air expiré, poussières d'origine anthropique (vêtements, rue...).
- La diversité eucaryote de l'air intérieur est variable et partiellement associée à différents apports provenant de l'air extérieur.
- Une base de données a été constituée afin de caractériser l'air intérieur « considéré comme sain ».
- Des « core-species » tels que *Paracoccus* sp., *Pseudomonas* sp., *Acinetobacter* sp., *Streptococcus* sp. and *Sphingomas* sp., ont été définis grâce à cette base de données et peuvent servir de référence pour le développement d'indicateurs microbiens de l'air intérieur.

Dans l'avenir, pour compléter les connaissances actuelles sur la microbiologie de l'air et ainsi disposer d'une vision plus exhaustive, il serait intéressant d'appliquer à ce domaine d'étude, les dernières avancées en matière de description des écosystèmes et notamment les outils de métagénomique non ciblée. Cette approche sans a priori, précédemment appliquée aux espaces clos (Tringe *et al.*, 2008) permettrait d'accéder à la diversité des virus à ADN et des archées, ainsi qu'aux

gènes majoritairement retrouvés dans l'air intérieur (virulence, résistance, adhésion...). Les virus à ARN responsables d'une part importante des problématiques sanitaires sont également à prendre en compte mais demande pour lors, la levée de plusieurs verrous analytiques notamment leur collecte dans des environnements peu contaminés.

En ce qui concerne la caractérisation des aérosols microbiens, le déploiement d'une méthodologie similaire dans d'autres environnements clos permettrait à terme de mieux définir les niveaux d'exposition des personnes, mais également d'alimenter la base de données initiée. Celle-ci ainsi que le recours aux nouvelles techniques de séquençage, pourra servir de cadre pour la mise en place d'une surveillance de l'air intérieur et la validation d'une QAI de référence à différents niveaux d'alerte. En effet, l'établissement des nouvelles pratiques de construction (Bâtiments BBC), de gestion de l'énergie ou encore du cycle de l'eau et des déchets, ne doivent pas être développées au détriment de la qualité de l'air intérieur. En outre, dans un but préventif cette base pourra être appliquée pour l'étude de l'efficacité des systèmes d'épuration qui connaissent à l'heure actuelle un réel essor de part les enjeux sanitaires et économiques impliqués.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Aertsen, A et Michiels, CW, (2004). Stress and how bacteria cope with death and survival. *Critical Reviews in Microbiology* **30**(4): 263-273.
- Ahmadian, A, Ehn, M et Hober, S, (2006). Pyrosequencing: History, biochemistry and future. *Clinica Chimica Acta* **363**(1-2): 83-94.
- Aintablian, N, Walpita, P et Sawyer, MH, (1998). Detection of Bordetella pertussis and respiratory syncytial virus in air samples from hospital rooms. *Infection Control and Hospital Epidemiology* **19**(12): 918-923.
- Almeida, SM, Canha, N, Silva, A, Freitas, MdC, Pegas, P, Alves, C, Evtyugina, M et Pio, CA, (2011). Children exposure to atmospheric particles in indoor of Lisbon primary schools. *Atmospheric Environment* **45**(40): 7594–7599.
- Aller, JY, Kuznetsova, MR, Jahns, CJ et Kemp, PF, (2005). The sea surface microlayer as a source of viral and bacterial enrichment in marine aerosols. *Journal of Aerosol Science* **36**(5-6): 801-812.
- Alvarez, AJ, Buttner, MP et Stetzenbach, LD, (1995). PCR for bioaerosol monitoring: sensitivity and environmental interference. *Applied and Environmental Microbiology* **61**(10): 3639-3644.
- Amann, RI, Ludwig, W et Schleifer, KH, (1995). Phylogenetic identification and in situ detection of individual microbial cells without cultivation. *Microbiological Review* **59**(1): 143-169.
- Amato, P, Ménager, M, Sancelme, M, Laj, P, Mailhot, G et Delort, A-M, (2005). Microbial population in cloud water at the Puy de Dôme: Implications for the chemistry of clouds. *Atmospheric Environment* **39**(22): 4143-4153.
- Amato, P, Parazols, M, Sancelme, M, Mailhot, G, Laj, P et Delort, A-M, (2007). An important oceanic source of micro-organisms for cloud water at the Puy de Dôme (France). *Atmospheric Environment* **41**(37): 8253-8263.
- An, HR, Mainelis, G et White, L, (2006). Development and calibration of real-time PCR for quantification of airborne microorganisms in air samples. *Atmospheric Environment* **40**(40): 7924-7939.
- Andersen, AA, (1958). New sampler for the collection, sizing and enumeration of viable airborne particles. *Journal of Bacteriology* **76**(5): 471-484.
- Angenent, LT, Kelley, ST, Amand, AS, Pace, NR et Hernandez, MT, (2005). Molecular identification of potential pathogens in water and air of a hospital therapy pool. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **102**(13): 4860-4865.
- Asan, A, Ilhan, S, Sen, B, Erkara, IP, Filik, C, Cabuk, A, Demirel, R, Ture, M, Okten, SS et Tokur, S, (2004). Airborne Fungi and Actinomycetes Concentrations in the Air of Eskisehir City (Turkey). *Indoor and Built Environment* **13**(1): 63-74.
- Atlas, RM, (1999). Legionella: from environmental habitats to disease pathology, detection and control. *Environmental Microbiology* **1**(4): 283-293.
- Augustowska, M et Dutkiewicz, J, (2006). Variability of airborne microflora in a hospital ward within a period of one year. *Annals of Agricultural And Environmental Medicine* **13**(1): 99-106.
- Awad, AHA, (2002). Environmental Study in Subway Metro Stations in Cairo, Egypt. *Journal of Occupational Health* **44**(2): 112-118.

- Aydogdu, H, Asan, A, Otkun, MT et Ture, M**, (2005). Monitoring of Fungi and Bacteria in the Indoor Air of Primary Schools in Edirne City, Turkey. *Indoor and Built Environment* **14**(5): 411-425.
- Baron, PA et Willeke, K**, (1986). Respirable droplets from whirlpools: Measurements of size distribution and estimation of disease potential. *Environmental Research* **39**(1): 8-18.
- Basilico, MdILZ, Chiericatti, C, Aringoli, EE, Althaus, RL et Basilico, JC**, (2007). Influence of environmental factors on airborne fungi in houses of Santa Fe City, Argentina. *Science of the Total Environment* **376**(1-3): 143-150.
- Bauer, H, Kasper-Giebl, A, Löflund, M, Giebl, H, Hitzenberger, R, Zibuschka, F et Puxbaum, H**, (2002). The contribution of bacteria and fungal spores to the organic carbon content of cloud water, precipitation and aerosols. *Atmospheric Research* **64**(1-4): 109-119.
- Beck, RW**, (2000). A Chronology of Microbiology in Historical Context, *American Society for Microbiology*, 391 p.
- Beggs, CB, Kerr, KG, Donnelly, JK, Sleight, PA, Mara, DD et Cairns, G**, (2000). An engineering approach to the control of Mycobacterium tuberculosis and other airborne pathogens: a UK hospital based pilot study. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene* **94**(2): 141-146.
- Bellanger, AP, Reboux, G, Roussel, S, Grenouillet, F, Didier-Scherer, E, Dalphin, JC et Millon, L**, (2009). Indoor fungal contamination of moisture-damaged and allergic patient housing analysed using real-time PCR. *Letters in Applied Microbiology* **49**(2): 260-266.
- Benbough, JE**, (1969). The Effect of Relative Humidity on the Survival of Airborne Semliki Forest Virus. *Journal of General Virology* **4**(4): 473-477.
- Blachere, FM, Lindsley, WG, Pearce, TA, Anderson, SE, Fisher, M, Khakoo, R, Meade, BJ, Lander, O, Davis, S, Thewlis, RE, Celik, I, Chen, BT et Beezhold, DH**, (2009). Measurement of Airborne Influenza Virus in a Hospital Emergency Department. *Clinical Infectious Diseases* **48**(4): 438-440.
- Bogomolova, E et Kirtsideli, I**, (2009). Airborne fungi in four stations of the St. Petersburg Underground railway system. *International Biodeterioration & Biodegradation* **63**(2): 156-160.
- Bolashikov, ZD et Melikov, AK**, (2007). Methods for indoor air disinfection and purification from airborne pathogens for application in HVAC systems. *The sixth international conference on indoor air quality, ventilation & energy conservation in buildings*, Sendai, Japan.
- Boone, DR, Castenholz, RW et Garrity, GM**, (2001). *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, Springer, New York, 1391 p.
- Booth, TF, Kournikakis, B, Bastien, N, Ho, J, Kobasa, D, Stadnyk, L, Li, Y, Spence, M, Paton, S, Henry, B, Mederski, B, White, D, Low, DE, McGeer, A, Simor, A, Vearncombe, M, Downey, J, Jamieson, FB, Tang, P et Plummer, F**, (2005). Detection of Airborne Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) Coronavirus and Environmental Contamination in SARS Outbreak Units. *The Journal of Infectious Diseases* **191**(9): 1472-1477.
- Boreson, J, Dillner, AM et Peccia, J**, (2004). Correlating bioaerosol load with PM_{2.5} and PM₁₀ concentrations: a comparison between natural desert and urban-fringe aerosols. *Atmospheric Environment* **38**(35): 6029-6041.
- Borneman, J et Triplett, EW**, (1997). Molecular microbial diversity in soils from eastern Amazonia: evidence for unusual microorganisms and microbial population shifts associated with deforestation. *Applied and Environmental Microbiology* **63**(7): 2647-2653.

- Bouillard, L, Michel, O, Dramaix, M et Devleeschouwer, M**, (2005). Bacterial contamination of indoor air, surfaces, and settled dust, and related dust endotoxin concentrations in healthy office buildings. *Annals of Agricultural and Environmental Medicine* **12**(2): 187-192.
- Breiman, RF, Cozen, W, Fields, BS, Mastro, TD, Carr, SJ, Spika, JS et Mascola, L**, (1990). Role of air sampling in investigation of an outbreak of legionnaires' disease associated with exposure to aerosols from an evaporative condenser. *Journal of Infectious Disease* **161**(6): 1257-1261.
- Brodie, EL, DeSantis, TZ, Parker, JPM, Zubieta, IX, Piceno, YM et Andersen, GL**, (2007). Urban aerosols harbor diverse and dynamic bacterial populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **104**(1): 299-304.
- Bru-Adan, V, Wery, N, Moletta-Denat, M, Boiron, P, Delgenes, JP et Godon, JJ**, (2009). Diversity of bacteria and fungi in aerosols during screening in a green waste composting plant. *Current Microbiology* **59**(3): 326-335.
- Bull, AT, Goodfellow, M et Slater, JH**, (1992). Biodiversity as a Source of Innovation in Biotechnology. *Annual Review of Microbiology* **46**(1): 219-246.
- Burge, HA et Rogers, CA**, (2000). Outdoor allergens. *Environmental Health Perspectives* **108**: 653-659.
- Bush, RK, Portnoy, JN, Saxon, A, Terr, AI et Wood, RA**, (2006). The medical effects of mold exposure. *Journal of Allergy and Clinical Immunology* **117**: 326-333.
- Casareto, BE, Suzuki, Y, Okada, K et Morita, M**, (1996). Biological Micro-Particles in Rain Water. *Geophysical Research Letters* **23**(2): 173-176.
- Cayer, MP, Veillette, M, Pageau, P, Hamelin, R, Bergeron, MJ, Meriaux, A, Cormier, Y et Duchaine, C**, (2007). Identification of mycobacteria in peat moss processing plants: application of molecular biology approaches. *Canadian Journal of Microbiology* **53**(1): 92-99.
- Chen, K et Pachter, L**, (2005). Bioinformatics for Whole-Genome Shotgun Sequencing of Microbial Communities. *PLoS Computational Biology* **1**(2): 106-112.
- Chen, YP, Cui, Y et Dong, JG**, (2010a). Variation of airborne bacteria and fungi at Emperor Qin's Terra-Cotta Museum, Xi'an, China, during the "Oct. 1" gold week period of 2006. *Environmental Science and Pollution Research International* **17**(2): 478-485.
- Chen, T, Yu, WH, Izard, J, Baranova, OV, Lakshmanan, A et Dewhirst, FE**, (2010b) The Human Oral Microbiome Database: a web accessible resource for investigating oral microbe taxonomic and genomic information. *Database*. doi: 10.1093/database/baq013
- Cho, JH, Hee Min, K et Paik, NW**, (2006). Temporal variation of airborne fungi concentrations and related factors in subway stations in Seoul, Korea. *International Journal of Hygiene and Environmental Health* **209**(3): 249-255.
- Clark, RP et De Calcina-Goff, ML**, (2009). Some aspects of the airborne transmission of infection. *Journal of the Royal Society Interface* **6**(6): 767-782.
- Comtois, P**, (1997). Pierre Miquel: the first professional aerobiologist. *Aerobiologia* **13**: 75-82.
- Cox, CS, Hood, AM et Baxter, J**, (1973). Method for comparing concentrations of the open-air factor. *Applied Microbiology* **26**(4): 640-642.
- Cresson, R**, (2006). Etude du démarrage de procédés intensifs de méthanisation. Impact des conditions hydrodynamiques et de la stratégie de montée en charge sur la formation et l'activité du biofilm. Doctorat, Montpellier, Université Montpellier II, 272 p.
- Cruz-Perez, P, Buttner, MP et Stetzenbach, LD**, (2001). Detection and quantitation of *Aspergillus fumigatus* in pure culture using polymerase chain reaction. *Molecular and Cellular Probes* **15**(2): 81-88.

- Daisey, JM, Angell, WJ et Apte, MG**, (2003). Indoor air quality, ventilation and health symptoms in schools: an analysis of existing information. *Indoor Air* **13**(1): 53-64.
- Davies, CM**, (1991). A comparison of fluorochromes for direct viable counts by image analysis. *Letters in Applied Microbiology* **13**(2): 58-61.
- Declerck, P, Behets, J, van Hoef, V et Ollevier, F**, (2007). Detection of *Legionella* spp. and some of their amoeba hosts in floating biofilms from anthropogenic and natural aquatic environments. *Water Research* **41**(14): 3159-3167.
- Deloge-Abarkan, M, Ha, TL, Robine, E, Zmirou-Navier, D et Mathieu, L**, (2007). Detection of airborne *Legionella* while showering using liquid impingement and fluorescent in situ hybridization (FISH). *Journal of Environmental Monitoring* **9**(1): 91-97.
- Deloge-Abarkan, M, Ha, TL, Robine, E, Zmirou-Navier, D et Mathieu, L**, (2009). Laboratory and field assessment of airborne *Legionella* by different air sampling systems combined with Fluorescent *in situ* hybridization and culture. **Article soumis**.
- DeLong, EF, Wickham, GS et Pace, NR**, (1989). Phylogenetic stains: ribosomal RNA-based probes for the identification of single cells. *Science* **243**(4896): 1360-1363.
- Derbez, M**, (2009) Elaboration d'un outil méthodologique d'évaluation de la qualité de l'air intérieur, du confort des occupants et des consommations énergétiques des bâtiments économes en énergie. **N°ESE-SB / 2009-053**, Rapport d'activité 2008, CSTB, 50 p.
- Derbez, M, Berthineau, B, Pignon, C, Cochet, V et Theyrat, D**, (2010) Evaluation de la qualité de l'air intérieur, du confort des occupants et des consommations énergétiques des bâtiments économes en énergie. **N°ESE-SB / 2010-015**, Rapport final, CSTB, 74 p.
- Derbez, M, Berthineau, B, Cochet, V, Lethrosne, M, Pignon, C et Riberon, J**, (2011). Évaluation de la qualité d'air intérieur, du confort des occupants et des consommations énergétiques réelles des bâtiments performants en énergie. **N° ESE-SB / 2011-068**, Rapport final, CSTB, 122 p.
- Després, VR, Nowoisky, JF, Klose, M, Conrad, R, Andreae, MO et Pöschl, U**, (2007). Characterization of primary biogenic aerosol particles in urban, rural, and high-alpine air by DNA sequence and restriction fragment analysis of ribosomal RNA genes. *Biogeosciences* **4**: 1127-1141.
- Després, VR, Huffman, JA, Burrows, SM, Hoose, C, Safatov, AS, Buryak, G, Fröhlich-Nowoisky, J, Elbert, W, Andreae, MO, Pöschl, U et Jaenicke, R**, (2012) Primary biological aerosol particles in the atmosphere: a review.
- Diederer, BMW**, (2008). *Legionella* spp. and Legionnaires' disease. *Journal of Infection* **56**(1): 1-12.
- Dimmick, RL, Wolochow, H et Chatigny, MA**, (1979). Evidence for more than one division of bacteria within airborne particles. *Applied and Environmental Microbiology* **38**(4): 642-643.
- Dinsdale, EA, Edwards, RA, Hall, D, Angly, F, Breitbart, M, Brulc, JM, Furlan, M, Desnues, C, Haynes, M, Li, L, McDaniel, L, Moran, MA, Nelson, KE, Nilsson, C, Olson, R, Paul, J, Brito, BR, Ruan, Y, Swan, BK, Stevens, R, Valentine, DL, Thurber, RV, Wegley, L, White, BA et Rohwer, F**, (2008). Functional metagenomic profiling of nine biomes. *Nature* **452**(7187): 629-632.
- Dojka, MA, Harris, JK et Pace, NR**, (2000). Expanding the Known Diversity and Environmental Distribution of an Uncultured Phylogenetic Division of Bacteria. *Applied and Environmental Microbiology* **66**(4): 1617-1621.
- Dorigo, U, Volatier, L et Humbert, J-F**, (2005). Molecular approaches to the assessment of biodiversity in aquatic microbial communities. *Water Research* **39**(11): 2207-2218.

- Durand, KTH, Muilenberg, ML, Burge, HA et Seixas, NS**, (2002). Effect of Sampling Time on the Culturability of Airborne Fungi and Bacteria Sampled by Filtration. *Annals of Occupational Hygiene* **46**(1): 113-118.
- Eduard, W, Blomquist, G, Herbert Nielsen, B et Kulvik Haldal, K**, (2001). Recognition errors in the quantification of micro-organisms by fluorescence microscopy. *Annals of Occupational Hygiene* **45**(6): 493-498.
- Edwards, RA, Rodriguez-Brito, B, Wegley, L, Haynes, M, Breitbart, M, Peterson, DM, Saar, MO, Alexander, S, Alexander, EC et Rohwer, F**, (2006). Using pyrosequencing to shed light on deep mine microbial ecology. *BMC Genomics* **7**: 57.
- Ehrlich, R et Miller, S**, (1971). Effect of relative humidity and temperature on airborne Venezuelan equine encephalitis virus. *Applied Microbiology* **22**(2): 194-199.
- Ehrlich, R et Miller, S**, (1973). Survival of airborne *Pasteurella tularensis* at different atmospheric temperatures. *Applied Microbiology* **25**(3): 369-372.
- Ehrlich, R, Miller, S et Walker, RL**, (1970a). Effects of atmospheric humidity and temperature on the survival of airborne *Flavobacterium*. *Applied Microbiology* **20**(6): 884-887.
- Ehrlich, R, Miller, S et Walker, RL**, (1970b). Relationship between atmospheric temperature and survival of airborne bacteria. *Applied Microbiology* **19**(2): 245-249.
- Emberlin, J**, (1995). Plant allergens on pauci-micronic airborne particles. *Clinical and Experimental Allergy* **25**(3): 202-205.
- Fabian, MP, Miller, SL, Reponen, T et Hernandez, MT**, (2005). Ambient bioaerosol indices for indoor air quality assessments of flood reclamation. *Journal of Aerosol Science* **36**(5-6): 763-783.
- Fabian, P, McDevitt, JJ, DeHaan, WH, Fung, ROP, Cowling, BJ, Chan, KH, Leung, GM et Milton, DK**, (2008). Influenza Virus in Human Exhaled Breath: An Observational Study. *PLoS ONE* **3**(7): 1-6.
- Fallschissel, K, Kampfer, P et Jackel, U**, (2009). Direct detection of salmonella cells in the air of livestock stables by real-time PCR. *Annals of Occupational Hygiene* **53**(8): 859-868.
- Farrelly, V, Rainey, FA et Stackebrandt, E**, (1995). Effect of genome size and *rrn* gene copy number on PCR amplification of 16S rRNA genes from a mixture of bacterial species. *Applied and Environmental Microbiology* **61**(7): 2798-2801.
- Favero, MS, Puleo, JR, Marshall, JH et Oxborrow, GS**, (1968). Comparison of Microbial Contamination Levels Among Hospital Operating Rooms and Industrial Clean Rooms. *Applied and Environmental Microbiology* **16**(3): 480-486.
- Fierer, N, Liu, Z, Rodriguez-Hernandez, M, Knight, R, Henn, M et Hernandez, MT**, (2008). Short-Term Temporal Variability in Airborne Bacterial and Fungal Populations. *Applied and Environmental Microbiology* **74**(1): 200-207.
- Fisher, MM et Triplett, EW**, (1999). Automated Approach for Ribosomal Intergenic Spacer Analysis of Microbial Diversity and Its Application to Freshwater Bacterial Communities. *Applied and Environmental Microbiology* **65**(10): 4630-4636.
- Fisk, WJ, Lei-Gomez, Q et Mendell, MJ**, (2007). Meta-analyses of the associations of respiratory health effects with dampness and mold in homes. *Indoor Air* **17**(4): 284-296.
- Fröhlich-Nowoisky, J, Pickersgill, DA, Després, VR et Pöschl, U**, (2009). High diversity of fungi in air particulate matter. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **106**(31): 12814-12819.

- Fromme, H, Twardella, D, Dietrich, S, Heitmann, D, Schierl, R, Liebl, B et Rüden, H, (2007).** Particulate matter in the indoor air of classrooms-exploratory results from Munich and surrounding area. *Atmospheric Environment* **41**(4): 854-866.
- Fromme, H, Diemer, J, Dietrich, S, Cyrus, J, Heinrich, J, Lang, W, Kiranoglu, M et Twardella, D, (2008).** Chemical and morphological properties of particulate matter (PM₁₀, PM_{2.5}) in school classrooms and outdoor air. *Atmospheric Environment* **42**(27): 6597-6605.
- Fuzzi, S, Mandrioli, P et Perfetto, A, (1997).** Fog droplets - an atmospheric source of secondary biological aerosol particles. *Atmospheric Environment* **31**(2): 287-290.
- Gao, Z, Tseng, C-h, Pei, Z et Blaser, MJ, (2007).** Molecular analysis of human forearm superficial skin bacterial biota. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **104**(8): 2927-2932.
- Goh, KT, Ng, DLK, Yap, J, Ma, S et Ooi, EE, (2005).** Surveillance, prevention, and control of legionellosis in a tropical city-state. *American Journal of Infection Control* **33**(5): 286-291.
- Górny, RL et Dutkiewicz, J, (2002).** Bacterial and fungal aerosols in indoor environment in Central and Eastern European countries. *Annals of Agricultural and Environmental Medicine* **9**(1): 17-23.
- Górny, RL, Dutkiewicz, J, Krysińska-Traczyk, E et Górny, RL, (1999).** Size distribution of bacterial and fungal bioaerosols in indoor air. *Annals of Agricultural and Environmental Medicine* **6**(2): 105-113.
- Górny, RL, Reponen, T, Grinshpun, SA et Willeke, K, (2001).** Source strength of fungal spore aerosolization from moldy building material. *Atmospheric Environment* **35**(28): 4853-4862.
- Grahn, N, Olofsson, M, Ellnebo-Svedlund, K, Monstein, H-J et Jonasson, J, (2003).** Identification of mixed bacterial DNA contamination in broad-range PCR amplification of 16S rDNA V1 and V3 variable regions by pyrosequencing of cloned amplicons. *FEMS Microbiology Letters* **219**(1): 87-91.
- Gregory, PH, (1961).** The Microbiology of the atmosphere, *Interscience Publishers*, New York, 251 p.
- Griffin, DW, Kellogg, CA, Garrison, VH, Lisle, JT, Borden, TC et Shinn, EA, (2003).** Atmospheric microbiology in the northern Caribbean during African dust events. *Aerobiologia* **19**(3-4): 143-157.
- Grigorevski-Lima, AL, Silva-Filho, RG, Linhares, LF et Coelho, RRR, (2006).** Occurrence of actinomycetes in indoor air in Rio de Janeiro, Brazil. *Building and Environment* **41**(11): 1540-1543.
- Guarro, J, Gene, J et Stchigel, AM, (1999).** Developments in fungal taxonomy. *Clinical Microbiological Reviews* **12**(3): 454-500.
- Guazzaroni, M-E, Golyshin, PN et Ferrer, M, (2010).** Analysis of complex microbial communities through metagenomic survey. p. 55-77. In Marco, D (ed.), Metagenomics: Theory, Methods and Applications. Caister Academic Press, Norfolk, UK.
- Guermazi, S, Daegelen, P, Dauga, C, Riviere, D, Bouchez, T, Godon, JJ, Gyapay, G, Sghir, A, Pelletier, E, Weissenbach, J et Le Paslier, D, (2008).** Discovery and characterization of a new bacterial candidate division by an anaerobic sludge digester metagenomic approach. *Environmental Microbiology* **10**(8): 2111-23.
- Guo, H, Lee, SC et Chan, LY, (2004).** Indoor air quality investigation at air-conditioned and non-air-conditioned markets in Hong Kong. *Science of the Total Environment* **323**(1-3): 87-98.
- Ha, T-L, (2005).** Etude de l'aérosol de *Legionella pneumophila*. Doctorat, Val de Marne, Université de Paris XII, 154 p.

- Hamilton, WD et Lenton, TM**, (1998). Spora and Gaia: how microbes fly with their clouds. *Ethology Ecology and Evolution* **10**(1): 1-16.
- Handelsman, J**, (2004). Metagenomics: application of genomics to uncultured microorganisms. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* **68**(4): 669-685.
- Harrison, RM, Jones, AM, Biggins, PD, Pomeroy, N, Cox, CS, Kidd, SP, Hobman, JL, Brown, NL et Beswick, A**, (2005). Climate factors influencing bacterial count in background air samples. *International Journal of Biometeorology* **49**(3): 167-178.
- Haugland, RA, Varma, M, Wymer, LJ et Vesper, SJ**, (2004). Quantitative PCR Analysis of Selected *Aspergillus*, *Penicillium* and *Paecilomyces* Species. *Systematic and Applied Microbiology* **27**(2): 198-210.
- Heidelberg, JF, Shahamat, M, Levin, M, Rahman, I, Stelma, CG et Colwell, RR**, (1997). Effect of aerosolization on culturability and viability of gram-negative bacteria. *Applied and Environmental Microbiology* **63**(9): 3585-3588.
- Heindel, TH, Streib, R et Botzenhart, K**, (1993). Effect of ozone on airborne microorganisms. *Zentralblatt für Hygiene und Umweltmedizin* **194**(5-6): 464-480.
- Helbling, A, Gayer, F, Pichler, WJ et Brander, KA**, (1998). Mushroom (Basidiomycete) allergy: Diagnosis established by skin test and nasal challenge. *Journal of Allergy and Clinical Immunology* **102**(5): 853-858.
- Heldal, K, Skogstad, A et Eduard, W**, (1996). Improvements in the quantification of airborne microorganisms in the farm environment by epifluorescence microscopy. *Annals of Occupational Hygiene* **40**(4): 437-447.
- Henningson, EW et Ahlberg, MS**, (1994). Evaluation of microbiological aerosol samplers: A review. *Journal of Aerosol Science* **25**(8): 1459-1492.
- Hilali, F, Saulnier, P, Chachaty, E et Andreumont, A**, (1997). Decontamination of polymerase chain reaction reagents for detection of low concentrations of 16S rRNA genes. *Molecular Biotechnology* **7**(3): 207-216.
- Hospodsky, D, Qian, J, Yamamoto, N, Nazaroff, WW et Peccia, J**, (2011). Size-fractionated emissions and microbial population characterization to reveal sources of bacteria in indoor air. In *Final Program Abstracts, 12th International Conference on indoor air quality and climate, Austin, Texas*.
- Horz, H-P, Rotthauwe, J-H, Lukow, T et Liesack, W**, (2000). Identification of major subgroups of ammonia-oxidizing bacteria in environmental samples by T-RFLP analysis of amoA PCR products. *Journal of Microbiological Methods* **39**(3): 197-204.
- Huang, C-Y, Lee, C-C, Li, F-C, Ma, Y-P et Su, H-JJ**, (2002). The seasonal distribution of bioaerosols in municipal landfill sites: a 3-yr study. *Atmospheric Environment* **36**(27): 4385-4395.
- Hugenholtz, P et Pace, NR**, (1996). Identifying microbial diversity in the natural environment: A molecular phylogenetic approach. *Trends in Biotechnology* **14**(6): 190-197.
- Hugenholtz, P, Goebel, BM et Pace, NR**, (1998a). Impact of Culture-Independent Studies on the Emerging Phylogenetic View of Bacterial Diversity. *Journal of Bacteriology* **180**(18): 4765-4774.
- Hugenholtz, P, Pitulle, C, Hershberger, KL et Pace, NR**, (1998b). Novel division level bacterial diversity in a Yellowstone hot spring. *Journal of Bacteriology* **180**(2): 366-376.

- Hughes, JB, Hellmann, JJ, Ricketts, TH et Bohannon, BJM, (2001). Counting the Uncountable: Statistical Approaches to Estimating Microbial Diversity. *Applied and Environmental Microbiology* **67**(10): 4399-4406.
- Hughes, KA, McCartney, HA, Lachlan-Cope, TA et Pearce, DA, (2004). A preliminary study of airborne microbial biodiversity over peninsular Antarctica. *Cellular and Molecular Biology* **50**(5): 537-542.
- Hughes, MS, Beck, LA et Skuce, RA, (1994). Identification and elimination of DNA sequences in Taq DNA polymerase. *Journal of Clinical Microbiology* **32**(8): 2007-2008.
- Imshenetsky, A, Lysenko, S et Kazakov, G, (1978). Upper boundary of the biosphere. *Applied and Environmental Microbiology* **35**(1): 1-5.
- INVS, (2006). Enquête nationale de prevalence des infections nosocomiales, France - Méthodes, résultats, perspectives. **Volume 1**.
- Ivnitski, D, Abdel-Hamid, I, Atanasov, P et Wilkins, E, (1999). Biosensors for detection of pathogenic bacteria. *Biosensors and Bioelectronics* **14**(7): 599-624.
- Jaffal, AA, Banat, IM, El Mogheth, AA, Nsanze, H, Bener, A et Ameen, AS, (1997). Residential indoor airborne microbial populations in the United Arab Emirates. *Environment International* **23**(4): 529-533.
- Jakab, GJ et Knight, ME, (1982). Decreased influenza virus pathogenesis by infection with germicidal UV-irradiated airborne virus. *Environment International* **8**(1-6): 415-418.
- James, TY, Kauff, F, Schoch, CL, Matheny, PB, Hofstetter, V, Cox, CJ, Celio, G, Gueidan, C, Fraker, E, Miadlikowska, J, Lumbsch, HT, Rauhut, A, Reeb, V, Arnold, AE, Amtoft, A, Stajich, JE, Hosaka, K, Sung, G-H, Johnson, D, O'Rourke, B, Crockett, M, Binder, M, Curtis, JM, Slot, JC, Wang, Z, Wilson, AW, Schuszler, A, Longcore, JE, O'Donnell, K, Mozley-Standridge, S, Porter, D, Letcher, PM, Powell, MJ, Taylor, JW, White, MM, Griffith, GW, Davies, DR, Humber, RA, Morton, JB, Sugiyama, J, Rossman, AY, Rogers, JD, Pfister, DH, Hewitt, D, Hansen, K, Hambleton, S, Shoemaker, RA, Kohlmeyer, J, Volkmann-Kohlmeyer, B, Spotts, RA, Serdani, M, Crous, PW, Hughes, KW, Matsuura, K, Langer, E, Langer, G, Untereiner, WA, Lucking, R, Budel, B, Geiser, DM, Aptroot, A, Diederich, P, Schmitt, I, Schultz, M, Yahr, R, Hibbett, DS, Lutzoni, F, McLaughlin, DJ, Spatafora, JW et Vilgalys, R, (2006). Reconstructing the early evolution of Fungi using a six-gene phylogeny. *Nature* **443**(7113): 818-822.
- Jensen, PA et Schafer, MP, (1998). Sampling and characterization of bioaerosols. *NIOSH Manual of Analytical Methods* **2003**: 83-112.
- Jernigan, JA, Stephens, DS, Ashford, DA, Omenaca, C, Topiel, MS, Galbraith, M, Tapper, M, Fisk, TL, Zaki, S, Popovic, T, Meyer, RF, Quinn, CP, Harper, SA, Fridkin, SK, Sejvar, JJ, Shepard, CW, McConnell, M, Guarner, J, Shieh, WJ, Malecki, JM, Gerberding, JL, Hughes, JM et Perkins, BA, (2001). Bioterrorism-related inhalational anthrax: the first 10 cases reported in the United States. *Emerging Infectious Diseases* **7**(6): 933-944.
- Jo, W-K et Kang, J-H, (2006). Workplace exposure to bioaerosols in pet shops, pet clinics, and flower gardens. *Chemosphere* **65**(10): 1755-1761.
- Jo, WK et Seo, YJ, (2005). Indoor and outdoor bioaerosol levels at recreation facilities, elementary schools, and homes. *Chemosphere* **61**(11): 1570-1579.
- Johansen, T, Carlson, CR et Kolsto, AB, (1996). Variable numbers of rRNA gene operons in *Bacillus cereus* strains. *FEMS Microbiology Letters* **136**(3): 325-328.

- Just, N, Kirychuk, S, Gilbert, Y, Létourneau, V, Veillette, M, Singh, B et Duchaine, C, (2011).** Bacterial diversity characterization of bioaerosols from cage-housed and floor-housed poultry operations. *Environmental Research* **111**(4): 492-498.
- Kalogerakis, N, Paschali, D, Lekaditis, V, Pantidou, A, Eleftheriadis, K et Lazaridis, M, (2005).** Indoor air quality - Bioaerosol measurements in domestic and office premises. *Journal of Aerosol Science* **36**(5-6): 751-761.
- Kejun, L, (2011).** Molecular comparison of the sampling efficiency of four types of airborne bacterial samplers. *Science of the Total Environment* **409**(24): 5493-5498.
- Kildesø, J et Nielsen, BH, (1997).** Exposure assessment of airborne microorganism by fluorescence microscopy and image processing. *Annals of Occupational Hygiene* **41**(2): 201-216.
- Kildesø, J, Wurtz, H, Nielsen, KF, Kruse, P, Wilkins, K, Thrane, U, Gravesen, S, Nielsen, PA et Schneider, T, (2003).** Determination of fungal spore release from wet building materials. *Indoor Air* **13**(2): 148-155.
- Kim, KY et Kim, CN, (2007).** Airborne microbiological characteristics in public buildings of Korea. *Building and Environment* **42**(5): 2188-2196.
- Ko, G, First, MW et Burge, HA, (2000).** Influence of relative humidity on particle size and UV sensitivity of *Serratia marcescens* and *Mycobacterium bovis* BCG aerosols. *Tubercle and Lung Disease* **80**(4-5): 217-228.
- Kochi, A, (1991).** The global tuberculosis situation and the new control strategy of the World Health Organization. *Tubercle* **72**(1): 1-6.
- Kotzias, D, Geiss, O, Tirendi, S, Barrero-Moreno, J, Reina, V, Gotti, A, Cimino-Reale, G, Casati, B, Marafante, E et Sarigiannis, D, (2009).** Exposure to multiple air contaminants in public buildings, schools and kindergartens-The European Indoor Air Monitoring and Exposure Assessment (AIRMEX) Study. *Fresenius environmental bulletin* **18**: 670-681.
- Kurup, VP, Shen, H-D et Banerjee, B, (2000).** Respiratory fungal allergy. *Microbes and Infection* **2**(9): 1101-1110.
- Lacey, J, (1971).** *Thermoactinomyces sacchari* sp. nov., a thermophilic actinomycete causing bagassosis. *Journal of General Microbiology* **66**: 327-338.
- La Duc, MT, Stuecker, T et Venkateswaran, K, (2007).** Molecular bacterial diversity and bioburden of commercial airliner cabin air. *Canadian Journal of Microbiology* **53**(11): 1259-1271.
- Lai, KM, Burge, HA et First, MW, (2004).** Size and UV germicidal irradiation susceptibility of *Serratia marcescens* when aerosolized from different suspending media. *Applied and Environmental Microbiology* **70**(4): 2021-2027.
- Lamoril, J, Ameziane, N, Deybach, JC, Bouizegarène, P et Bogard, M, (2008).** Les techniques de séquençage de l'ADN: une révolution en marche. Première partie. *Immuno-analyse & Biologie Spécialisée* **23**(5): 260-279.
- Lange, JL, Thorne, PS et Lynch, N, (1997).** Application of flow cytometry and fluorescent in situ hybridization for assessment of exposures to airborne bacteria. *Applied and Environmental Microbiology* **63**(4): 1557-1563.
- Lawande, RV, (1983).** Recovery of soil amoebae from the air during the harmattan in Zaria, Nigeria. *Annals of Tropical Medicine and Parasitology* **77**(1): 45-49.
- Le Goff, O, Bru-Adan, V, Bacheley, H, Godon, JJ et Wéry, N, (2009).** The microbial signature of aerosols produced during the thermophilic phase of composting. *Journal of Applied Microbiology* **108**(1): 325-340.

- LeBouf, R, Yesse, L et Rossner, A**, (2008). Seasonal and diurnal variability in airborne mold from an indoor residential environment in northern New York. *Journal of the Air and Waste Management Association* **58**(5): 684-692.
- Lee, DH, Zo, YG et Kim, SJ**, (1996). Nonradioactive method to study genetic profiles of natural bacterial communities by PCR-single-strand-conformation polymorphism. *Applied and Environmental Microbiology* **62**(9): 3112-3120.
- Lee, J-H et Jo, W-K**, (2005). Exposure to airborne fungi and bacteria while commuting in passenger cars and public buses. *Atmospheric Environment* **39**(38): 7342-7350.
- Lee, J-H et Jo, W-K**, (2006). Characteristics of indoor and outdoor bioaerosols at Korean high-rise apartment buildings. *Environmental Research* **101**(1): 11-17.
- Lee, T, Grinshpun, SA, Martuzevicius, D, Adhikari, A, Crawford, CM et Reponen, T**, (2006). Culturability and concentration of indoor and outdoor airborne fungi in six single-family homes. *Atmospheric Environment* **40**(16): 2902-2910.
- Lee, SJ, Park, JS, Im, HT et Jung, H-I**, (2008). A microfluidic ATP-bioluminescence sensor for the detection of airborne microbes. *Sensors and Actuators B: Chemical* **132**(2): 443-448.
- Lee, S-H, Lee, H-J, Kim, S-J, Lee, HM, Kang, H et Kim, YP**, (2010). Identification of airborne bacterial and fungal community structures in an urban area by T-RFLP analysis and quantitative real-time PCR. *Science of the Total Environment* **408**(6): 1349-1357.
- Lehrer, SB, Hughes, JM, Altman, LC, Bousquet, J, Davies, RJ, Gell, L, Li, J, Lopez, M, Malling, HJ, Mathison, DA, Sastre, J, Schultze-Werninghaus, G et Schwartz, HJ**, (1994). Prevalence of basidiomycete allergy in the USA and Europe and its relationship to allergic respiratory symptoms. *Allergy* **49**(6): 460-465.
- Liesack, W, Weyland, H et Stackebrandt, E**, (1991). Potential risks of gene amplification by PCR as determined by 16S rDNA analysis of a mixed-culture of strict barophilic bacteria. *Microbial Ecology* **21**: 191-198.
- Lighthart, B et Shaffer, B**, (1995). Airborne Bacteria in the Atmospheric Surface Layer: Temporal Distribution above a Grass Seed Field. *Applied and Environmental Microbiology* **61**(4): 1492-1496.
- Lindsley, WG, Schmechel, D et Chen, BT**, (2006). A two-stage cyclone using microcentrifuge tubes for personal bioaerosol sampling. *Journal of Environmental Monitoring* **8**(11): 1136-1142.
- Liu, WT, Marsh, TL, Cheng, H et Forney, LJ**, (1997). Characterization of microbial diversity by determining terminal restriction fragment length polymorphisms of genes encoding 16S rRNA. *Applied and Environmental Microbiology* **63**(11): 4516-4522.
- Liu, LJ, Krahmer, M, Fox, A, Feigley, CE, Featherstone, A, Saraf, A et Larsson, L**, (2000). Investigation of the concentration of bacteria and their cell envelope components in indoor air in two elementary schools. *Journal of Air & Waste Management Association* **50**(11): 1957-1967.
- Lozupone, CA et Knight, R**, (2008). Species divergence and the measurement of microbial diversity. *FEMS Microbiology Reviews* **32**(4): 557-578.
- Madelin, TM**, (1994). Fungal aerosols: A review. *Journal of Aerosol Science* **25**(8): 1405-1412.
- Mainelis, G, Willeke, K, Baron, P, Reponen, T, Grinshpun, SA, Gorny, RL et Trakumas, S**, (2001). Electrical charges on airborne microorganisms. *Journal of Aerosol Science* **32**(9): 1087-1110.

- Margulies, M, Egholm, M, Altman, WE, Attiya, S, Bader, JS, Bemben, LA, Berka, J, Braverman, MS, Chen, Y-J, Chen, Z, Dewell, SB, Du, L, Fierro, JM, Gomes, XV, Godwin, BC, He, W, Helgesen, S, Ho, CH, Irzyk, GP, Jando, SC, Alenquer, MLI, Jarvie, TP, Jirage, KB, Kim, J-B, Knight, JR, Lanza, JR, Leamon, JH, Lefkowitz, SM, Lei, M, Li, J, Lohman, KL, Lu, H, Makhijani, VB, McDade, KE, McKenna, MP, Myers, EW, Nickerson, E, Nobile, JR, Plant, R, Puc, BP, Ronan, MT, Roth, GT, Sarkis, GJ, Simons, JF, Simpson, JW, Srinivasan, M, Tartaro, KR, Tomasz, A, Vogt, KA, Volkmer, GA, Wang, SH, Wang, Y, Weiner, MP, Yu, P, Begley, RF et Rothberg, JM, (2005). Genome sequencing in microfabricated high-density picolitre reactors. *Nature* **437**(7057): 376-380.
- Maron, P-A, Lejon, DPH, Carvalho, E, Bizet, K, Lemanceau, P, Ranjard, L et Mougél, C, (2005). Assessing genetic structure and diversity of airborne bacterial communities by DNA fingerprinting and 16S rDNA clone library. *Atmospheric Environment* **39**(20): 3687-3695.
- Maron, PA, Mougél, C, H. Lejon, DP, Carvalho, E, Bizet, K, Marck, G, Cubito, N, Lemanceau, P et Ranjard, L, (2006). Temporal variability of airborne bacterial community structure in an urban area. *Atmospheric Environment* **40**(40): 8074-8080.
- Marta, C, Sílvia, R, Veselka, D, Núria, R, Carmen, M-A, Juan Jose, G, Martí, P-O, M^a Angeles, M et Tomàs, P, (2008). Prevalence of human metapneumovirus among hospitalized children younger than 1 year in Catalonia, Spain. *Journal of Medical Virology* **80**(8): 1452-1460.
- Mastorides, SM, Oehler, RL, Greene, JN, Sinnott, JT et Sandin, RL, (1997). Detection of airborne Mycobacterium tuberculosis by air filtration and polymerase chain reaction. *Clinical Infectious Diseases* **25**(3): 756-757.
- Mastorides, SM, Oehler, RL, Greene, JN, Sinnott, JT, Kranik, M et Sandin, RL, (1999). The detection of airborne Mycobacterium tuberculosis using micropore membrane air sampling and polymerase chain reaction. *Chest* **115**(1): 19-25.
- Mathieu, L, Robine, E, Deloge-Abarkan, M, Ritoux, S, Pauly, D, Hartemann, P et Zmirou-Navier, D, (2006). Legionella Bacteria in Aerosols: Sampling and Analytical Approaches Used during the Legionnaires Disease Outbreak in Pas-de-Calais. *The Journal of Infectious Diseases* **193**(9): 1333-1335.
- Maxam, AM et Gilbert, W, (1977). A new method for sequencing DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **74**(2): 560-564.
- McCluskey, R, Sandin, R et Greene, J, (1996). Detection of airborne cytomegalovirus in hospital rooms of immunocompromised patients. *Journal of Virological Methods* **56**(1): 115-118.
- McDevitt, JJ, Lees, PSJ, Merz, WG et Schwab, KJ, (2004). Development of a method to detect and quantify Aspergillus fumigatus conidia by quantitative PCR for environmental air samples. *Mycopathologia* **158**(3): 325-335.
- Meklin, T, Reponen, T, Toivola, M, Koponen, V, Husman, T, Hyvarinen, A et Nevalainen, A, (2002). Size distributions of airborne microbes in moisture-damaged and reference school buildings of two construction types. *Atmospheric Environment* **36**(39-40): 6031-6039.
- Mendell, MJ, Mirer, AG, Cheung, K, Tong, M et Douwes, J, (2011). Respiratory and Allergic Health Effects of Dampness, Mold, and Dampness-Related Agents: A Review of the Epidemiologic Evidence. *Environmental Health Perspectives* **119**(6): 748-756.
- Mishler, BD et Brandon, RN, (1987). Individuality, pluralism, and the phylogenetic species concept. *Biology and Philosophy* **2**(4): 397-414.

- Mohammadi, T, Reesink, HW, Vandenbroucke-Grauls, CMJE et Savelkoul, PHM, (2005).** Removal of contaminating DNA from commercial nucleic acid extraction kit reagents. *Journal of Microbiological Methods* **61**(2): 285-288.
- Moletta, M, Delgenes, J-P et Godon, J-J, (2007).** Differences in the aerosolization behavior of microorganisms as revealed through their transport by biogas. *Science of The Total Environment* **379**(1): 75-88.
- Moletta-Denat, M, (2009).** Microbiologie des aérosols en environnements intérieurs. *Microbaero 2009*, Narbonne, France.
- Moletta-Denat, M, Bru-Adan, V, Delgenes, J-P, Hamelin, J, Wéry, N et Godon, J-J, (2010).** Selective microbial aerosolization in biogas demonstrated by quantitative PCR. *Bioresource Technology* **101**(19): 7252-7257.
- Monpoeho, S, Maul, A, Bonnin, C, Patria, L, Ranarijaona, S, Billaudel, S et Ferré, V, (2004).** Clearance of human-pathogenic viruses from sludge: study of four stabilization processes by real-time reverse transcription-PCR and cell culture. *Applied and Environmental Microbiology* **70**(9): 5434-5440.
- Morris, CE, Georgakopoulos, DG et Sands, DC, (2004).** Ice nucleation active bacteria and their potential role in precipitation. *Journal De Physique IV* **121**: 87-103.
- Morris, CE, Kinkel, LL, Xiao, K, Prior, P et Sands, DC, (2007).** Surprising niche for the plant pathogen *Pseudomonas syringae*. *Infection, Genetics and Evolution* **7**(1): 84-92.
- Morrison, J, Yang, C, Lin, KT, Haugland, RA, Neely, AN et Vesper, SJ, (2004).** Monitoring *Aspergillus* species by quantitative PCR during construction of a multi-storey hospital building. *Journal of Hospital Infection* **57**(1): 85-87.
- Moschandreas, DJ, Cha, DK et Qian, J, (1996).** Measurement of Indoor Bioaerosol Levels by a Direct Counting Method. *Journal of Environmental Engineering* **122**(5): 374-378.
- Mueller GM et Schmit JP, (2007).** Fungal biodiversity: what do we know ? What can we predict? *Biodiversity and Conservation* **16**(1): 1-5.
- Mukamolova, GV, Kaprelyants, AS, Kell, DB et Young, M, (2003).** Adoption of the transiently non-culturable state--a bacterial survival strategy? *Advances in Microbial Physiology* **47**: 65-129.
- Muyzer, G, De Waal, EC et Uitterlinden, AG, (1993).** Profiling of complex microbial populations by denaturing gradient gel electrophoresis analysis of polymerase chain reaction-amplified genes coding for 16S rRNA. *Applied and Environmental Microbiology* **59**(3): 695-700.
- Muyzer, G et Smalla, K, (1998).** Application of denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) and temperature gradient gel electrophoresis (TGGE) in microbial ecology. *Antonie Van Leeuwenhoek* **73**(1): 127-141.
- Myatt, TA, Johnston, SL, Zuo, Z, Wand, M, Keadze, T, Rudnick, S et Milton, DK, (2004).** Detection of airborne rhinovirus and its relation to outdoor air supply in office environments. *American Journal of Respiratory and Critical Care Medicine* **169**(11): 1187-1190.
- Nehme, B, Létourneau, V, Forster, RJ, Veillette, M et Duchaine, C, (2008).** Culture-independent approach of the bacterial bioaerosol diversity in the standard swine confinement buildings, and assessment of the seasonal effect. *Environmental Microbiology* **10**(3): 665-675.
- Nehme, B, Gilbert, Y, Letourneau, V, Forster, RJ, Veillette, M, Villemur, R et Duchaine, C, (2009).** Culture-Independent Characterization of Archaeal Biodiversity in Swine Confinement Building Bioaerosols. *Applied and Environmental Microbiology* **75**(17): 5445-5450.

- Nieguitsila, A, Deville, M, Jamal, T, Halos, L, Berthelemy, M, Chermette, R, Latouche, S, Arné, P et Guillot, J, (2007). Evaluation of fungal aerosols using Temporal Temperature Gradient Electrophoresis (TTGE) and comparison with culture. *Journal of Microbiological Methods* **70**(1): 86.
- Nielsen, EM, Breum, NO, Nielsen, BH, Wurtz, H, Poulsen, OM et Midtgaard, U, (1997). Bioaerosol exposure in waste collection: A comparative study on the significance of collection equipment, type of waste and seasonal variation. *The Annals of Occupational Hygiene* **41**(3): 325-344.
- Novikova, N, De Boever, P, Poddubko, S, Deshevaya, E, Polikarpov, N, Rakova, N, Coninx, I et Mergeay, M, (2006). Survey of environmental biocontamination on board the International Space Station. *Research in Microbiology* **157**(1): 5-12.
- Oliveira, M, Ribeiro, H et Abreu, I, (2005). Annual variation of fungal spores in atmosphere of Porto: 2003. *Annals of Agricultural and Environmental Medicine* **12**(2): 309-315.
- Oliveira, M, Ribeiro, H, Delgado, J et Abreu, I, (2009a). Seasonal and intradiurnal variation of allergenic fungal spores in urban and rural areas of the North of Portugal. *Aerobiologia* **25**(2): 85-98.
- Oliveira, M, Ribeiro, H, Delgado, JL et Abreu, I, (2009b). The effects of meteorological factors on airborne fungal spore concentration in two areas differing in urbanisation level. *International Journal of Biometeorology* **53**(1): 61-73.
- Oppliger, A, Charriere, N, Droz, P-O et Rinsoz, T, (2008). Exposure to Bioaerosols in Poultry Houses at Different Stages of Fattening; Use of Real-time PCR for Airborne Bacterial Quantification. *Annals of Occupational Hygiene* **52**(5): 405-412.
- Orita, M, Suzuki, Y, Sekiya, T et Hayashi, K, (1989). Rapid and sensitive detection of point mutations and DNA polymorphisms using the polymerase chain reaction. *Genomics* **5**(4): 874-879.
- Osman, S, La Duc, MT, Dekas, A, Newcombe, D et Venkateswaran, K, (2008). Microbial burden and diversity of commercial airline cabin air during short and long durations of travel. *ISME Journal* **2**(5): 482-497.
- Ozcakir, O, (2007). Viable but non-culturable form of bacteria. *Mikrobiyoloji Bülteni* **41**(3): 477-484.
- Pace, N, (1997). A Molecular View of Microbial Diversity and the Biosphere. *Science* **276**(5313): 734-740.
- Paez-Rubio, T, Viau, E, Romero-Hernandez, S et Peccia, J, (2005). Source bioaerosol concentration and rRNA gene-based identification of microorganisms aerosolized at a flood irrigation wastewater reuse site. *Applied and Environmental Microbiology* **71**(2): 804-810.
- Palmgren, U, Strom, G, Blomquist, G et Malmberg, P, (1986). Collection of airborne micro-organisms on Nuclepore filters, estimation and analysis - CAMNEA method. *Journal of Applied Bacteriology* **61**(5): 401-406.
- Pastuszka, JS, Gorny, RL et Lis, DO, (1996). Emission of bacterial aerosol from the fish aquarium. *Journal of Aerosol Science* **27**(Supplement 1): 253-254.
- Pastuszka, JS, Kyaw Tha Paw, U, Lis, DO, Wlazlo, A et Ulfig, K, (2000). Bacterial and fungal aerosol in indoor environment in Upper Silesia, Poland. *Atmospheric Environment* **34**(22): 3833-3842.
- Pastuszka, JS, Marchwinska-Wyrwal, E et Wlazlo, A, (2005). Bacterial aerosol in Silesian hospitals: preliminary results. *Polish Journal of Environment Studies* **14**(6): 883-890.

- Paton, AW, Paton, JC, Lawrence, AJ, Goldwater, PN et Harris, RJ**, (1992). Rapid detection of respiratory syncytial virus in nasopharyngeal aspirates by reverse transcription and polymerase chain reaction amplification. *Journal of Clinical Microbiology* **30**(4): 901-904.
- Peccia, J et Hernandez, M**, (2006). Incorporating polymerase chain reaction-based identification, population characterization, and quantification of microorganisms into aerosol science: A review. *Atmospheric Environment* **40**(21): 3941-3961.
- Peccia, JL, Werth, HM et Hernandez, MT**, (2000). Effects of relative humidity on the UV-induced inactivation of bacterial bioaerosols. *Journal of Aerosol Science* **31**(Supplement 1): 959-960.
- Pei-Chih, W, Huey-Jen, S et Chia-Yin, L**, (2000). Characteristics of indoor and outdoor airborne fungi at suburban and urban homes in two seasons. *Science of the Total Environment* **253**(1-3): 111-118.
- Picco, AM et Rodolfi, M**, (2000). Airborne fungi as biocontaminants at two Milan underground stations. *International Biodeterioration & Biodegradation* **45**(1-2): 43-47.
- Pieckova, E et Jesenska, Z**, (1999). Microscopic fungi in dwellings and their health implications in humans. *Annals of Agricultural And Environmental Medicine* **6**(1): 1-11.
- Prescott, LM, Harley, JP et Klein, DA**, (1995). Microbiologie, *De Boeck*, 1137 p.
- Radon, K, Monso, E, Weber, C, Danuser, B, Iversen, M, Opravil, U, Donham, K, Hartung, J, Pedersen, S, Garz, S, Blainey, D, Rabe, U et Nowak, D**, (2002). Prevalence and risk factors for airway diseases in farmers--summary of results of the European Farmers' Project. *Annals of Agricultural and Environmental Medicine* **9**(2): 207-213.
- Radosevich, JL, Wilson, WJ, Shinn, JH, DeSantis, TZ et Andersen, GL**, (2002). Development of a high-volume aerosol collection system for the identification of air-borne micro-organisms. *Letters in Applied Microbiology* **34**(3): 162-167.
- Rappé, MS et Giovannoni, SJ**, (2003). The uncultured microbial majority. *Annual Review of Microbiology* **57**: 369-394.
- Raskin, L, Poulsen, LK, Noguera, DR, Rittmann, BE et Stahl, DA**, (1994). Quantification of methanogenic groups in anaerobic biological reactors by oligonucleotide probe hybridization. *Applied and Environmental Microbiology* **60**(4): 1241-1248.
- Rautiala, S, Kangas, J, Louhelainen, K et Reiman, M**, (2003). Farmers' exposure to airborne microorganisms in composting swine confinement buildings. *AIHA Journal* **64**(5): 673-677.
- Redecker, D**, (2002). New views on fungal evolution based on DNA markers and the fossil record. *Research in Microbiology* **153**(3): 125-130.
- Reddy, RS, Pavan, PK et Reddy, SM**, (2005). Molecular methods for research on arbuscular mycorrhizal fungi in India: problems and prospects. *Current Science Association* **89**: 1699-1709.
- Ren, L, Gonzalez, R, Wang, Z, Xiang, Z, Wang, Y, Zhou, H, Li, J, Xiao, Y, Yang, Q, Zhang, J, Chen, L, Wang, W, Li, Y, Li, T, Meng, X, Zhang, Y, Vernet, G, Paranhos-Baccala, G, Chen, J, Jin, Q et Wang, J**, (2009). Prevalence of human respiratory viruses in adults with acute respiratory tract infections in Beijing, 2005-2007. *Clinical Microbiology and Infection* **15**(12): 1146-1153.
- Ren, P, Jankun, TM, Belanger, K, Bracken, MB et Leaderer, BP**, (2001). The relation between fungal propagules in indoor air and home characteristics. *Allergy* **56**(5): 419-424.
- Ren, P, Jankun, TM et Leaderer, BP**, (1999). Comparisons of seasonal fungal prevalence in indoor and outdoor air and in house dusts of dwellings in one Northeast American county. *Journal of Exposure Analysis and Environmental Epidemiology* **9**(6): 560-568.

- Renoux, A et Boulaud, D**, (1998). Les aérosols - Physique et métrologie, *Lavoisier*, Paris, 301 p.
- Riley, RL et Kaufman, JE**, (1972). Effect of relative humidity on the inactivation of airborne *Serratia marcescens* by ultraviolet radiation. *Applied Microbiology* **23**(6): 1113-1120.
- Rinsoz, T, Duquenne, P, Greff-Mirguet, G et Oppliger, A**, (2008). Application of real-time PCR for total airborne bacterial assessment: Comparison with epifluorescence microscopy and culture-dependent methods. *Atmospheric Environment* **42**(28): 6767-6774.
- Rintala, H et Nevalainen, A**, (2006). Quantitative measurement of streptomycetes using real-time PCR. *Journal of Environmental Monitoring* **8**(7): 745-749.
- Rollins, DM et Colwell, RR**, (1986). Viable but nonculturable stage of *Campylobacter jejuni* and its role in survival in the natural aquatic environment. *Applied and Environmental Microbiology* **52**(3): 531-538.
- Ronaghi, M, Uhlén, M et Nyrén, P**, (1998). A sequencing method based on real-time pyrophosphate. *Science* **281**(5375): 363-365.
- Roszak, DB et Colwell, RR**, (1987). Survival strategies of bacteria in the natural environment. *Microbiological Review* **51**(3): 365-379.
- Roszak, DB, Grimes, DJ et Colwell, RR**, (1984). Viable but nonrecoverable stage of *Salmonella enteritidis* in aquatic systems. *Canadian Journal of Microbiology* **30**(3): 334-338.
- Rusch, DB, Halpern, AL, Sutton, G, Heidelberg, KB, Williamson, S, Yooseph, S, Wu, D, Eisen, JA, Hoffman, JM, Remington, K, Beeson, K, Tran, B, Smith, H, Baden-Tillson, H, Stewart, C, Thorpe, J, Freeman, J, Andrews-Pfannkoch, C, Venter, JE, Li, K, Kravitz, S, Heidelberg, JF, Utterback, T, Rogers, Y-H, Falcon, LI, Souza, V, Bonilla-Rosso, Gn, Eguiarte, LE, Karl, DM, Sathyendranath, S, Platt, T, Birmingham, E, Gallardo, V, Tamayo-Castillo, G, Ferrari, MR, Strausberg, RL, Neilson, K, Friedman, R, Frazier, M et Venter, JC**, (2007). The *Sorcerer II* Global Ocean Sampling Expedition: Northwest Atlantic through Eastern Tropical Pacific. *PLoS Biology* **5**(3): 398-431.
- Sanger, F, Nicklen, S et Coulson, AR**, (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **74**(12): 5463-7.
- Sarica, S, Asan, A, Otkun, MT et Ture, M**, (2002). Monitoring Indoor Airborne Fungi and Bacteria in the Different Areas of Trakya University Hospital, Edirne, Turkey. *Indoor and Built Environment* **11**(5): 285-292.
- Sattler, B, Puxbaum, H et Psenner, R**, (2001). Bacterial growth in supercooled cloud droplets. *Geophysical Research Letters* **28**(2): 239-242.
- Sautour, M, Sixt, N, Dalle, F, L'Ollivier, C, Fourquenot, V, Calinon, C, Paul, K, Valvin, S, Maurel, A, Aho, S, Couillault, G, Cachia, C, Vagner, O, Cuisenier, B, Caillot, D et Bonnin, A**, (2009). Profiles and seasonal distribution of airborne fungi in indoor and outdoor environments at a French hospital. *Science of the Total Environment* **407**(12): 3766-3771.
- Sawyer, MH, Chamberlin, CJ, Wu, YN, Aintablian, N et Wallace, MR**, (1994). Detection of varicella-zoster virus DNA in air samples from hospital rooms. *Journal of Infectious Disease* **169**(1): 91-94.
- Schafer, MP, Fernback, JE et Ernst, MK**, (1999). Detection and characterization of airborne *Mycobacterium tuberculosis* H37Ra particles, a surrogate for airborne pathogenic *M. tuberculosis*. *Aerosol Science and Technology* **30**(2): 161-173.
- Schafer, MP, Fernback, JE et Jensen, PA**, (1998). Sampling and analytical method development for qualitative assessment of airborne mycobacterial species of the *Mycobacterium tuberculosis* complex. *American Industrial Hygiene Association Journal* **59**(8): 540-546.

- Schafer, MP, Martinez, KF et Mathews, ES, (2003). Rapid detection and determination of the aerodynamic size range of airborne Mycobacteria associated with whirlpools. *Applied Occupational and Environmental Hygiene* **18**(1): 41-50.
- Schloss, PD et Handelsman, J, (2005). Introducing DOTUR, a Computer Program for Defining Operational Taxonomic Units and Estimating Species Richness. *Applied and Environmental Microbiology* **71**(3): 1501-1506.
- Schloss, PD, Westcott, SL, Ryabin, T, Hall, JR, Hartmann, M, Hollister, EB, Lesniewski, RA, Oakley, BB, Parks, DH, Robinson, CJ, Sahl, JW, Stres, B, Thallinger, GG, Van Horn, DJ et Weber, CF, (2009). Introducing mothur: Open-Source, Platform-Independent, Community-Supported Software for Describing and Comparing Microbial Communities. *Applied and Environmental Microbiology* **75**(23): 7537-7541.
- Schlosser, O et Huyard, A, (2007). Les bioaérosols en plate-forme de compostage: exposition et risque professionnel. *Environnement, risques & santé* **7**(1): 37-45.
- Segawa, T, Miyamoto, K, Ushida, K, Agata, K, Okada, N et Kohshima, S, (2005). Seasonal change in bacterial flora and biomass in mountain snow from the Tateyama Mountains, Japan, analyzed by 16S rRNA gene sequencing and real-time PCR. *Applied and Environmental Microbiology* **71**(1): 123-130.
- Seino, K, Takano, T, Nakamura, K et Watanabe, M, (2005). An evidential example of airborne bacteria in a crowded, underground public concourse in Tokyo. *Atmospheric Environment* **39**(2): 337-341.
- Sidoti, F, Rizzo, F, Costa, C, Astegiano, S, Curtoni, A, Mandola, ML, Cavallo, R et Bergallo, M, (2009). Development of Real Time RT-PCR Assays for Detection of Type A Influenza Virus and for Subtyping of Avian H5 and H7 Hemagglutinin Subtypes. *Molecular Biotechnology* **44**(2010): 41-50.
- Sivasubramani, SK, Niemeier, RT, Reponen, T et Grinshpun, SA, (2004). Fungal spore source strength tester: laboratory evaluation of a new concept. *Science of the Total Environment* **329**(1-3): 75-86.
- Spackman, E, Senne, DA, Bulaga, LL, Myers, TJ, Perdue, ML, Garber, LP, Lohman, K, Daum, LT et Suarez, DL, (2003). Development of real-time RT-PCR for the detection of avian influenza virus. *Avian Diseases* **47**(3 Suppl): 1079-1082.
- Spengler, JD et Sexton, K, (1983). Indoor air pollution: a public health perspective. *Science* **221**(4605): 9-17.
- Srikanth, P, Sudharsanam, S et Steinberg, R, (2008). Bio-aerosols in indoor environment: Composition, health effects and analysis. *Indian Journal of Medical Microbiology* **26**(4): 302-312.
- Stackebrandt, E, Frederiksen, W, Garrity, GM, Grimont, PAD, Kampfner, P, Maiden, MCJ, Nesme, X, Rossello-Mora, R, Swings, J, Truper, HG, Vauterin, L, Ward, AC et Whitman, WB, (2002). Report of the ad hoc committee for the re-evaluation of the species definition in bacteriology. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* **52**(3): 1043-1047.
- Stackebrandt, E et Goebel, BM, (1994). Taxonomic note: a place for DNA-DNA reassociation and 16S rRNA sequence analysis in the present species definition in bacteriology. *International Journal of Systematic Bacteriology* **44**(4): 846-849.
- Stakenborg, T, Vicca, J, Butaye, P, Maes, D, De Baere, T, Verhelst, R, Peeters, J, de Kruif, A, Haesebrouck, F et Vanechoutte, M, (2005). Evaluation of amplified rDNA restriction

- analysis (ARDRA) for the identification of *Mycoplasma* species. *BMC Infectious Diseases* **5**(1): 46-55.
- Stetzenbach, LD**, (1997). Introduction to aerobiology. p. 619-628. In Hurst, CJ, Knudsen, G, McInerney, M, Walter, MV et Stetzenbach, LD (ed.), Manual of environmental Microbiology. ASM Press, Washington, D.C.
- Stetzenbach, LD**, (1998). Microorganisms and Indoor Air Quality. *Clinical Microbiology Newsletter* **20**(19): 157-161.
- Stetzenbach, LD, Buttner, MP et Cruz, P**, (2004). Detection and enumeration of airborne biocontaminants. *Current Opinion in Biotechnology* **15**(3): 170-174.
- Suzuki, MT et Giovannoni, SJ**, (1996). Bias caused by template annealing in the amplification of mixtures of 16S rRNA genes by PCR. *Applied and Environmental Microbiology* **62**(2): 625-630.
- Szám, L, Nikodemusz, I, Csatai, L, Vedres, I et Dákay, M**, (1980). Airborne microflora found in some stations of the metro in the Hungarian capital of Budapest. *Zentralblatt für Bakteriologie* **170**(1-2): 199-208.
- Tanner, MA, Goebel, BM, Dojka, MK et Pace, NR**, (1998). Specific ribosomal DNA sequences from diverse environmental settings correlate with experimental contaminants. *Applied and Environmental Microbiology* **64**(8): 3110-3113.
- Taylor, JW, Jacobson, DJ, Kroken, S, Kasuga, T, Geiser, DM, Hibbett, DS et Fisher, MC**, (2000). Phylogenetic Species Recognition and Species Concepts in Fungi. *Fungal Genetics and Biology* **31**(1): 21-32.
- Templeton, KE, Scheltinga, SA, Beersma, MFC, Kroes, ACM et Claas, ECJ**, (2004). Rapid and Sensitive Method Using Multiplex Real-Time PCR for Diagnosis of Infections by Influenza A and Influenza B Viruses, Respiratory Syncytial Virus, and Parainfluenza Viruses 1, 2, 3, and 4. *Journal of Clinical Microbiology* **42**(4): 1564-1569.
- Terzieva, S, Donnelly, J, Ulevicius, V, Grinshpun, SA, Willeke, K, Stelma, GN et Brenner, KP**, (1996). Comparison of methods for detection and enumeration of airborne microorganisms collected by liquid impingement. *Applied and Environmental Microbiology* **62**(7): 2264-2272.
- Tong, Y et Lighthart, B**, (1999). Diurnal Distribution of Total and Culturable Atmospheric Bacteria at a Rural Site. *Aerosol Science and Technology* **30**: 246-254.
- Tringe, S, von Mering, C, Kobayashi, A, Salamov, A, Chen, K, Chang, H, Podar, M, Short, J, Mathur, E, Detter, J, Bork, P, Hugenholtz, P et Rubin, E**, (2005). Comparative Metagenomics of Microbial Communities. *Science* **308**(5721): 554-557.
- Tringe, SG, Zhang, T, Liu, X, Yu, Y, Lee, WH, Yap, J, Yao, F, Suan, ST, Ing, SK, Haynes, M, Rohwer, F, Wei, CL, Tan, P, Bristow, J, Rubin, EM et Ruan, Y**, (2008). The airborne metagenome in an indoor urban environment. *PLoS ONE* **3**(4): 1-10.
- Tsai, M-Y et Liu, H-M**, (2009). Exposure to culturable airborne bioaerosols during noodle manufacturing in central Taiwan. *Science of the Total Environment* **407**(5): 1536-1546.
- Tyson, G, Chapman, J, Hugenholtz, P, Allen, E, Ram, R, Richardson, P, Solovyev, V, Rubin, E, Rokhsar, D et Banfield, J**, (2004). Community structure and metabolism through reconstruction of microbial genomes from the environment. *Nature* **428**(6978): 37-43.
- Utrup, LJ et Frey, AH**, (2004). Fate of Bioterrorism-Relevant Viruses and Bacteria, Including Spores, Aerosolized into an Indoor Air Environment. *Experimental Biology and Medicine* **229**(4): 345-350.

- Vadrot, C, Bex, V, Mouilleseaux, A, Squinazi, F et Darbord, JC, (2004). Detection of Mycobacterium tuberculosis complex by PCR in hospital air samples. *Journal of Hospital Infection* **58**(4): 262-267.
- Van Elsas, JD, Duarte, GF, Keijzer-Wolters, A et Smit, E, (2000). Analysis of the dynamics of fungal communities in soil via fungal-specific PCR of soil DNA followed by denaturing gradient gel electrophoresis. *Journal of Microbiological Methods* **43**(2): 133-151.
- Vaneechoutte, M, Riegel, P, de Briel, D, Monteil, H, Verschraegen, G, De Rouck, A et Claeys, G, (1995). Evaluation of the applicability of amplified rDNA-restriction analysis (ARDRA) to identification of species of the genus *Corynebacterium*. *Research in Microbiology* **146**(8): 633-641.
- Vaneechoutte, M, Rossau, R, De Vos, P, Gillis, M, Janssens, D, Paepe, N, De Rouck, A, Fiers, T, Claeys, G et Kersters, K, (1992). Rapid identification of bacteria of the Comamonadaceae with amplified ribosomal DNA-restriction analysis (ARDRA). *FEMS Microbiology Letters* **72**(3): 227-233.
- Venter, C, Remington, K, Heidelberg, J, Halpern, A, Rusch, D, Eisen, J, Wu, D, Paulsen, I, Nelson, K, Nelson, W, Fouts, D, Levy, S, Knap, A, Lomas, M, Nealson, K, White, O, Peterson, J, Hoffman, J, Parsons, R, Baden-Tillson, H, Pfannkoch, C, Rogers, Y-H et Smith, H, (2004). Environmental Genome Shotgun Sequencing of the Sargasso Sea. *Science* **304**(5667): 66-74.
- Wainwright, M, Wickramasinghe, NC, Narlikar, JV et Rajaratnam, P, (2003). Microorganisms cultured from stratospheric air samples obtained at 41 km. *FEMS Microbiology Letters* **218**(1): 161-165.
- Walter, MV, Marthi, B, Fieland, VP et Ganio, LM, (1990). Effect of aerosolization on subsequent bacterial survival. *Applied and Environmental Microbiology* **56**(11): 3468-3472.
- Wan, G-H, Lu, S-C et Tsai, Y-H, (2004). Polymerase chain reaction used for the detection of airborne Mycobacterium tuberculosis in health care settings. *American Journal of Infection Control* **32**(1): 17-22.
- Wang, Y-F, Wang, C-H et Hsu, K-L, (2010). Size and seasonal distributions of airborne bioaerosols in commuting trains. *Atmospheric Environment* **44**(35): 4331-4338.
- Wang, Q, Garrity, GM, Tiedje, JM et Cole, JR, (2007). A Naive Bayesian Classifier for Rapid Assignment of rRNA Sequences into the New Bacterial Taxonomy. *Applied and Environmental Microbiology* **73**(16): 5261-5267.
- Wang, RF, Beggs, ML, Robertson, LH et Cerniglia, CE, (2002). Design and evaluation of oligonucleotide-microarray method for the detection of human intestinal bacteria in fecal samples. *FEMS Microbiology Letters* **213**(2): 175-182.
- Wang, Z, Reponen, T, A. Grinshpun, S, L. Górny, R et Willeke, K, (2001). Effect of sampling time and air humidity on the bioefficiency of filter samplers for bioaerosol collection. *Journal of Aerosol Science* **32**(5): 661-674.
- Watzinger, F, Suda, M, Preuner, S, Baumgartinger, R, Ebner, K, Baskova, L, Niesters, HGM, Lawitschka, A et Lion, T, (2004). Real-Time Quantitative PCR Assays for Detection and Monitoring of Pathogenic Human Viruses in Immunosuppressed Pediatric Patients. *Journal of Clinical Microbiology* **42**(11): 5189-5198.
- Wheelis, ML, Kandler, O et Woese, CR, (1992). On the nature of global classification. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **89**(7): 2930-2934.

- Whiley, DM, Syrmis, MW, Mackay, IM et Sloots, TP**, (2002). Detection of Human Respiratory Syncytial Virus in Respiratory Samples by LightCycler Reverse Transcriptase PCR. *Journal of Clinical Microbiology* **40**(12): 4418-4422.
- Wichmann, J, Lind, T, Nilsson, MAM et Bellander, T**, (2010). PM2.5, soot and NO2 indoor-outdoor relationships at homes, pre-schools and schools in Stockholm, Sweden. *Atmospheric Environment* **44**(36): 4536-4544.
- Wilderer, PA, Bungartz, HJ, Lemmer, H, Wagner, M, Keller, J et Wuertz, S**, (2002). Modern scientific methods and their potential in wastewater science and technology. *Water Research* **36**(2): 370-393.
- Williams, RH, Ward, E et McCartney, HA**, (2001). Methods for Integrated Air Sampling and DNA Analysis for Detection of Airborne Fungal Spores. *Applied and Environmental Microbiology* **67**(6): 2453-2459.
- Wittmaack, K, Wehnes, H, Heinzmann, U et Agerer, R**, (2005). An overview on bioaerosols viewed by scanning electron microscopy. *Science of the Total Environment* **346**(1-3): 244-255.
- Woese, CR**, (1987). Bacterial evolution. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* **51**(2): 221-271.
- Woese, CR et Fox, GE**, (1977). Phylogenetic structure of the prokaryotic domain: the primary kingdoms. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **74**(11): 5088-5090.
- Woese, CR, Kandler, O et Wheelis, ML**, (1990). Towards a natural system of organisms: proposal for the domains Archaea, Bacteria, and Eucarya. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **87**(12): 4576-4579.
- Wu, Z, Tsumura, Y, Blomquist, G et Wang, X-R**, (2003). 18S rRNA Gene Variation among Common Airborne Fungi, and Development of Specific Oligonucleotide Probes for the Detection of Fungal Isolates. *Applied and Environmental Microbiology* **69**(9): 5389-5397.
- Ye, RW, Wang, T, Bedzyk, L et Croker, KM**, (2001). Applications of DNA microarrays in microbial systems. *Journal of Microbiological Methods* **47**(3): 257-272.
- Yeh, C-H, Chang, Y-H, Lin, H-P, Chang, T-C et Lin, Y-C**, (2012). A newly developed optical biochip for bacteria detection based on DNA hybridization. *Sensors and Actuators B: Chemical* **161**(1): 1168-1175.
- Zemb, O**, (2007). L'écosystème a-t-il une mémoire? Importance de l'histoire sur la résilience fonctionnelle de communautés bactériennes hétérotrophes marines et anaérobies. Doctorat, Lyon, Université Claude Bernard - Lyon 1, 252 p.
- Zuckerland, E et Pauling, L**, (1965). Evolutionary divergence and convergence in proteins. p. 97-166. In Bryson, V et Vogel, HJ (ed.), *Evolving genes and proteins*. Academic press, New York.
- Zuraimi, MS et Tham, KW**, (2008). Indoor air quality and its determinants in tropical child care centers. *Atmospheric Environment* **42**(9): 2225-2239.

I ANNEXE A : TABLEAU RECAPITULATIF DES PRELEVEMENTS ET ANALYSES REALISEES.

Tableau 25 :Liste de l'ensemble des prélèvements et analyses réalisés dans le cadre de la thèse.

Prélèvement	Dénomination	Date de prélèvements	Volume d'air prélevé (en m ³)	Volume filtré (mL)	Volume d'élution (µL)	Pyroséquençage	PCRq bactéries	PCRq champignons	CE-SSCP bactéries	CE-SSCP eucaryotes
Hôpital intégré 1	F13H	14/01 au 11/02/2010	4200	600	700	oui				
Bureau intégré 2	F2B	16/07au 13/08/2010	4200	600	700	oui				
Louvre intégré 1	F1L	30/09 au 28/10/2010	4200	600	700	oui				
Louvre ponctuel Jour 1	J1	27/09/2010	40	100	50	oui	oui	oui	oui	oui
Louvre ponctuel Jour 2	J2	28/09/2010	40	100	50		oui	oui	oui	oui
Louvre ponctuel Jour 3	J3	29/09/2010	40	100	50		oui	oui	oui	oui
Louvre ponctuel Jour 4	J4	30/09/2010	40	100	50		oui	oui	oui	oui
Louvre ponctuel Jour 5	J5	01/10/2010	40	100	50		oui	oui	oui	oui
Louvre ponctuel Jour 87	J87	22/12/2010	40	100	50		oui	oui	oui	oui
Louvre ponctuel Jour 115	J115	19/01/2011	40	100	50		oui	oui	oui	oui
Louvre ponctuel Jour 143	J143	16/02/2011	40	100	50		oui	oui	oui	oui
Louvre ponctuel Jour 150	J150	23/02/2011	40	100	50		oui	oui	oui	oui
Louvre ponctuel Jour 157	J157	02/03/2011	40	100	50	oui	oui	oui	oui	oui
Louvre ponctuel Jour 164	J164	09/03/2011	40	100	50	oui	oui	oui	oui	oui
Louvre ponctuel Jour 178	J178	23/03/2011	40	100	50		oui	oui	oui	oui

II ANNEXE B : PROFILS CE-SSCP BACTERIES ET EUCARYOTES ISSUS DE L'ARTICLE 2.

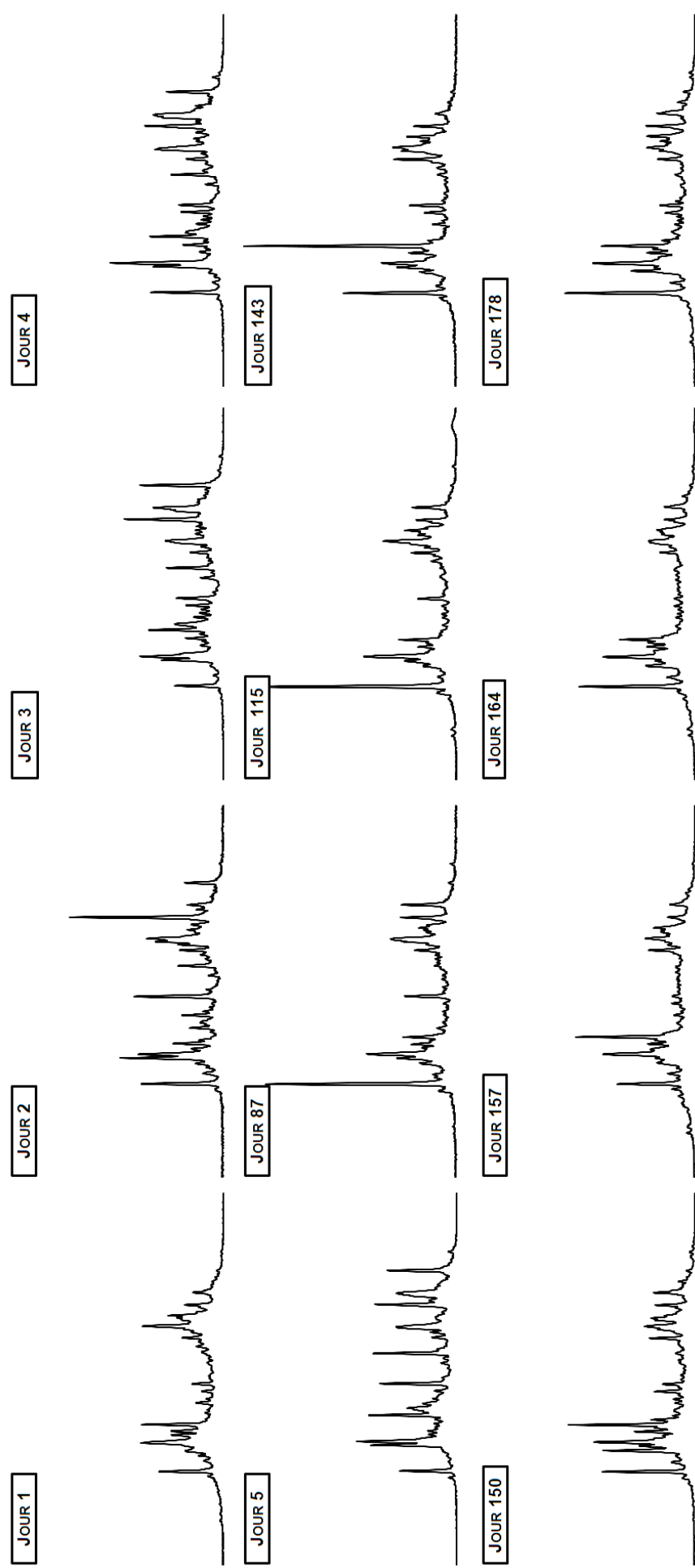


Figure 53 : Profils CE-SSCP Bactéries de l'air du musée du Louvre au cours du temps.

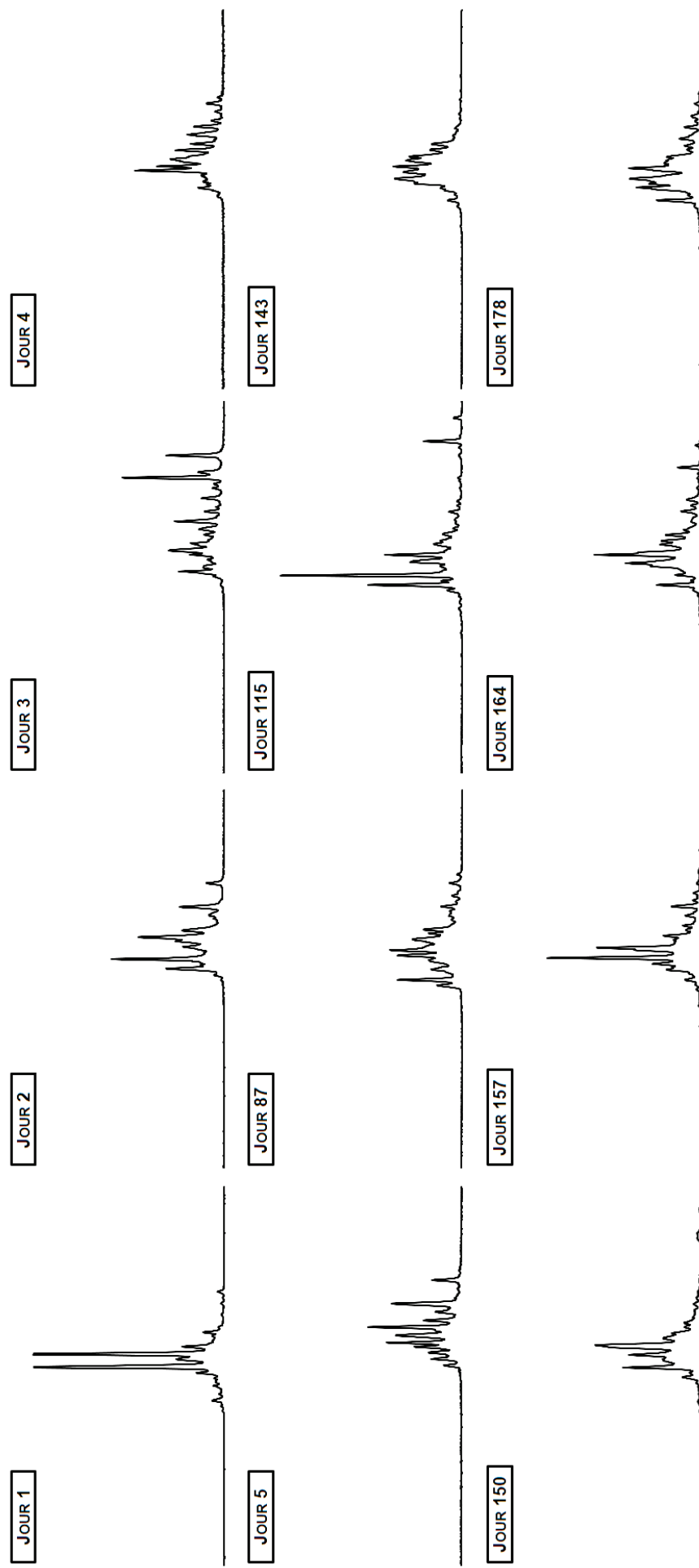


Figure 54 : Profils CE-SSCP Eucaryotes de l'air du musée du Louvre au cours du temps.

III ANNEXE C : MATERIEL SUPPLEMENTAIRE PROVENANT DE L'ARTICLE 2.

Ce tableau regroupe l'ensemble des phylotypes bactériens identifiés dans le cadre de l'article 2, alors que le tableau présenté dans l'article répertorie seulement les phylotypes dont l'abondance était supérieure à 0,5% pour au moins un des échantillons d'étude.

Tableau 26 : Phylogenetic positioning and percentage sequence numbers for each bacterial phylotype. For each phylotype, one sequence was deposited in the GenBank database. Accession numbers of bacterial nucleotide sequences were FQ077208–FQ079780.

Phylotypes	Percentage of sequences (%)			Closest relatives	Accession number	Similarity (%)
	Day 1	Day 157	Day 164			
Acidobacteria: 26 phylotypes, 64 sequences						
MILIA 162	0.15	0.07	0.03	uncultured Acidobacterium sp.	AB257649	100
MILIA 959	0.02	0	0.02	uncultured bacterium	DQ532357	100
MILIA 991	0.03	0	0	uncultured bacterium	DQ532357	99
MILIA 1059	0	0.01	0.02	uncultured soil bacterium	DQ378253	100
MILIA 1061	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ116287	98
MILIA 1087	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF417823	99
MILIA 1171	0	0.01	0.03	uncultured Acidobacteria bacterium	FN811243	100
MILIA 1298	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM445414	99
MILIA 1362	0	0.01	0	uncultured Acidobacteria bacterium	AY211077	100
MILIA 1397	0	0.01	0	uncultured soil bacterium	DQ378245	100
MILIA 1461	0	0.07	0	uncultured bacterium	GQ116287	100
MILIA 1660	0	0.01	0.03	uncultured bacterium	GQ396810	100
MILIA 1673	0	0.01	0.02	uncultured Acidobacteriales bacterium	FJ889221	99
MILIA 1837	0	0.01	0	uncultured Acidobacteriales bacterium	EU193013	100
MILIA 1889	0	0	0.02	uncultured Acidobacteria bacterium	FJ713032	98
MILIA 1904	0	0	0.05	uncultured bacterium	GQ263766	100
MILIA 1938	0	0	0.02			
MILIA 2045	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ906050	99
MILIA 2074	0	0	0.05	uncultured bacterium	JF123986	100
MILIA 2094	0	0	0.03	uncultured Acidobacteria bacterium	EU979093	98
MILIA 2110	0	0	0.03	uncultured bacterium	AY094624	99
MILIA 2127	0	0	0.05	uncultured bacterium 282	GU260699	97
MILIA 2217	0	0	0.03	uncultured sludge bacterium H44	AF234743	98
MILIA 2261	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM187271	98
MILIA 2354	0	0	0.02	uncultured bacterium	FJ152856	100
MILIA 2380	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ152587	99
Actinobacteria: 535 phylotypes, 5157 sequences						
MILIA 11	1.26	0.01	0.02	bacterium Ellin6023	AY234675	100
MILIA 15	0.91	0.79	1.58	uncultured bacterium	FM874763	100
MILIA 50	2.13	2.60	3.66	uncultured bacterium	FM874711	100
MILIA 55	1.06	2.70	2.49	Micrococcus sp. TUT1210	AB188213	100
MILIA 211	0.55	0.80	1.12	unidentified bacterium	AY345490	100
MILIA 10	0.69	0	0.02	uncultured bacterium	HM273602	100
MILIA 23	0.88	0.45	0.34	Corynebacterium sp. IMMIB WACC-658	FN295567	100
MILIA 33	0.78	0.07	0.02	uncultured bacterium	AY958846	100
MILIA 80	0.58	0.37	0.63	uncultured bacterium	HM308448	100
MILIA 128	0.35	0.85	0.68	Kocuria carniphila (T)	AJ622907	99
MILIA 139	0.56	0.18	0.32	Arthrobacter agilis	AF511518	100
MILIA 142	0.58	0.41	0.25	Brevibacterium iodinum (T)	X83813	100
MILIA 188	0.12	0.15	0.60	Corynebacterium genitalium	X84253	100
MILIA 386	0.13	0.64	0.09	uncultured bacterium	AY958846	100
MILIA 2	0.10	0.26	0.03	Actinomycetospira sp. TT07I-57	AB514519	100
MILIA 6	0.08	0	0	uncultured Corynebacterium sp.	EF419421	100
MILIA 12	0.03	0.06	0	uncultured bacterium	GQ013356	100
MILIA 16	0.03	0.12	0.26	Microbacterium flavescens (T)	Y17232	100
MILIA 18	0.02	0	0	uncultured bacterium	GQ013356	99
MILIA 24	0.17	0.12	0.09	uncultured bacterium	FM874710	100
MILIA 29	0.07	0	0	Kribbella sp. ME0-52B	EU080972	98
MILIA 36	0.25	0.28	0.48	Arthrobacter sp. R-23173	AJ786821	100
MILIA 37	0.05	0.03	0.12	Arthrobacter agilis	AF511518	100
MILIA 38	0.17	0.09	0.29	Janibacter sp. IV-75	FM179321	100
MILIA 52	0.43	0.09	0	Streptomycetaceae	X95470	100
MILIA 56	0.05	0.06	0.06	Marmoricola sp. BAC242	EU180564	100
MILIA 57	0.13	0.29	0.48	uncultured endolithic bacterium	AB374384	100
MILIA 72	0.10	0.09	0	Rathayibacter caricis (T)	AF159364	100
MILIA 84	0.21	0.10	0.18	Kocuria sp. JL-72	AY745813	100
MILIA 86	0.31	0.26	0.20	uncultured actinobacterium	EF016815	100
MILIA 105	0.02	0	0	uncultured bacterium	AY958846	98

MILIA 111	0.02	0	0.03	<i>Kocuria sp. oral clone AW006</i>	AF385532	100
MILIA 113	0.07	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM274147	98
MILIA 120	0.05	0	0	<i>Rhodococcus rhodnii</i>	X80623	98
MILIA 137	0.02	0	0	<i>Arthrobacter sp. VTT E-052904</i>	EF093123	99
MILIA 140	0.10	0	0.06	<i>uncultured Rubrobacteraceae bacterium</i>	EF020224	100
MILIA 144	0.10	0	0	<i>uncultured Actinomycetaceae bacterium</i>	HQ183917	100
MILIA 149	0.03	0.01	0.11	<i>Micrococcineae bacterium 4_C16_66</i>	EF540514	100
MILIA 150	0.05	0.07	0	<i>Microbacterium xylanilyticum (T)</i>	AJ853908	100
MILIA 158	0.05	0	0	<i>Streptomyces thermodiastaticus</i>	AB018096	99
MILIA 164	0.08	0.15	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AY958910	100
MILIA 168	0.05	0.03	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ054122	100
MILIA 170	0.25	0.06	0	<i>Rhodococcus fascians</i>	Y11196	100
MILIA 173	0.02	0	0	<i>Arthrobacter sp. S6-3</i>	GQ227413	98
MILIA 179	0.10	0.06	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	GQ049714	100
MILIA 182	0.12	0.10	0.02	<i>Corynebacterium riegelii</i>	EU848548	100
MILIA 184	0.03	0	0.06	<i>uncultured actinobacterium</i>	EU979035	99
MILIA 189	0.05	0	0	<i>Thermobifida fusca</i>	AB562478	100
MILIA 197	0.18	0.19	0.32	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF016798	99
MILIA 202	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ716841	95
MILIA 204	0.12	0.03	0.22	<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	AY536427	100
MILIA 210	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ158131	100
MILIA 220	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF342354	99
MILIA 227	0.08	0.01	0.02	<i>Dietzia timorensis</i>	AB377289	100
MILIA 235	0.03	0	0.12	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667023	97
MILIA 236	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM273602	99
MILIA 237	0.03	0.34	0.37	<i>uncultured bacterium</i>	AJ316319	100
MILIA 242	0.23	0.37	0.31	<i>Brachybacterium alimentarium (T)</i>	X91031	100
MILIA 255	0.12	0.13	0.15	<i>uncultured bacterium</i>	HM277692	100
MILIA 256	0.02	0.03	0	<i>bacterium Ellin5133</i>	AY234550	97
MILIA 268	0.02	0	0.03	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF016815	99
MILIA 274	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ018405	100
MILIA 276	0.02	0	0	<i>Micrococcus luteus</i>	GQ260074	97
MILIA 280	0.18	0.19	0.09	<i>Nocardioide exalbidus (T)</i>	AB273624	100
MILIA 281	0.07	0.01	0	<i>uncultured High G+C Gram-positive bacterium lpha7</i>	AF109793	98
MILIA 282	0.21	0.28	0.45	<i>Marmoricola sp. BAC242</i>	EU180564	100
MILIA 283	0.10	0.13	0.05	<i>Leifsonia sp. 8_1Ka</i>	EF540450	99
MILIA 293	0.02	0	0.06	<i>Aeromicrobium flavum (T)</i>	EF133690	100
MILIA 300	0.12	0.09	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	GQ034508	100
MILIA 305	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM872874	99
MILIA 307	0.02	0	0	<i>Kocuria sp. G1DM-50</i>	DQ416792	95
MILIA 316	0.23	0.03	0	<i>Salana multivorans</i>	EU221376	100
MILIA 319	0.03	0.03	0.08	<i>Zimmermannella bifida</i>	AB012589	100
MILIA 327	0.08	0.23	0.18	<i>marine actinobacterium YM26-77</i>	AB522644	100
MILIA 329	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AB166786	99
MILIA 334	0.05	0.07	0.23	<i>uncultured bacterium</i>	AM697175	100
MILIA 335	0.03	0	0	<i>Micrococcus sp. 100H40-1</i>	EU196472	96
MILIA 345	0.15	0.22	0.18	<i>uncultured bacterium</i>	HM267086	100
MILIA 349	0.21	0.25	0.09	<i>Janibacter sp. YY-1</i>	AB089480	100
MILIA 360	0.05	0	0.28	<i>Micrococcus terreus</i>	FJ423763	100
MILIA 361	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY958846	98
MILIA 371	0.12	0.07	0.05	<i>Pseudonocardia hydrocarbonoxydans (T)</i>	AJ252826	100
MILIA 384	0.05	0.04	0.06	<i>Rhodococcus erythropolis</i>	AJ131637	100
MILIA 388	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ112236	100
MILIA 394	0.18	0.22	0.20	<i>Corynebacterium striatum</i>	JF342694	100
MILIA 395	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM445436	98
MILIA 401	0.08	0	0	<i>Nocardia globerula</i>	AF430065	100
MILIA 410	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ060547	100
MILIA 414	0.10	0	0	<i>Gordonia terrae (T)</i>	X79286	100
MILIA 418	0.03	0.16	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM873065	100
MILIA 427	0.03	0	0	<i>Nocardioide sp. 4P1-A</i>	AY027587	100
MILIA 437	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF178335	99
MILIA 442	0.03	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ479096	100
MILIA 446	0.17	0.20	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AM697175	100
MILIA 448	0.03	0.01	0.03	<i>unidentified bacterium</i>	AY345490	100
MILIA 451	0.10	0	0.03	<i>Terrabacter sp. 5414T-18</i>	EU573947	100
MILIA 458	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ016522	99
MILIA 465	0.13	0.12	0.06	<i>Rothia dentocariosa</i>	AF543276	100
MILIA 467	0.05	0	0	<i>Sanguibacter keddicii (T)</i>	X79450	98
MILIA 474	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM366514	97
MILIA 475	0.02	0	0	<i>Arthrobacter tecti (T)</i>	AJ639829	100
MILIA 498	0.07	0.01	0.15	<i>uncultured actinobacterium</i>	HM241128	100
MILIA 499	0.07	0.04	0	<i>Leifsonia sp. enrichment culture clone Van42</i>	HQ222274	99
MILIA 509	0.02	0	0	<i>uncultured Actinomycetaceae bacterium</i>	HQ183917	99
MILIA 511	0.05	0.26	0	<i>Mycobacterium duvalii (T)</i>	U94745	100
MILIA 518	0.03	0.12	0.02	<i>Propionibacteriaceae bacterium WN033</i>	AB377178	98
MILIA 520	0.02	0	0	<i>Kribbia sp. JL1069</i>	DQ985060	96
MILIA 528	0.02	0	0	<i>bacterium Ellin5133</i>	AY234550	97
MILIA 531	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM445437	97
MILIA 537	0.05	0.09	0	<i>Micrococcus sp. O37_6</i>	AB468985	99
MILIA 539	0.03	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ232439	97
MILIA 540	0.02	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532191	100

MILIA 548	0.20	0.09	0.18	<i>bacterium K2-25</i>	AY345428	99
MILIA 552	0.02	0.06	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	GQ111666	100
MILIA 560	0.05	0	0	<i>Tessaracoccus sp. R-36527</i>	FR682696	98
MILIA 561	0.02	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EU537017	100
MILIA 562	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM269827	100
MILIA 564	0.02	0.03	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FM874122	99
MILIA 566	0.10	0.09	0	<i>Corynebacterium thomssenii (T)</i>	AF010474	100
MILIA 582	0.03	0.01	0.08	<i>Micrococcus luteus</i>	GQ260074	99
MILIA 584	0.05	0.03	0.12	<i>Cellulomonas sp. d6</i>	AJ292035	100
MILIA 607	0.02	0.04	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ034508	100
MILIA 612	0.03	0	0.05	<i>Dermatophilus chelonae (T)</i>	AJ243919	98
MILIA 616	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY958846	95
MILIA 623	0.05	0.07	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM845968	100
MILIA 629	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ479049	96
MILIA 630	0.12	0	0.02	<i>bacterium Ellin6023</i>	AY234675	99
MILIA 632	0.03	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM873108	100
MILIA 638	0.03	0.13	0.11	<i>Actinomyces naeslundii (T)</i>	X81062	100
MILIA 641	0.03	0.01	0.12	<i>Microlunatus aurantiacus</i>	EU741106	100
MILIA 649	0.02	0.26	0.12	<i>uncultured bacterium</i>	GQ029500	100
MILIA 660	0.03	0.09	0.20	<i>Brachybacterium nesterenkovi (T)</i>	X91033	100
MILIA 662	0.02	0	0	<i>Mobiluncus curtisii subsp. holmesii</i>	AJ318409	100
MILIA 664	0.02	0.10	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY958924	99
MILIA 665	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM773522	98
MILIA 672	0.02	0.01	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM267086	98
MILIA 682	0.08	0.12	0.31	<i>uncultured Microbacterium sp.</i>	HQ183911	100
MILIA 683	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AJ863234	97
MILIA 692	0.10	0.15	0.45	<i>uncultured bacterium</i>	AM696846	100
MILIA 698	0.02	0	0	<i>Kytococcus sedentarius DSM 20547</i>	CP001686	99
MILIA 699	0.02	0.04	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	GQ021205	100
MILIA 705	0.02	0.10	0.12	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129311	98
MILIA 708	0.05	0	0.05	<i>uncultured soil bacterium</i>	EF688383	100
MILIA 710	0.03	0.18	0.05	<i>Kytococcus sedentarius</i>	AY881239	100
MILIA 717	0.10	0.12	0.15	<i>uncultured bacterium</i>	FM875313	100
MILIA 721	0.03	0.04	0.02	<i>Leifsonia sp. enrichment culture clone Van42</i>	HQ222274	100
MILIA 725	0.03	0	0	<i>Arthrobacter sp. ZHT3-9</i>	HQ202575	99
MILIA 732	0.03	0	0.22	<i>uncultured actinobacterium</i>	DQ366003	98
MILIA 734	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU803274	97
MILIA 739	0.07	0.13	0.28	<i>Microbacterium sp. JL1103</i>	DQ985063	100
MILIA 743	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AB179506	99
MILIA 747	0.02	0	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	FN811266	95
MILIA 753	0.05	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FJ670972	99
MILIA 755	0.03	0	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	EU979045	100
MILIA 759	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ535513	97
MILIA 760	0.05	0.06	0.05	<i>Agrococcus sp. G2DM-57</i>	DQ416789	100
MILIA 762	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AJ863234	100
MILIA 768	0.02	0.07	0.03	<i>Rothia sp. ChDC B202</i>	AF543280	99
MILIA 769	0.03	0	0	<i>Corynebacterium ammoniagenes (T)</i>	X84440	99
MILIA 776	0.03	0	0	<i>Kocuria carniphila (T)</i>	AJ622907	98
MILIA 786	0.07	0.04	0.40	<i>uncultured bacterium</i>	HM304639	100
MILIA 792	0.03	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM278456	100
MILIA 796	0.05	0	0	<i>Brachybacterium nesterenkovi (T)</i>	X91033	100
MILIA 807	0.03	0.01	0	<i>Kocuria carniphila (T)</i>	AJ622907	99
MILIA 811	0.03	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ058690	100
MILIA 814	0.02	0	0	<i>Rhodococcus fascians</i>	Y11196	100
MILIA 821	0.02	0	0	<i>Micrococcus sp. OS5</i>	EF491955	98
MILIA 822	0.05	0	0	<i>Nocardioideis sp. KC-EP-S1</i>	FJ711217	99
MILIA 826	0.02	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EF516495	95
MILIA 827	0.02	0	0	<i>bacterium Ellin6023</i>	AY234675	98
MILIA 828	0.05	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF087001	100
MILIA 834	0.02	0	0	<i>Arthrobacter sp. ON14</i>	AJ810894	100
MILIA 844	0.02	0	0	<i>Janibacter sp. IV-75</i>	FM179321	100
MILIA 845	0.05	0.04	0	<i>uncultured Nocardioideaceae bacterium</i>	EF019309	100
MILIA 855	0.03	0	0	<i>Streptomyces azureus (T)</i>	EF178674	100
MILIA 864	0.03	0.10	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM270777	100
MILIA 865	0.05	0.07	0.09	<i>Brevibacterium casei</i>	GU143785	100
MILIA 875	0.02	0	0.03	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF016798	100
MILIA 887	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AJ863234	98
MILIA 893	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM874521	100
MILIA 897	0.02	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	JF417725	99
MILIA 901	0.02	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM872589	100
MILIA 902	0.02	0	0	<i>Nocardioideis sp. MSL 16</i>	EF466118	98
MILIA 904	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ873306	98
MILIA 914	0.02	0.03	0	<i>uncultured Micrococcus sp.</i>	EU071518	100
MILIA 919	0.02	0	0.06	<i>Actinomyces massiliensis (T)</i>	EF558367	100
MILIA 925	0.02	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ479018	100
MILIA 926	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM697552	100
MILIA 933	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY958846	100
MILIA 935	0.02	0	0	<i>Actinomycetales bacterium RP-AC38</i>	FM998004	96
MILIA 941	0.02	0.09	0.06	<i>uncultured Pseudonocardia sp.</i>	HQ674852	100
MILIA 942	0.02	0	0	<i>bacterium Ellin6023</i>	AY234675	100
MILIA 949	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM273602	98

MILIA 950	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM312362	100
MILIA 958	0.02	0	0	<i>Humibacillus xanthopallidus</i> (T)	AB282888	100
MILIA 961	0.02	0.01	0.08	uncultured bacterium	HM267086	100
MILIA 967	0.02	0	0	<i>Actinomycetales</i> bacterium RP-AC38	FM998004	99
MILIA 974	0.02	0.07	0	<i>Nostocoida aromativora</i>	AY682381	100
MILIA 981	0.02	0.03	0.03	<i>Microbacterium</i> sp. VKM Ac-2048	AB042083	100
MILIA 983	0.02	0	0	uncultured actinobacterium	EU979045	95
MILIA 990	0.02	0	0	<i>Dietzia</i> sp. BBDP49	DQ337508	99
MILIA 1012	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF231443	98
MILIA 1013	0.02	0	0	uncultured bacterium	HQ588505	99
MILIA 1017	0.02	0	0	uncultured bacterium	GQ016522	98
MILIA 1020	0.02	0.41	0.37	<i>Dermaococcus abyssi</i> (T)	AY894323	100
MILIA 1024	0.02	0.06	0.02	<i>Corynebacterium</i> sp. C18	AY725812	100
MILIA 1028	0.02	0	0	bacterium Ellin6023	AY234675	100
MILIA 1034	0.02	0	0	<i>Streptomyces thermocarboxydovorans</i>	U94487	100
MILIA 1038	0	0.03	0.02	uncultured bacterium	GQ006482	98
MILIA 1043	0	0.19	0.05	<i>Nocardioides</i> sp. R-36680	FR682688	100
MILIA 1051	0	0.01	0	marine actinobacterium YM26-77	AB522644	100
MILIA 1055	0	0.01	0	<i>Corynebacterium thomsseni</i> (T)	AF010474	100
MILIA 1056	0	0.01	0	uncultured Cellulomonadaceae bacterium	EU016429	97
MILIA 1063	0	0.03	0	uncultured bacterium	HM007528	100
MILIA 1064	0	0.25	0.09	<i>Actinomyces genomosp.</i> C2	AY278611	100
MILIA 1066	0	0.01	0	actinobacterium SOC A20(63)	DQ628959	98
MILIA 1070	0	0.03	0	<i>Brevibacterium</i> sp. TUT1201	AB188208	100
MILIA 1073	0	0.07	0.06	<i>Brevibacterium ptyocampae</i>	EU484189	100
MILIA 1096	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ478903	98
MILIA 1098	0	0.03	0.02	<i>Micrococcus antarcticus</i> (T)	AJ005932	100
MILIA 1100	0	0.19	0.09	<i>Agreia pratensis</i> (T)	AJ310412	100
MILIA 1106	0	0.06	0	uncultured bacterium	AM746685	97
MILIA 1110	0	0.09	0.06	uncultured bacterium	DQ129346	98
MILIA 1117	0	0.15	0.12	<i>Kocuria</i> sp. SA-7-12B	DQ531639	98
MILIA 1124	0	0.01	0	<i>Friedmanniella spumicola</i> (T)	AF062535	97
MILIA 1125	0	0.22	0.09	<i>Arthrobacter</i> sp. R-20809	AJ786777	100
MILIA 1132	0	0.06	0.08	actinobacterium P6	DQ351730	100
MILIA 1134	0	0.01	0	<i>Janibacter</i> sp. IV-75	FM179321	100
MILIA 1136	0	0.12	0.12	<i>Bifidobacterium</i> sp. PL1	AF306789	100
MILIA 1138	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ769434	99
MILIA 1143	0	0.12	0.03	<i>Curtobacterium herbarum</i> (T)	AJ310413	100
MILIA 1156	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ478903	99
MILIA 1157	0	0.01	0	<i>Conexibacter woesei</i> DSM 14684	CP001854	98
MILIA 1160	0	0.01	0	uncultured <i>Micrococcus</i> sp.	EU071518	97
MILIA 1163	0	0.04	0	uncultured bacterium	AJ316319	100
MILIA 1164	0	0.09	0	uncultured endolithic bacterium	AB374386	98
MILIA 1167	0	0.19	0.11	uncultured bacterium	JF145498	98
MILIA 1173	0	0.23	0.05	<i>Bogoriellaceae</i> bacterium YIM 93306	FJ969847	99
MILIA 1186	0	0.12	0.49	<i>Nocardioides</i> sp. C157	AF253509	100
MILIA 1187	0	0.09	0.20	<i>Nocardioides panaciterrae</i>	AB257719	100
MILIA 1198	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY958910	99
MILIA 1205	0	0.03	0.03	uncultured soil bacterium	DQ378203	96
MILIA 1209	0	0.04	0	uncultured soil bacterium	EU861867	98
MILIA 1217	0	0.10	0.08	uncultured bacterium	GQ112437	100
MILIA 1218	0	0.07	0	uncultured bacterium	HQ864108	98
MILIA 1219	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF417723	99
MILIA 1222	0	0.12	0.05	uncultured bacterium	FN421914	100
MILIA 1230	0	0.06	0	uncultured bacterium	JF178115	99
MILIA 1233	0	0.04	0.02	uncultured bacterium	FM872874	99
MILIA 1237	0	0.09	0.06	uncultured bacterium	EF589984	99
MILIA 1242	0	0.16	0	uncultured soil bacterium	EU861867	96
MILIA 1249	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF225036	99
MILIA 1254	0	0.01	0	<i>Nocardioides</i> sp. C157	AF253509	99
MILIA 1256	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF139715	99
MILIA 1261	0	0.01	0.02	<i>Arthrobacter</i> sp. GZK-1	FJ766438	99
MILIA 1262	0	0.03	0	uncultured actinobacterium	AY921660	100
MILIA 1263	0	0.06	0	<i>Geodermatophilus obscurus</i> DSM 43160	CP001867	100
MILIA 1266	0	0.04	0.02	uncultured bacterium	FM874122	99
MILIA 1270	0	0.07	0.02	uncultured bacterium	GQ049580	100
MILIA 1274	0	0.06	0	<i>Nocardioides lentus</i> (T)	DQ121389	100
MILIA 1276	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	GU574019	100
MILIA 1278	0	0.01	0.02	uncultured bacterium	HM263189	100
MILIA 1281	0	0.07	0	<i>Dietzia cinnamea</i> (T)	AJ920289	100
MILIA 1283	0	0.15	0.03	uncultured bacterium	JF227104	100
MILIA 1292	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM263317	97
MILIA 1302	0	0.04	0	uncultured bacterium	FJ478585	100
MILIA 1307	0	0.03	0	uncultured bacterium	HQ864108	98
MILIA 1313	0	0.03	0	<i>Saccharopolyspora</i> sp. 13674Q	EU741232	95
MILIA 1314	0	0.03	0	uncultured bacterium	HM366494	99
MILIA 1318	0	0.01	0	<i>Streptomyces thermodiastaticus</i>	AB018096	97
MILIA 1320	0	0.01	0	uncultured Acidimicrobiae bacterium	AM935253	99
MILIA 1321	0	0.04	0.08	<i>Pseudoclavibacter helvolus</i> (T)	X77440	100
MILIA 1322	0	0.04	0	<i>Kineococcus</i> -like bacterium AS3635	AF060694	100
MILIA 1324	0	0.03	0.08	uncultured bacterium	GQ042446	100

MILIA 1326	0	0.03	0.02	uncultured bacterium	EU289461	98
MILIA 1327	0	0.06	0	uncultured organism	DQ396190	99
MILIA 1332	0	0.01	0	<i>Bifidobacterium gallicum</i> (T)	D86189	99
MILIA 1338	0	0.01	0	uncultured actinobacterium	EU753662	97
MILIA 1345	0	0.04	0.03	<i>Microbacterium</i> sp. 4_C16_10	EF540500	100
MILIA 1346	0	0.01	0.03	<i>Brachybacterium alimentarium</i> (T)	X91031	98
MILIA 1347	0	0.06	0	<i>Actinomyces</i> sp. oral taxon 848 str. F0332	GQ131416	100
MILIA 1348	0	0.03	0	uncultured bacterium	HM269030	100
MILIA 1353	0	0.03	0	uncultured bacterium	FJ479246	100
MILIA 1360	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ478585	96
MILIA 1374	0	0.01	0	<i>Actinobaculum schaalii</i>	AF487680	100
MILIA 1377	0	0.01	0	blackwater bioreactor bacterium BW4	AF394169	99
MILIA 1379	0	0.01	0	<i>Geodermatophilus obscurus</i> DSM 43160	CP001867	99
MILIA 1389	0	0.07	0	uncultured actinobacterium	FN811231	100
MILIA 1399	0	0.03	0	uncultured bacterium	HM317673	99
MILIA 1407	0	0.04	0.03	uncultured bacterium	DQ129563	100
MILIA 1412	0	0.12	0.05	uncultured bacterium	EU652037	100
MILIA 1415	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY958924	100
MILIA 1418	0	0.01	0	uncultured marine bacterium Ant4E12	DQ295238	93
MILIA 1434	0	0.01	0.02	<i>Actinomyces</i> sp. oral clone CT068	AF385505	99
MILIA 1436	0	0.03	0	bacterium K2-25	AY345428	100
MILIA 1437	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY958823	100
MILIA 1447	0	0.06	0.05	uncultured bacterium	AM697044	99
MILIA 1450	0	0.13	0	<i>Patulibacter minatonensis</i> (T)	AB193261	97
MILIA 1462	0	0.04	0	uncultured bacterium	GU180182	98
MILIA 1468	0	0.03	0.08	uncultured <i>Brevibacterium</i> sp.	EF419416	100
MILIA 1469	0	0.10	0.03	uncultured bacterium	AM697104	100
MILIA 1470	0	0.03	0	<i>Propionibacterium</i> sp. H456	AB177643	100
MILIA 1471	0	0.01	0.02	uncultured <i>Micrococcus</i> sp.	EU071518	98
MILIA 1475	0	0.10	0	uncultured bacterium	AJ576407	99
MILIA 1476	0	0.01	0.02	<i>Dermaococcus nishinomiyaensis</i> (T)	X87757	100
MILIA 1479	0	0.07	0	uncultured bacterium	HQ864075	99
MILIA 1480	0	0.10	0.08	<i>Microbacterium</i> sp. 4_C16_10	EF540500	100
MILIA 1483	0	0.03	0	<i>Tonsillophilus suis</i>	AB096085	97
MILIA 1490	0	0.03	0	<i>Kocuria rhizophila</i> DC2201	AP009152	100
MILIA 1491	0	0.01	0.05	uncultured bacterium	EF516937	100
MILIA 1493	0	0.06	0	uncultured bacterium	JF107054	100
MILIA 1495	0	0.09	0	<i>Mycobacteriaceae</i> bacterium KVD-unk-22	DQ490438	100
MILIA 1511	0	0.03	0.03	uncultured actinobacterium	EF016798	99
MILIA 1515	0	0.04	0.03	uncultured <i>Rubrobacteriaceae</i> bacterium	EF019474	99
MILIA 1516	0	0.01	0	<i>Janibacter limosus</i>	Y08540	99
MILIA 1520	0	0.03	0	uncultured actinobacterium	EF016811	99
MILIA 1521	0	0.01	0	<i>Nocardiosis</i> sp. TFS 91	EF216363	100
MILIA 1525	0	0.01	0	<i>Dermaococcus</i> sp. Ellin183	AF409025	99
MILIA 1532	0	0.03	0	<i>Nocardioidea</i> sp. Gsoil 958	GQ339903	98
MILIA 1534	0	0.01	0	<i>Rothia</i> sp. ChDC B202	AF543280	98
MILIA 1536	0	0.04	0	uncultured bacterium	EU536481	100
MILIA 1541	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM319093	96
MILIA 1542	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	GQ264056	100
MILIA 1546	0	0.01	0.02	bacterium K2-25	AY345428	98
MILIA 1548	0	0.01	0	<i>Corynebacterium thomsseni</i> (T)	AF010474	100
MILIA 1549	0	0.09	0.03	<i>Rothia</i> sp. 3_1/4V	EF540463	100
MILIA 1551	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF417723	98
MILIA 1552	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM317673	98
MILIA 1566	0	0.04	0	uncultured bacterium	JF167823	100
MILIA 1569	0	0.03	0	<i>Leifsonia xyli</i> subsp. <i>xyli</i>	M60935	100
MILIA 1571	0	0.01	0	<i>Propioniferax</i> sp. P7	EU109728	99
MILIA 1572	0	0.01	0	<i>Arthrobacter</i> sp. NJ1	AY738758	99
MILIA 1573	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ077618	100
MILIA 1584	0	0.01	0	uncultured <i>Propionibacterium</i> sp.	FM995190	100
MILIA 1587	0	0.09	0.05	<i>Aeromicrobium fastidiosum</i> (T)	AF005022	100
MILIA 1592	0	0.03	0	uncultured bacterium	FJ479046	100
MILIA 1598	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM276314	96
MILIA 1603	0	0.01	0	<i>Dietzia maris</i> (T)	X79290	100
MILIA 1604	0	0.04	0	<i>Saccharopolyspora</i> sp. 13674Q	EU741232	94
MILIA 1607	0	0.01	0.05	uncultured bacterium	EU181492	100
MILIA 1611	0	0.04	0	uncultured bacterium	AJ576385	98
MILIA 1612	0	0.01	0.02	uncultured bacterium	JF145645	100
MILIA 1621	0	0.03	0	<i>Agromyces mediolanus</i> (T)	X77449	100
MILIA 1629	0	0.01	0	<i>Nocardioidea</i> sp. ND6	AJ511294	100
MILIA 1630	0	0.07	0	uncultured bacterium	AY958924	100
MILIA 1634	0	0.09	0.06	uncultured bacterium	JF417723	100
MILIA 1640	0	0.03	0.09	uncultured bacterium	HM332165	100
MILIA 1647	0	0.01	0	<i>Brachybacterium nesterenkovi</i> (T)	X91033	98
MILIA 1650	0	0.04	0	uncultured bacterium	FJ478855	98
MILIA 1653	0	0.01	0	uncultured rumen bacterium	GU303479	95
MILIA 1657	0	0.01	0	<i>Actinomyces dentalis</i> (T)	AJ697609	100
MILIA 1658	0	0.01	0	uncultured <i>Nocardioidea</i> sp.	HQ183922	98
MILIA 1659	0	0.03	0	uncultured bacterium	EU289436	99
MILIA 1663	0	0.01	0	uncultured bacterium	AF371712	100
MILIA 1666	0	0.01	0	<i>Sanguibacter</i> sp. enrichment culture clone VanCtr9	HQ222299	99

MILIA 1674	0	0.01	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF016798	99
MILIA 1683	0	0.03	0.15	<i>Sanguibacter keddiei</i> (T)	X79450	100
MILIA 1685	0	0.03	0.02	<i>Actinomycetales bacterium Gsoil 1632</i>	AB245397	97
MILIA 1687	0	0.01	0	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU861867	96
MILIA 1691	0	0.03	0	<i>Bifidobacterium</i> sp. oral strain H6-M4	AF385524	100
MILIA 1694	0	0.01	0	<i>Micrococcus lylae</i> (T)	X80750	99
MILIA 1699	0	0.01	0	<i>Micrococcus luteus</i>	GQ260074	96
MILIA 1719	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ478762	100
MILIA 1720	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ033772	98
MILIA 1721	0	0.01	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ478579	100
MILIA 1727	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM874125	95
MILIA 1731	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM873770	100
MILIA 1736	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ478903	100
MILIA 1738	0	0.01	0	<i>Antarctic bacterium 3C6</i>	EU636020	95
MILIA 1743	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY959023	99
MILIA 1746	0	0.01	0	<i>Humicoccus flavidus</i> (T)	DQ321750	100
MILIA 1747	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ033155	100
MILIA 1752	0	0.01	0	<i>Propionibacterium</i> sp. oral taxon 192	GQ422728	99
MILIA 1754	0	0.03	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM267086	100
MILIA 1756	0	0.01	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	FJ543076	100
MILIA 1764	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM315614	97
MILIA 1770	0	0.04	0.03	<i>Micrococcus luteus</i>	AJ409096	99
MILIA 1773	0	0.01	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	AY250865	98
MILIA 1777	0	0.01	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF016798	99
MILIA 1779	0	0.01	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EF063610	98
MILIA 1780	0	0.01	0	<i>Bogoriellaceae bacterium YIM 93306</i>	FJ969847	98
MILIA 1796	0	0.01	0	<i>Actinoalloteichus cyanogriseus</i>	DQ442532	100
MILIA 1798	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM873386	98
MILIA 1803	0	0.01	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	HM267086	98
MILIA 1810	0	0.01	0	<i>uncultured Intratorangiaceae bacterium</i>	EU016450	98
MILIA 1814	0	0.03	0.02	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF016798	100
MILIA 1818	0	0.01	0.02	<i>Arthrobacter</i> sp. ADG1	AY651318	100
MILIA 1821	0	0.01	0	<i>Geodermatophilus</i>	X92364	99
MILIA 1825	0	0.01	0	<i>Brachybacterium zhongshanense</i> (T)	EF125186	98
MILIA 1826	0	0.01	0	<i>Mycobacterium</i> sp. MCS	CP000384	100
MILIA 1839	0	0.01	0	<i>Brevibacterium antarcticum</i>	AJ577724	100
MILIA 1843	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF231443	100
MILIA 1857	0	0.01	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	EU979035	99
MILIA 1859	0	0.01	0.12	<i>Bifidobacterium gallicum</i> (T)	D86189	100
MILIA 1867	0	0.01	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM872874	99
MILIA 1869	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM278773	99
MILIA 1870	0	0.01	0	<i>Nocardioidea</i> sp. BA21	HM005239	100
MILIA 1886	0	0	0.02	<i>Brooklawnia massiliensis</i>	EF558366	99
MILIA 1887	0	0	0.05	<i>uncultured Corynebacterium</i> sp.	EF419422	98
MILIA 1897	0	0	0.09	<i>uncultured bacterium</i>	EF632946	98
MILIA 1903	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	HM343438	100
MILIA 1906	0	0	0.02	<i>Nocardioidea</i> sp. JS884	AF465213	99
MILIA 1907	0	0	0.09	<i>Cellulomonas</i> sp. d6	AJ292035	99
MILIA 1911	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EU132981	96
MILIA 1922	0	0	0.02	<i>Micrococcus</i> sp. TUT1210	AB188213	99
MILIA 1930	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ625335	96
MILIA 1936	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	JF066682	100
MILIA 1937	0	0	0.02	<i>Rhodococcus corynebacterioides</i>	AY438619	100
MILIA 1939	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM270164	99
MILIA 1942	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ396815	98
MILIA 1951	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	FJ478608	100
MILIA 1953	0	0	0.06	<i>Nocardioidea</i> sp. LMG 20237	AJ316318	98
MILIA 1961	0	0	0.15	<i>uncultured bacterium</i>	JF417732	99
MILIA 1972	0	0	0.05	<i>Blastococcus</i> sp. CNJ868 PL04	DQ448697	98
MILIA 1976	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ064758	100
MILIA 1984	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	FJ478592	97
MILIA 1987	0	0	0.02	<i>Asaccharobacter celatus</i> (T)	AB266102	100
MILIA 1993	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ044301	99
MILIA 2010	0	0	0.02			
MILIA 2011	0	0	0.11	<i>marine bacterium P_wp0234</i>	AY188942	99
MILIA 2021	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EU335170	98
MILIA 2040	0	0	0.05	<i>uncultured Nocardioidea</i> sp.	HQ183921	96
MILIA 2050	0	0	0.02	<i>Mycobacterium lepromatosis</i>	EU203590	96
MILIA 2054	0	0	0.06	<i>Mycobacterium obuense</i> (T)	X55597	100
MILIA 2056	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	JF237964	99
MILIA 2059	0	0	0.02	<i>Kocuria</i> sp. TBC1	DQ357773	96
MILIA 2060	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AJ316319	96
MILIA 2063	0	0	0.03	<i>Corynebacterium matruchotii</i>	AF543287	100
MILIA 2069	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ500882	91
MILIA 2070	0	0	0.03	<i>Devriesea agamarum</i> (T)	EU009865	97
MILIA 2072	0	0	0.11	<i>Geodermatophilaceae bacterium CIBE-G13</i>	AY903279	100
MILIA 2081	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	AM930281	100
MILIA 2087	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ033155	98
MILIA 2093	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	JF417836	99
MILIA 2097	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	DQ520172	97
MILIA 2098	0	0	0.03	<i>Streptomyces vitaminophilus</i> (T)	AB184589	97

MILIA 2100	0	0	0.05	<i>Corynebacterium glucuronolyticum</i> (T)	X86688	100
MILIA 2107	0	0	0.02	<i>Arthrobacter</i> sp. ER2	FJ517630	100
MILIA 2111	0	0	0.02	<i>Brachybacterium alimentarium</i> (T)	X91031	96
MILIA 2119	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ125890	99
MILIA 2123	0	0	0.03	<i>Patulibacter minatonensis</i> (T)	AB193261	100
MILIA 2129	0	0	0.06	uncultured <i>Rhodococcus</i> sp.	EU669182	100
MILIA 2130	0	0	0.08	<i>Corynebacterium kroppenstedtii</i>	AY524774	100
MILIA 2131	0	0	0.11	uncultured bacterium	HQ910283	100
MILIA 2134	0	0	0.08	<i>Corynebacterium glaucum</i> (T)	AJ431634	100
MILIA 2142	0	0	0.05	<i>Nocardioides</i> sp. AN3	AB183711	100
MILIA 2146	0	0	0.02	uncultured actinomycete	EU423872	100
MILIA 2149	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ129346	98
MILIA 2156	0	0	0.03	<i>Kineosporia rhizophila</i>	FR749987	98
MILIA 2163	0	0	0.03	iron-reducing enrichment clone CI-A3	DQ676995	100
MILIA 2165	0	0	0.02	uncultured actinobacterium	EF016798	97
MILIA 2173	0	0	0.09	uncultured bacterium	EF632946	99
MILIA 2179	0	0	0.03	uncultured bacterium	AM697088	100
MILIA 2180	0	0	0.08	<i>Actinomyces</i> sp. oral taxon 178	GU470902	100
MILIA 2181	0	0	0.05	uncultured bacterium	EU881340	100
MILIA 2182	0	0	0.02	<i>Nocardioides</i> sp. S23405	D84616	98
MILIA 2183	0	0	0.06	uncultured bacterium	HM319727	100
MILIA 2200	0	0	0.03	<i>Dermaococcus abyssi</i> (T)	AY894323	100
MILIA 2219	0	0	0.05	<i>Dermatophilus chelonae</i> (T)	AJ243919	97
MILIA 2227	0	0	0.03	<i>Rothia nasimurium</i> (T)	AJ131121	100
MILIA 2234	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM276376	98
MILIA 2236	0	0	0.03	<i>Nocardioides</i> sp. C157	AF253509	100
MILIA 2241	0	0	0.02	uncultured <i>Rubrobacteraceae</i> bacterium	EF020224	100
MILIA 2244	0	0	0.06	uncultured <i>Nocardioides</i> sp.	HQ183922	98
MILIA 2245	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ004952	100
MILIA 2248	0	0	0.05	<i>Nakamurella multipartita</i> DSM 44233	CP001737	100
MILIA 2254	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF174059	98
MILIA 2270	0	0	0.06	<i>Nocardioides</i> sp. S23405	D84616	98
MILIA 2275	0	0	0.02	uncultured bacterium	EU458483	100
MILIA 2284	0	0	0.02	uncultured bacterium	FJ592817	98
MILIA 2290	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF417732	99
MILIA 2291	0	0	0.02	<i>Nocardioides</i> sp. 87N50-1a	EU196474	98
MILIA 2293	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ013140	100
MILIA 2298	0	0	0.03	<i>Streptomyces</i> sp. YIM26	AF389343	100
MILIA 2300	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ910328	100
MILIA 2301	0	0	0.06	uncultured bacterium	HQ864157	100
MILIA 2304	0	0	0.05	uncultured bacterium	HM254595	100
MILIA 2305	0	0	0.02	uncultured actinobacterium	HQ857696	100
MILIA 2309	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM267086	98
MILIA 2311	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF145702	99
MILIA 2313	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM270164	100
MILIA 2325	0	0	0.06	<i>Pseudonocardia kongjuensis</i> (T)	AJ252833	100
MILIA 2332	0	0	0.02	uncultured bacterium	HQ910280	97
MILIA 2337	0	0	0.03	<i>Arthrobacter</i> sp. SH-61B	FN377733	98
MILIA 2339	0	0	0.03	uncultured <i>Rubrobacteraceae</i> bacterium	EF019474	99
MILIA 2342	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF178880	100
MILIA 2343	0	0	0.02	<i>Rhodococcus</i> sp. PIC-C4	DQ227773	99
MILIA 2347	0	0	0.02	uncultured actinobacterium	EF016798	98
MILIA 2349	0	0	0.02	<i>Nocardioides</i> sp. C157	AF253509	100
MILIA 2351	0	0	0.06	<i>Bifidobacterium bifidum</i> S17	CP002220	100
MILIA 2360	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM312946	98
MILIA 2373	0	0	0.02	<i>Micrococcus luteus</i>	GQ260074	98
MILIA 2383	0	0	0.03	<i>Micrococcus terreus</i>	FJ423763	100
MILIA 2386	0	0	0.02	<i>Actinomyces</i> sp. ChDC B197	AF543275	99
MILIA 2397	0	0	0.02	uncultured <i>Rubrobacteraceae</i> bacterium	EF020224	100
MILIA 2408	0	0	0.03	<i>Arsenicococcus</i> sp. YIM KMY37	DQ358660	100
MILIA 2412	0	0	0.02	<i>Kocuria aegyptia</i> (T)	DQ059617	97
MILIA 2413	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ059712	99
MILIA 2414	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ396902	99
MILIA 2417	0	0	0.03	<i>Microbacterium flavescens</i> (T)	Y17232	99
MILIA 2446	0	0	0.02	uncultured bacterium	HQ158751	97
MILIA 2448	0	0	0.02	uncultured bacterium	AJ576385	97
MILIA 2455	0	0	0.03	<i>Klugiella xanthotipulae</i> (T)	AY372075	99
MILIA 2456	0	0	0.02	<i>Georgenia ruanii</i> (T)	DQ203185	100
MILIA 2460	0	0	0.02	<i>Micrococcus luteus</i>	GQ260074	98
MILIA 2469	0	0	0.02	<i>Coriobacterium</i> sp. CCUG 33918	AJ131150	100
MILIA 2470	0	0	0.02	uncultured bacterium	FM873570	100
MILIA 2471	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ125890	100
MILIA 2491	0	0	0.02	uncultured soil bacterium	EU861905	99
MILIA 2500	0	0	0.02	unidentified bacterium	AY345490	99
MILIA 2501	0	0	0.03	<i>Corynebacterium jeikeium</i> (T)	X84250	100
MILIA 2503	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM288157	98
MILIA 2504	0	0	0.02	uncultured bacterium	FJ478527	99
MILIA 2506	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF228163	99
MILIA 2510	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF066682	100
MILIA 2511	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF167289	100
MILIA 2512	0	0	0.02	uncultured bacterium	FM873756	99

MILIA 2516	0	0	0.02	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF016798	97
MILIA 2520	0	0	0.02	<i>uncultured actinobacterium</i>	HQ857696	100
MILIA 2522	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ500882	91
MILIA 2524	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ077831	97
MILIA 2528	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EU181492	99
MILIA 2530	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AM697298	99
MILIA 2531	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM873299	98
MILIA 2542	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	JF174069	98
MILIA 2546	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ058690	98
MILIA 2550	0	0	0.02	<i>marine actinobacterium YM26-77</i>	AB522644	98
MILIA 2552	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EU881340	97
MILIA 2556	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532242	100
MILIA 2557	0	0	0.02	<i>uncultured Micrococcus sp.</i>	EU071518	98
MILIA 2559	0	0	0.02	<i>Arcanobacterium sp. NML 06501</i>	EF061225	100
MILIA 2561	0	0	0.02	<i>Sanguibacter keddii (T)</i>	X79450	100
MILIA 2565	0	0	0.02	<i>Luteococcus japonicus (T)</i>	D85487	98
MILIA 2568	0	0	0.02	<i>Actinomyces sp. oral clone IP073</i>	AY349365	99
MILIA 2571	0	0	0.02	<i>Micrococcus sp. TUT1210</i>	AB188213	98
<i>Alphaproteobacteria: (494 phylotypes, 3903 sequences)</i>						
MILIA 43	1.44	1.92	0.69	<i>Paracoccus sp. mdw-1</i>	AY819696	100
MILIA 54	1.07	1.40	0.98	<i>Paracoccus marcusii (T)</i>	Y12703	100
MILIA 74	1.01	0.13	0	<i>Paracoccus sp. SA5</i>	AY864654	100
MILIA 78	0.97	0.92	1.45	<i>Sphingomonas sp. eh2</i>	AF548567	100
MILIA 115	1.80	0.16	0	<i>Methylobacterium podarium</i>	AY468363	100
MILIA 159	0.78	1.30	0.51	<i>Paracoccus marcusii (T)</i>	Y12703	100
MILIA 14	0.84	0.39	0.08	<i>Brevundimonas vesicularis (T)</i>	AJ227780	100
MILIA 77	0.58	0	0.02	<i>Methylobacterium podarium</i>	AY468363	100
MILIA 175	0.25	0.73	0.06	<i>bacterium str. 96446</i>	AF227855	100
MILIA 217	0.23	0.50	0.77	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	FM866280	100
MILIA 266	0.41	0.96	0.40	<i>uncultured bacterium</i>	DQ856552	100
MILIA 22	0.23	0.15	0.03	<i>Sphingomonadaceae bacterium ZC8</i>	FJ263045	99
MILIA 28	0.25	0.18	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ388898	99
MILIA 32	0.07	0.16	0	<i>Sphingomonas dokdonensis</i>	JF459939	100
MILIA 39	0.05	0.04	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GU272287	99
MILIA 41	0.05	0	0	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	AY792285	99
MILIA 49	0.02	0	0	<i>Paracoccus sp. KKL-A6</i>	AB185958	97
MILIA 51	0.07	0.06	0.05	<i>Sphingomonas sp. ACM-3962</i>	AF411072	99
MILIA 58	0.02	0	0	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	AJ505786	94
MILIA 59	0.02	0	0.05	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	AY921752	100
MILIA 63	0.15	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	FJ152890	96
MILIA 75	0.10	0	0	<i>uncultured eubacterium WD249</i>	AJ292599	95
MILIA 90	0.02	0.20	0.22	<i>uncultured bacterium</i>	DQ856552	100
MILIA 92	0.23	0.20	0.49	<i>Sphingomonas sp. Camargue</i>	DQ218322	100
MILIA 95	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF166617	99
MILIA 103	0.15	0.03	0	<i>Brevundimonas vesicularis (T)</i>	AJ227780	99
MILIA 106	0.10	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532236	99
MILIA 117	0.17	0.03	0	<i>Novosphingobium hassiacum (T)</i>	AJ416411	99
MILIA 130	0.02	0	0.02	<i>Paracoccus sp. MBIC4036</i>	AB025192	99
MILIA 133	0.13	0	0	<i>Novosphingobium naphthalenivorans (T)</i>	AB177883	100
MILIA 152	0.02	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ479013	99
MILIA 153	0.15	0.03	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FJ479013	99
MILIA 161	0.17	0	0	<i>Methylobacterium podarium</i>	AY468363	99
MILIA 165	0.02	0.07	0	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU861849	99
MILIA 176	0.03	0	0.02	<i>Rhizobium sp. PF-M</i>	DQ202284	100
MILIA 178	0.08	0.15	0.09	<i>uncultured bacterium</i>	AM697385	100
MILIA 186	0.18	0	0.02	<i>Paracoccus sp. SA5</i>	AY864654	100
MILIA 201	0.03	0.06	0.02	<i>Paracoccus sp. MBIC4019</i>	AB025190	99
MILIA 206	0.20	0.06	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM872533	100
MILIA 207	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM697385	100
MILIA 209	0.13	0	0	<i>Rhizobium radiobacter</i>	AJ389902	99
MILIA 225	0.02	0	0	<i>Rhizobium sp. BZ82</i>	HQ588849	98
MILIA 238	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GU272287	98
MILIA 241	0.10	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY328584	100
MILIA 247	0.03	0	0	<i>Paracoccus sp. SA5</i>	AY864654	99
MILIA 249	0.13	0	0	<i>Rhizobium sp.</i>	U29387	100
MILIA 253	0.02	0.01	0.02	<i>Rhizobium radiobacter</i>	AY576874	98
MILIA 258	0.20	0.09	0	<i>Methylobacterium sp. OS-16.b</i>	AM237344	100
MILIA 260	0.12	0.07	0.11	<i>Roseomonas sp. BZ31r</i>	HQ588841	100
MILIA 262	0.07	0	0.06	<i>uncultured alpha proteobacterium UP3</i>	AF200697	98
MILIA 272	0.05	0.47	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	AY439192	100
MILIA 278	0.10	0	0	<i>uncultured alpha proteobacterium UP3</i>	AF200697	100
MILIA 290	0.13	0.03	0.11	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	AY599674	99
MILIA 294	0.03	0.01	0	<i>Methylobacterium podarium</i>	AY468363	99
MILIA 299	0.02	0	0	<i>Sphingomonas sp. PBI 163</i>	HM204923	100
MILIA 302	0.07	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ230894	100
MILIA 303	0.07	0.32	0.09	<i>Tetracoccus cecii</i>	Y09610	100
MILIA 314	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM333404	100
MILIA 318	0.12	0.10	0.22	<i>Azospirillum sp. enrichment culture clone Pn2_1.2</i>	GQ181133	96
MILIA 320	0.25	0.06	0.02	<i>Paracoccus sp. SA5</i>	AY864654	100
MILIA 322	0.03	0.06	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	DQ856552	100
MILIA 324	0.05	0	0	<i>Methylobacterium podarium</i>	HQ220082	98

MILIA 326	0.08	0.06	0.03	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	99
MILIA 337	0.07	0	0	<i>Sphingopyxis</i> sp. LH21	DQ112242	100
MILIA 338	0.03	0.04	0.06	uncultured bacterium	DQ856552	99
MILIA 339	0.07	0.03	0.09	<i>Aurantimonas</i> sp. R-36516	FR682697	100
MILIA 342	0.12	0.13	0.05	uncultured bacterium	AM697325	100
MILIA 347	0.02	0	0	<i>Methylobacterium podarium</i>	AY468363	100
MILIA 351	0.10	0	0	uncultured bacterium	EU835467	97
MILIA 353	0.28	0.16	0.14	<i>Sphingomonas</i> sp. PBI 163	HM204923	100
MILIA 359	0.02	0	0	uncultured bacterium	FM873733	98
MILIA 366	0.03	0	0	uncultured <i>Sphingomonas</i> sp.	HM438587	98
MILIA 367	0.12	0.03	0.03	proteobacterium symbiont of <i>Nilaparvata lugens</i>	FJ774973	100
MILIA 368	0.02	0	0	<i>Roseomonas</i> sp. BZ31r	HQ588841	99
MILIA 370	0.02	0	0	uncultured bacterium	AY491630	99
MILIA 381	0.07	0.06	0.23	uncultured bacterium	FJ801202	100
MILIA 389	0.03	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	99
MILIA 392	0.02	0	0	uncultured bacterium	HQ697793	97
MILIA 397	0.43	0.25	0.43	uncultured bacterium	FM873293	100
MILIA 411	0.03	0	0.05	uncultured bacterium	FN421570	100
MILIA 413	0.05	0.06	0	uncultured bacterium	DQ856552	99
MILIA 421	0.05	0	0	<i>Brevundimonas</i> sp. Antarctic ISO4	DQ341416	98
MILIA 425	0.07	0	0	uncultured alpha proteobacterium	AF445680	100
MILIA 430	0.02	0	0	uncultured bacterium	GQ059511	96
MILIA 432	0.02	0	0	<i>Novosphingobium hassiacum</i> (T)	AJ416411	99
MILIA 438	0.03	0.01	0	<i>Sphingomonadaceae</i> bacterium ZC8	FJ263045	99
MILIA 440	0.03	0.03	0.03	uncultured bacterium	FM873293	99
MILIA 443	0.10	0.20	0.03	<i>Paracoccus</i> sp. PA216	AM900779	100
MILIA 449	0.17	0.03	0	uncultured soil bacterium	DQ297948	100
MILIA 455	0.26	0.06	0	<i>Bradyrhizobium lupini</i>	U69636	100
MILIA 456	0.02	0	0	uncultured bacterium	DQ532236	98
MILIA 461	0.02	0.01	0	<i>Paracoccus</i> sp. WB1	AF526892	98
MILIA 466	0.07	0	0	arsenite-oxidising bacterium NT-26	AF159453	100
MILIA 468	0.02	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. R-25058	AM084019	99
MILIA 472	0.03	0.01	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	98
MILIA 477	0.13	0	0	uncultured bacterium	DQ088797	100
MILIA 479	0.21	0.10	0.28	uncultured alpha proteobacterium	AB257646	100
MILIA 483	0.02	0	0	uncultured <i>Sphingomonas</i> sp.	HM438612	98
MILIA 489	0.08	0	0	uncultured <i>Kaistobacter</i> sp.	EU193097	99
MILIA 491	0.02	0	0	uncultured bacterium	FN421570	98
MILIA 495	0.12	0	0.02	uncultured bacterium	HM811126	98
MILIA 501	0.02	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. R-24652	AM083998	98
MILIA 503	0.05	0	0	uncultured bacterium	EU465066	100
MILIA 506	0.02	0	0.03	<i>Bradyrhizobium</i> sp. ORS196	AF514792	99
MILIA 510	0.02	0	0	uncultured <i>Roseomonas</i> sp.	GQ417240	99
MILIA 514	0.08	0	0.23	<i>Methylobacterium</i> sp. WSM3674	DQ838528	100
MILIA 515	0.02	0.04	0.08	uncultured <i>Sphingomonas</i> sp.	HM438600	99
MILIA 523	0.05	0	0	<i>Ahrensia kielensis</i>	AY771772	100
MILIA 527	0.02	0.01	0	uncultured bacterium	DQ158100	99
MILIA 529	0.03	0	0	alpha proteobacterium R-36935	FR691417	100
MILIA 535	0.36	0.13	0.05	uncultured <i>Caulobacteriales</i> bacterium	HM798993	100
MILIA 542	0.38	0	0.03	uncultured bacterium	HM273659	99
MILIA 549	0.05	0.16	0.08	uncultured bacterium	FM874375	99
MILIA 555	0.02	0.01	0.02	<i>Brevundimonas</i> sp. Antarctic ISO4	DQ341416	99
MILIA 557	0.07	0.06	0.06	<i>Paracoccus</i> sp. PA216	AM900779	100
MILIA 567	0.07	0	0	uncultured bacterium	FM874383	100
MILIA 569	0.03	0.13	0.12	uncultured alpha proteobacterium	FN811203	100
MILIA 574	0.02	0.01	0.03	<i>Paracoccus marcusii</i> (T)	Y12703	99
MILIA 581	0.02	0	0.02	<i>Paracoccus</i> sp. WB1	AF526892	98
MILIA 588	0.05	0	0	uncultured bacterium	JF072424	100
MILIA 590	0.25	0.19	0.18	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	100
MILIA 601	0.02	0	0.02	<i>Methylobacterium</i> sp. WSM3674	DQ838528	99
MILIA 603	0.02	0.03	0.02	uncultured bacterium	DQ532166	95
MILIA 606	0.08	0.01	0	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	100
MILIA 610	0.03	0.01	0	uncultured <i>Brevundimonas</i> sp.	FJ193508	100
MILIA 611	0.03	0.04	0.05	<i>Paracoccus aminovorans</i>	HQ005404	100
MILIA 624	0.03	0.01	0	<i>Paracoccus aminovorans</i>	HQ005404	99
MILIA 626	0.02	0.03	0	uncultured bacterium	FM873293	99
MILIA 634	0.03	0	0	uncultured bacterium	FR687472	98
MILIA 639	0.03	0	0	<i>Novosphingobium naphthalenivorans</i> (T)	AB177883	100
MILIA 644	0.02	0	0	<i>Methylobacterium podarium</i>	AY468363	98
MILIA 646	0.02	0.03	0.03	<i>Paracoccus</i> sp. KKL-A6	AB185958	98
MILIA 651	0.03	0	0	uncultured bacterium	JF207161	100
MILIA 653	0.03	0.01	0.03	uncultured bacterium	DQ116009	99
MILIA 658	0.02	0	0	uncultured bacterium	FM874375	98
MILIA 663	0.02	0	0	<i>Bradyrhizobium</i> sp. PAC43	AY624132	98
MILIA 670	0.02	0	0	uncultured alpha proteobacterium UP3	AF200697	96
MILIA 677	0.08	0	0	uncultured soil bacterium	EU861940	100
MILIA 678	0.03	0.06	0	uncultured bacterium	HM124389	98
MILIA 680	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF166617	99
MILIA 684	0.03	0	0	uncultured bacterium	DQ129613	94
MILIA 686	0.08	0.01	0	uncultured bacterium	DQ158100	100
MILIA 687	0.08	0	0	uncultured bacterium	JF497784	99

MILIA 689	0.08	0.07	0.18	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	EU979061	100
MILIA 690	0.02	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM129066	99
MILIA 694	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532240	90
MILIA 695	0.02	0	0	<i>uncultured Sphingomonadaceae bacterium</i>	AB114614	99
MILIA 696	0.03	0	0.06	<i>Paracoccus</i> sp.	AJ012067	100
MILIA 697	0.02	0	0	<i>uncultured Sphingomonas</i> sp.	HM438605	97
MILIA 702	0.07	0	0.02	<i>Mesorhizobium</i> sp. N39	AF282927	100
MILIA 707	0.03	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FM873293	99
MILIA 711	0.02	0	0.05	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	100
MILIA 714	0.02	0	0	<i>uncultured Ancylobacter</i> sp.	FJ543015	96
MILIA 716	0.05	0	0	<i>uncultured organism</i>	DQ396204	97
MILIA 718	0.03	0	0	<i>uncultured endolithic bacterium</i>	AB473919	97
MILIA 720	0.03	0	0.02	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU861833	97
MILIA 723	0.05	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129305	99
MILIA 729	0.02	0	0	<i>uncultured Chelatococcus</i> sp.	FJ542847	96
MILIA 733	0.03	0	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	DQ823178	98
MILIA 735	0.02	0	0	<i>uncultured Phenyllobacterium</i> sp.	EF173347	100
MILIA 736	0.08	0.09	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ088797	99
MILIA 746	0.02	0.03	0.03	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	99
MILIA 756	0.02	0	0	<i>groundwater biofilm bacterium A3</i>	FJ204457	100
MILIA 765	0.02	0	0.15	<i>Brevundimonas subvibrioides</i> (T)	AJ227784	100
MILIA 767	0.33	0.12	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	FM873293	100
MILIA 773	0.03	0	0	<i>Rhodobacter</i> sp. LW4	FM956479	100
MILIA 785	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532218	100
MILIA 788	0.02	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM873116	100
MILIA 790	0.02	0	0.02	<i>Porphyrobacter neustonensis</i> (T)	AB033327	100
MILIA 791	0.03	0.15	0	<i>Paracoccus marcusii</i> (T)	Y12703	99
MILIA 795	0.03	0	0	<i>Alterierythrobacter</i> sp. PR511-2	EU440971	99
MILIA 805	0.03	0.10	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FM873116	100
MILIA 806	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM873293	98
MILIA 816	0.02	0.07	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AM696938	100
MILIA 818	0.02	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. SH-1	FN377698	98
MILIA 819	0.05	0.06	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	DQ856552	100
MILIA 830	0.02	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	98
MILIA 848	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM873293	99
MILIA 851	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ263341	99
MILIA 852	0.02	0.03	0	<i>Paracoccus</i> sp. MJ17	GQ250442	100
MILIA 856	0.02	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HQ190547	98
MILIA 859	0.02	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532218	100
MILIA 861	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF166617	100
MILIA 863	0.05	0.03	0.02	<i>Paracoccus</i> sp. mdw-1	AY819696	99
MILIA 868	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ712613	100
MILIA 870	0.02	0.06	0.03	<i>Paracoccus marcusii</i> (T)	Y12703	100
MILIA 871	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GU444076	100
MILIA 877	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF207161	99
MILIA 889	0.03	0.01	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	100
MILIA 890	0.05	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	99
MILIA 894	0.02	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	100
MILIA 896	0.02	0	0	<i>Rhizobium</i> sp. 6-1C1	DQ395341	100
MILIA 903	0.02	0	0.02	<i>uncultured proteobacterium</i>	EF682989	99
MILIA 910	0.02	0	0	<i>Brevundimonas</i> sp. K01-14	EU333887	99
MILIA 913	0.03	0.01	0.05	<i>Azospirillum</i> sp. enrichment culture clone Pn2_1.2	GQ181133	96
MILIA 916	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM066517	100
MILIA 917	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU769147	100
MILIA 921	0.03	0.03	0.08	<i>uncultured Sphingomonas</i> sp.	AF408323	100
MILIA 924	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM697069	100
MILIA 929	0.02	0	0	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	DQ860058	99
MILIA 930	0.02	0	0	<i>Methylobacterium podarium</i>	HQ220082	99
MILIA 932	0.02	0	0	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	100
MILIA 934	0.02	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	99
MILIA 937	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ059294	99
MILIA 946	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF207161	97
MILIA 947	0.02	0.01	0.02	<i>Paracoccus</i> sp. PA216	AM900779	100
MILIA 952	0.02	0.01	0	<i>uncultured Sphingomonas</i> sp.	HM438600	98
MILIA 955	0.02	0.01	0	<i>Paracoccus</i> sp. PA216	AM900779	97
MILIA 960	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129626	98
MILIA 965	0.02	0.09	0.05	<i>Sphingomonas</i> sp. NBGD25	HQ003449	100
MILIA 970	0.02	0	0	<i>Roseomonas gilardii</i> subsp. gilardii	AY150051	97
MILIA 973	0.02	0.01	0	<i>Amaricoccus kaplicensis</i> (T)	U88041	99
MILIA 976	0.02	0.13	0.06	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	AF509580	100
MILIA 980	0.02	0.03	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ480013	99
MILIA 987	0.02	0.01	0.06	<i>Paracoccus</i> sp. MU2A-22	GQ452286	100
MILIA 988	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ356059	98
MILIA 994	0.03	0	0.03	<i>Azospirillum</i> sp. enrichment culture clone Pn2_1.2	GQ181133	97
MILIA 995	0.02	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ116009	99
MILIA 997	0.05	0	0.02	<i>Sphingomonas</i> sp. NBGD23	HQ003446	99
MILIA 999	0.02	0	0	<i>Methylobacterium hispanicum</i>	AB252198	100
MILIA 1002	0.05	0.09	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ263341	100
MILIA 1008	0.02	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM333404	98
MILIA 1014	0.02	0.01	0	<i>Azospirillum</i> sp. enrichment culture clone Pn2_1.2	GQ181133	94
MILIA 1015	0.02	0	0.09	<i>uncultured bacterium</i>	GQ263439	99

MILIA 1016	0.02	0	0	uncultured bacterium	GU272287	99
MILIA 1021	0.02	0	0	thin bent rods	AJ001345	100
MILIA 1022	0.02	0	0	uncultured bacterium	AY725254	100
MILIA 1027	0.05	0	0	uncultured bacterium	EU234262	100
MILIA 1033	0.02	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	100
MILIA 1037	0	0.07	0	<i>Paracraurococcus</i> sp. ORS 1473	AJ968702	98
MILIA 1040	0	0.03	0	<i>Sphingobium</i> sp. K40	AJ009708	99
MILIA 1041	0	0.03	0.06	<i>Paracoccus</i> sp. PA216	AM900779	98
MILIA 1042	0	0.04	0			
MILIA 1045	0	0.04	0.02	uncultured bacterium	AM696849	100
MILIA 1047	0	0.01	0	uncultured bacterium	AM697069	100
MILIA 1049	0	0.13	0.09	uncultured bacterium	FM872965	100
MILIA 1050	0	0.09	0	uncultured bacterium	AB255063	98
MILIA 1065	0	0.23	0.25	uncultured bacterium	FJ801196	100
MILIA 1076	0	0.16	0	uncultured bacterium	GQ396978	97
MILIA 1081	0	0.03	0.05	uncultured bacterium	AM697339	99
MILIA 1088	0	0.03	0	uncultured bacterium	FM873733	98
MILIA 1101	0	0.32	0	<i>Paracraurococcus</i> sp. ORS 1473	AJ968702	98
MILIA 1112	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ152890	98
MILIA 1115	0	0.10	0.03	<i>Sphingobium</i> yanoikuyae	X85023	100
MILIA 1116	0	0.18	0	uncultured <i>Amaricoccus</i> sp.	EU071538	98
MILIA 1120	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ494790	99
MILIA 1139	0	0.03	0.02	uncultured bacterium	AY439192	99
MILIA 1142	0	0.04	0.03	uncultured <i>Amaricoccus</i> sp.	FJ543053	98
MILIA 1144	0	0.20	0.18	<i>Rhodobacter</i> sp. 2002-65602	AY244771	100
MILIA 1148	0	0.01	0.03	uncultured bacterium	HM273511	100
MILIA 1158	0	0.03	0.05	uncultured <i>Sphingomonadaceae</i> bacterium	AB478689	100
MILIA 1159	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ152906	94
MILIA 1161	0	0.04	0.02	uncultured bacterium	JF140069	100
MILIA 1162	0	0.12	0.11	uncultured bacterium	FJ478693	99
MILIA 1177	0	0.09	0.02	uncultured <i>Rhodobacteraceae</i> bacterium	FJ543071	98
MILIA 1179	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM273926	98
MILIA 1185	0	0.07	0	uncultured bacterium	EU386082	97
MILIA 1190	0	0.06	0	<i>Sphingomonas</i> sp. p31(2011)	HQ652570	96
MILIA 1195	0	0.04	0	<i>Azospirillum</i> sp. enrichment culture clone Van11	HQ222264	92
MILIA 1197	0	0.07	0	uncultured bacterium	DQ532202	100
MILIA 1199	0	0.01	0.02	<i>Paracoccus</i> versutus (T)	AY014174	98
MILIA 1201	0	0.01	0	uncultured bacterium	AM697086	99
MILIA 1211	0	0.01	0	<i>Paracoccus</i> yeei	AY014168	98
MILIA 1216	0	0.09	0.11	uncultured eubacterium	AJ224989	98
MILIA 1223	0	0.13	0	uncultured bacterium	AM697339	100
MILIA 1229	0	0.01	0	uncultured <i>Rhodobacteraceae</i> bacterium	FJ543071	100
MILIA 1231	0	0.04	0	<i>Roseomonas gilardii</i> subsp. <i>gilardii</i>	AY150051	99
MILIA 1239	0	0.10	0.03	<i>Agrobacterium</i> sp. MSMC211	AJ004859	99
MILIA 1244	0	0.04	0.02	uncultured alpha proteobacterium	AB257639	100
MILIA 1245	0	0.09	0	uncultured bacterium	FM874399	96
MILIA 1247	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ129295	97
MILIA 1253	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ376555	98
MILIA 1255	0	0.06	0	uncultured bacterium	FM874498	98
MILIA 1289	0	0.03	0.02	uncultured bacterium	DQ376570	99
MILIA 1303	0	0.01	0	<i>Roseococcus</i> sp. LW5	FM956480	96
MILIA 1308	0	0.01	0	<i>Rhodopila globiformis</i> (T)	D86513	97
MILIA 1312	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF222461	100
MILIA 1333	0	0.10	0	uncultured bacterium	AM697385	99
MILIA 1337	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ532236	98
MILIA 1339	0	0.16	0.09	<i>Haematobacter massiliensis</i> (T)	AF452106	100
MILIA 1342	0	0.04	0.05	uncultured bacterium	HQ190547	100
MILIA 1355	0	0.03	0	uncultured alpha proteobacterium	AB252930	96
MILIA 1367	0	0.01	0	uncultured <i>Caulobacteraceae</i> bacterium	HQ184340	98
MILIA 1373	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ824516	98
MILIA 1381	0	0.01	0	<i>Azorhizobium caulinodans</i> ORS 571	AP009384	98
MILIA 1393	0	0.32	0.20	uncultured bacterium	DQ376570	100
MILIA 1395	0	0.03	0	uncultured bacterium	FJ439862	98
MILIA 1409	0	0.01	0	uncultured <i>Rhodobacteraceae</i> bacterium	FJ516861	97
MILIA 1410	0	0.06	0	uncultured bacterium	JF139748	99
MILIA 1414	0	0.03	0	<i>Paracoccus</i> sp. mdw-1	AY819696	100
MILIA 1417	0	0.01	0	<i>Methylobacterium</i> sp. GSL-1	AB500945	97
MILIA 1430	0	0.07	0	<i>Sphingobium xenophagum</i> (T)	X94098	100
MILIA 1442	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ856552	98
MILIA 1445	0	0.01	0	<i>Methylobacterium rhodinum</i> (T)	AB175644	100
MILIA 1446	0	0.03	0	uncultured bacterium	DQ088797	98
MILIA 1451	0	0.04	0.06	uncultured bacterium	AM697086	100
MILIA 1452	0	0.01	0	<i>Paracoccus</i> sp. WB1	AF526892	98
MILIA 1453	0	0.04	0	uncultured bacterium	EU234233	99
MILIA 1455	0	0.03	0	uncultured bacterium	EF516418	99
MILIA 1457	0	0.03	0	uncultured bacterium	DQ376555	99
MILIA 1458	0	0.15	0.02	uncultured bacterium	DQ856507	100
MILIA 1460	0	0.01	0	uncultured <i>Kaistobacter</i> sp.	EU193092	97
MILIA 1463	0	0.01	0.02	<i>Paracoccus</i> sp. PA216	AM900779	98
MILIA 1467	0	0.10	0.08	<i>Rhizobium</i> sp. rob18	AJ271901	100
MILIA 1472	0	0.03	0	uncultured <i>Rhodobacterales</i> bacterium	EU812964	96

MILIA 1478	0	0.06	0.03	uncultured bacterium	GQ021639	100
MILIA 1488	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM337175	100
MILIA 1492	0	0.03	0	uncultured bacterium	DQ856552	100
MILIA 1494	0	0.07	0	uncultured bacterium	DQ856529	99
MILIA 1499	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF203093	98
MILIA 1503	0	0.01	0	<i>Agrobacterium</i> sp. CAF399	EU399927	98
MILIA 1507	0	0.03	0.02	<i>Brevundimonas</i> sp. FWC04	AJ227793	100
MILIA 1509	0	0.06	0	<i>Methylobacterium aquaticum</i> (T)	AJ635303	100
MILIA 1533	0	0.01	0.05	uncultured alpha proteobacterium	FN811203	99
MILIA 1538	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ856552	99
MILIA 1539	0	0.06	0.03	uncultured eubacterium	AJ224989	99
MILIA 1544	0	0.01	0.03	<i>Rhodobacter</i> sp. TCRI 5	AB017797	98
MILIA 1560	0	0.03	0	<i>Sinorhizobium</i> sp. S002	AF285962	100
MILIA 1568	0	0.01	0.02	<i>Paracoccus</i> sp. WB1	AF526892	98
MILIA 1578	0	0.01	0.02	uncultured bacterium	DQ532236	100
MILIA 1586	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY439192	100
MILIA 1594	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ532201	97
MILIA 1599	0	0.03	0.08	<i>Sphingomonas</i> sp. BF14	Z23157	100
MILIA 1600	0	0.01	0	<i>Amaricoccus kaplicensis</i> (T)	U88041	98
MILIA 1602	0	0.01	0	<i>Roseomonas rosea</i> (T)	AJ488505	100
MILIA 1609	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ351924	98
MILIA 1614	0	0.01	0	<i>Tetracoccus cecii</i>	Y09610	99
MILIA 1617	0	0.03	0	<i>Paracoccus</i> sp. DSG13	AM275338	99
MILIA 1618	0	0.01	0	<i>Rhizobium lupini</i> (T)	X87273	99
MILIA 1623	0	0.03	0	<i>Hyphomicrobium</i> sp. LMAP-1	FJ549004	100
MILIA 1624	0	0.01	0	uncultured bacterium	FM874399	97
MILIA 1625	0	0.01	0.05	<i>Paracoccus</i> sp. B10	EU196527	100
MILIA 1635	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY328745	95
MILIA 1639	0	0.01	0.02	<i>Paracoccus marcusii</i> (T)	Y12703	98
MILIA 1645	0	0.07	0	uncultured bacterium	JF072424	99
MILIA 1648	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ801196	100
MILIA 1649	0	0.01	0	<i>Rhodopseudomonas palustris</i> BisA53	CP000463	98
MILIA 1651	0	0.01	0.02	uncultured bacterium	FM873293	99
MILIA 1652	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ480013	95
MILIA 1654	0	0.03	0.02	uncultured bacterium	AM697590	98
MILIA 1662	0	0.04	0	<i>Sandaracinobacter sibiricus</i> (T)	Y10678	99
MILIA 1665	0	0.01	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	98
MILIA 1668	0	0.01	0	uncultured bacterium	EF516418	99
MILIA 1671	0	0.01	0	<i>Sphingomonas</i> sp. YT0136	AB362778	100
MILIA 1675	0	0.03	0	<i>Paracoccus marcusii</i> (T)	Y12703	99
MILIA 1676	0	0.03	0	uncultured organism	EU332800	99
MILIA 1686	0	0.03	0	uncultured bacterium	HQ132469	100
MILIA 1688	0	0.01	0	uncultured bacterium	GU272287	98
MILIA 1690	0	0.04	0	uncultured bacterium	DQ532181	100
MILIA 1695	0	0.01	0.05	<i>Rhodobacter</i> sp. oral taxon C30	HM099648	99
MILIA 1696	0	0.01	0	bacterium str. 96446	AF227855	97
MILIA 1706	0	0.07	0.06	uncultured bacterium	EF632862	100
MILIA 1707	0	0.04	0	<i>Mesorhizobium chacoense</i> (T)	AJ278249	99
MILIA 1708	0	0.01	0	<i>Rhizobium radiobacter</i>	EU221409	97
MILIA 1726	0	0.01	0	uncultured bacterium	FM873293	99
MILIA 1728	0	0.07	0.17	uncultured alpha proteobacterium	FN811203	100
MILIA 1732	0	0.01	0	<i>Sphingomonas</i> sp. JS5	AF157490	100
MILIA 1734	0	0.01	0	uncultured Rickettsiales bacterium	EF667896	100
MILIA 1737	0	0.01	0	uncultured Rhodobacteraceae bacterium	FJ543071	98
MILIA 1740	0	0.03	0.08	<i>Azospirillum</i> sp. AP-500	AM743175	100
MILIA 1741	0	0.04	0	uncultured <i>Sphingomonas</i> sp.	HM241119	98
MILIA 1745	0	0.01	0.03	uncultured bacterium	GU061852	100
MILIA 1749	0	0.01	0	<i>Paracoccus marcusii</i>	AF139992	97
MILIA 1760	0	0.01	0	<i>Paracoccus</i> sp. PA216	AM900779	98
MILIA 1761	0	0.03	0	uncultured <i>Sphingomonas</i> sp.	HM241119	100
MILIA 1762	0	0.01	0	<i>Azospirillum</i> sp. enrichment culture clone Pn2_1.2	GQ181133	96
MILIA 1765	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ262989	100
MILIA 1782	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ532236	99
MILIA 1787	0	0.01	0	<i>Paracoccus</i> sp. MBIC4017	AB025188	95
MILIA 1792	0	0.01	0	uncultured bacterium	AM697086	99
MILIA 1795	0	0.01	0	<i>Ahrensia kielensis</i>	AY771772	97
MILIA 1801	0	0.03	0.03	<i>Rhodobacter</i> sp. oral taxon C30	HM099648	99
MILIA 1802	0	0.01	0.02	<i>Rhodobacter</i> sp. TCRI 14	AB017799	99
MILIA 1807	0	0.01	0	<i>Paracraurococcus</i> sp. ORS 1473	AJ968702	98
MILIA 1829	0	0.01	0	<i>Sphingomonas</i> sp. cp06	HQ830184	98
MILIA 1841	0	0.01	0.02	Gram-negative bacterium DM 2	AJ440750	100
MILIA 1848	0	0.01	0.02	uncultured <i>Sphingomonas</i> sp.	HM438600	100
MILIA 1851	0	0.01	0	<i>Roseomonas</i> sp. T104-41	HM204475	99
MILIA 1863	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ176849	100
MILIA 1880	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU881189	100
MILIA 1882	0	0	0.02	<i>Rhodobacter</i> sp. oral taxon C30	HM099648	98
MILIA 1902	0	0	0.22	<i>Roseomonas frigidulae</i> (T)	EU290160	98
MILIA 1916	0	0	0.03	uncultured bacterium	AM697021	100
MILIA 1917	0	0	0.08	uncultured bacterium	AY725254	95
MILIA 1931	0	0	0.03	uncultured bacterium	AJ863268	99
MILIA 1934	0	0	0.05	uncultured bacterium	FJ801202	99

MILIA 1941	0	0	0.03	uncultured Hyphomicrobiaceae bacterium	EU266796	100
MILIA 1944	0	0	0.02	uncultured bacterium	GU272287	98
MILIA 1946	0	0	0.20	uncultured soil bacterium	DQ248302	100
MILIA 1948	0	0	0.02	uncultured soil bacterium	DQ248302	99
MILIA 1956	0	0	0.02	alpha proteobacterium PL_GH2.1.C8	AY162045	99
MILIA 1967	0	0	0.02	uncultured Sphingomonas sp.	HM438600	97
MILIA 1971	0	0	0.03	alpha proteobacterium TP1	HM042680	96
MILIA 1977	0	0	0.03	uncultured bacterium	AM697063	98
MILIA 1982	0	0	0.05	Gluconobacter frateurii (T)	X82290	99
MILIA 1994	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ059294	98
MILIA 2009	0	0	0.15	bacterium 072806	AB202189	99
MILIA 2030	0	0	0.03	Rhodobacter sp. oral taxon C30	HM099648	98
MILIA 2033	0	0	0.06	uncultured bacterium	HQ327266	95
MILIA 2035	0	0	0.02	Rhodobacter sp. TCRI 5	AB017797	99
MILIA 2037	0	0	0.03	Sphingomonas sp. SKJH-30	AY749436	100
MILIA 2041	0	0	0.09	uncultured endolithic bacterium	AB473915	99
MILIA 2043	0	0	0.08	uncultured bacterium	DQ129614	100
MILIA 2048	0	0	0.05	uncultured bacterium	HQ910320	100
MILIA 2052	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ716858	99
MILIA 2077	0	0	0.02	Sphingomonadaceae bacterium PB59	AB220107	99
MILIA 2079	0	0	0.02	Paracoccus sp. PA216	AM900779	98
MILIA 2086	0	0	0.02	Paracoccus sp. SH-1	FN377698	99
MILIA 2090	0	0	0.11	uncultured bacterium	FJ801202	99
MILIA 2092	0	0	0.05	uncultured bacterium	AM696849	98
MILIA 2102	0	0	0.02	uncultured bacterium	AM697385	100
MILIA 2104	0	0	0.05	Azospirillum sp. enrichment culture clone Pn2_1.2	GQ181133	96
MILIA 2124	0	0	0.14	Sphingomonadaceae bacterium PB59	AB220107	100
MILIA 2139	0	0	0.02	Nitrateductor sp. SL014B-25A2	GU111569	100
MILIA 2148	0	0	0.06	uncultured bacterium	GQ008139	100
MILIA 2154	0	0	0.02	uncultured endolithic bacterium	AB473915	99
MILIA 2157	0	0	0.05	uncultured bacterium	DQ532236	99
MILIA 2161	0	0	0.02	Roseomonas frigidatque (T)	EU290160	96
MILIA 2166	0	0	0.05	Roseomonas sp. BZ31r	HQ588841	96
MILIA 2169	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM811126	98
MILIA 2171	0	0	0.02	uncultured soil bacterium	DQ248261	99
MILIA 2174	0	0	0.06	uncultured bacterium	GQ389044	100
MILIA 2175	0	0	0.05	uncultured bacterium	JF124862	96
MILIA 2178	0	0	0.06	Methylobacterium sp. iEII3	AY364020	100
MILIA 2188	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM811126	98
MILIA 2192	0	0	0.02	uncultured Sphingomonas sp.	HM438593	99
MILIA 2193	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF179602	99
MILIA 2202	0	0	0.03	Rhodobacter sp. Cr4-37	GU441681	100
MILIA 2204	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM249342	99
MILIA 2208	0	0	0.02	uncultured Azospirillum sp.	HQ397219	96
MILIA 2212	0	0	0.02	Aliihoeflea aestuarii	EF660756	98
MILIA 2215	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ264328	99
MILIA 2218	0	0	0.02	Paracoccus sp. KD58-7	GU721028	96
MILIA 2220	0	0	0.03	uncultured alpha proteobacterium	DQ811852	98
MILIA 2226	0	0	0.02	Methylobacterium sp. Enf3	DQ322592	98
MILIA 2233	0	0	0.05	Rhodobacter sp. R7K3Z5	EU604756	96
MILIA 2235	0	0	0.03	uncultured Sphingomonas sp.	JF833719	100
MILIA 2250	0	0	0.03	uncultured endolithic bacterium	AB374388	100
MILIA 2253	0	0	0.11	Sphingomonas sp. oral clone F1012	AY349411	100
MILIA 2263	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF124862	94
MILIA 2279	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ397003	99
MILIA 2282	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ125611	99
MILIA 2288	0	0	0.02	uncultured bacterium	EU881189	99
MILIA 2289	0	0	0.02	Sphingomonas sp. Alpha1-2	AY771794	96
MILIA 2297	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ158679	100
MILIA 2302	0	0	0.02	uncultured soil bacterium	HM640121	93
MILIA 2303	0	0	0.09	uncultured compost bacterium	FN667522	98
MILIA 2308	0	0	0.02	Paracraurococcus sp. ORS 1473	AJ968702	97
MILIA 2316	0	0	0.06	uncultured bacterium	EF632942	100
MILIA 2318	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ404871	100
MILIA 2324	0	0	0.08	uncultured bacterium	FM873293	100
MILIA 2328	0	0	0.02	uncultured alpha proteobacterium	FN811203	97
MILIA 2334	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF227118	98
MILIA 2336	0	0	0.03	uncultured forest soil bacterium	AY913555	100
MILIA 2350	0	0	0.02	uncultured bacterium	AM696849	98
MILIA 2352	0	0	0.03	Aliihoeflea aestuarii	EF660756	100
MILIA 2355	0	0	0.02	Lutibacterium sp. CNU005	EF217420	100
MILIA 2356	0	0	0.02	Methylobacterium sp. I1	AY177351	98
MILIA 2357	0	0	0.02	uncultured bacterium	HQ190547	98
MILIA 2364	0	0	0.05	uncultured bacterium	HM366527	100
MILIA 2365	0	0	0.02	uncultured Hyphomicrobiaceae bacterium	EU266796	100
MILIA 2367	0	0	0.02	uncultured forest soil bacterium	AY913353	93
MILIA 2368	0	0	0.02	alpha proteobacterium A40	AB302355	100
MILIA 2374	0	0	0.02	uncultured Sphingomonadaceae bacterium	HM438343	98
MILIA 2389	0	0	0.02	Brevundimonas sp. Antarctic IS04	DQ341416	100
MILIA 2392	0	0	0.03	bacterium EM0302	FJ654263	95
MILIA 2401	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM872825	100

MILIA 2402	0	0	0.02	<i>Amaricoccus kaplicensis</i> (T)	U88041	98
MILIA 2426	0	0	0.02	uncultured <i>Sphingomonadaceae</i> bacterium	AF408325	98
MILIA 2428	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ059294	97
MILIA 2429	0	0	0.02	<i>Azospirillum</i> sp. enrichment culture clone Pn2_1.2	GQ181133	95
MILIA 2433	0	0	0.02	uncultured <i>Rubellimicrobium</i> sp.	JF833733	99
MILIA 2437	0	0	0.02	uncultured bacterium	HQ132469	99
MILIA 2439	0	0	0.03	<i>Rickettsia</i> sp.	L36100	100
MILIA 2441	0	0	0.02	<i>Paracoccus</i> sp. MBIC4036	AB025192	99
MILIA 2454	0	0	0.02	<i>Mesorhizobium ciceri</i>	AY206686	96
MILIA 2457	0	0	0.02	uncultured bacterium	FJ712611	99
MILIA 2461	0	0	0.02	uncultured <i>Sphingomonas</i> sp.	JF833719	97
MILIA 2467	0	0	0.02	uncultured <i>Sphingomonadaceae</i> bacterium	HM438343	98
MILIA 2479	0	0	0.02	uncultured bacterium	AY439192	100
MILIA 2480	0	0	0.03	uncultured <i>Sphingomonadaceae</i> bacterium	HM438343	99
MILIA 2497	0	0	0.03	uncultured soil bacterium	DQ248230	100
MILIA 2505	0	0	0.02	uncultured bacterium	AM696849	99
MILIA 2514	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM066522	97
MILIA 2517	0	0	0.02	uncultured <i>Sphingomonas</i> sp.	HM438600	98
MILIA 2529	0	0	0.02	uncultured soil bacterium	DQ248246	98
MILIA 2553	0	0	0.02	<i>Roseomonas vinacea</i> (T)	EF368368	100
MILIA 2554	0	0	0.02	uncultured bacterium	FM874399	97
MILIA 2562	0	0	0.02	<i>Sphingopyxis</i> sp. C-1	AB161684	100
MILIA 2563	0	0	0.02	uncultured alpha proteobacterium	DQ811852	98
MILIA 2564	0	0	0.02	uncultured bacterium	EU335286	100
MILIA 2569	0	0	0.02	uncultured bacterium	FJ152890	94
MILIA 2572	0	0	0.02	<i>Paracoccus</i> sp. YT0095	AB362825	99
MILIA 2576	0	0	0.02	uncultured bacterium	FJ936765	100
<i>Betaproteobacteria</i> : 144 phylotypes,						
MILIA 93	0.71	0.20	0.22	uncultured <i>Oxalobacteraceae</i> bacterium	AY395341	100
MILIA 99	0.88	0.51	0.38	<i>Burkholderia phenazinium</i> (T)	U96936	100
MILIA 4	0.05	0	0.02	<i>Naxibacter alkalitolerans</i> (T)	AY679161	100
MILIA 42	0.10	0	0.14	uncultured bacterium	JF232696	100
MILIA 44	0.07	0.03	0.05	uncultured bacterium	DQ256357	100
MILIA 48	0.05	0.01	0.11	<i>Acidovorax</i> sp. G8B1	AJ012071	100
MILIA 83	0.33	0.18	0.15	<i>Herbaspirillum huttiense</i> (T)	AB021366	100
MILIA 85	0.20	0.01	0	<i>Schlegelella thermodepolymerans</i>	AY538709	100
MILIA 87	0.26	0	0	beta proteobacterium on7	DQ417337	100
MILIA 91	0.03	0	0	beta proteobacterium on7	DQ417337	99
MILIA 94	0.18	0.04	0.09	uncultured beta proteobacterium	AJ867925	100
MILIA 124	0.36	0.18	0.12	<i>Cupriavidus basilensis</i>	AB109778	100
MILIA 136	0.07	0	0	uncultured <i>Burkholderiales</i> bacterium	EF648078	100
MILIA 147	0.28	0.01	0	<i>Achromobacter xylosoxidans</i> subsp. <i>xylosoxidans</i>	AJ491845	100
MILIA 163	0.43	0.22	0.28	uncultured bacterium	AM696992	100
MILIA 169	0.03	0.01	0.03	uncultured beta proteobacterium	EU979062	100
MILIA 190	0.08	0	0.06	uncultured soil bacterium	DQ248265	100
MILIA 212	0.07	0.12	0.37	uncultured bacterium	AY212718	100
MILIA 213	0.10	0.18	0.12	uncultured proteobacterium OCS7	AF001645	100
MILIA 232	0.25	0.10	0.11	uncultured bacterium	EU137595	98
MILIA 246	0.20	0.25	0.18	<i>Oxalobacter</i> sp. p8E	AJ496038	100
MILIA 252	0.02	0	0	<i>Acidovorax</i> sp. KSP2	AB076843	99
MILIA 259	0.02	0	0	uncultured <i>Curvibacter</i> sp.	HQ008595	97
MILIA 286	0.03	0	0	<i>Burkholderia multivorans</i>	AB092606	100
MILIA 289	0.18	0	0	<i>Acidovorax avenae</i> subsp. <i>avenae</i>	AF078759	99
MILIA 295	0.02	0	0	uncultured <i>Burkholderia</i> sp.	JF500995	96
MILIA 313	0.15	0	0	<i>Zoogloea ramigera</i>	X74914	100
MILIA 332	0.02	0.01	0	<i>Cupriavidus basilensis</i>	AB109778	98
MILIA 333	0.07	0	0	uncultured bacterium	AF513107	98
MILIA 348	0.20	0.09	0.05	uncultured bacterium	GQ396932	100
MILIA 429	0.03	0.01	0	uncultured bacterium	HM066560	100
MILIA 441	0.02	0	0	uncultured bacterium	AM697274	98
MILIA 444	0.03	0	0	<i>Naxibacter alkalitolerans</i> (T)	AY679161	100
MILIA 452	0.03	0.01	0.02	<i>Acidovorax</i> sp. 98-63833	AY258065	100
MILIA 459	0.02	0	0	<i>Burkholderia</i> sp. HY1	AF210314	98
MILIA 469	0.02	0	0	uncultured bacterium	FM872517	99
MILIA 478	0.02	0	0	<i>Burkholderia phenazinium</i> (T)	U96936	100
MILIA 488	0.03	0	0.06	<i>Janthinobacterium</i> sp. IC161	AB196254	100
MILIA 494	0.02	0.16	0.06	uncultured soil bacterium	EU861944	100
MILIA 517	0.02	0	0	uncultured bacterium	HQ327217	98
MILIA 541	0.10	0.09	0.23	uncultured bacterium	GQ389172	100
MILIA 551	0.05	0	0	beta proteobacterium on7	DQ417337	98
MILIA 579	0.05	0	0.02	uncultured bacterium	FJ624874	98
MILIA 580	0.02	0	0	uncultured bacterium	EU431680	97
MILIA 598	0.02	0	0.06	uncultured bacterium	AY328574	100
MILIA 600	0.18	0	0.08	uncultured bacterium	FR675948	99
MILIA 615	0.07	0.15	0.03	<i>Acidovorax</i> sp. J33	AJ864847	100
MILIA 659	0.07	0.03	0.18	uncultured <i>Tepidimonas</i> sp.	EF648092	100
MILIA 726	0.02	0	0	<i>Burkholderia phenazinium</i> (T)	U96936	99
MILIA 730	0.02	0.03	0	<i>Cupriavidus necator</i>	AJ633674	100
MILIA 745	0.08	0.32	0.06	<i>Neisseria</i> sp. oral clone AP060	AY005026	100
MILIA 771	0.07	0.01	0.03	<i>Burkholderia phenazinium</i> (T)	U96936	99
MILIA 783	0.02	0	0	uncultured bacterium	HQ327180	100

MILIA 802	0.02	0	0	<i>Hydrogenophaga</i> sp. CL3	DQ986320	100
MILIA 809	0.02	0.03	0	uncultured bacterium	EU801239	99
MILIA 817	0.05	0.06	0.03	<i>Comamonas terrigena</i> (T)	AF078772	100
MILIA 825	0.02	0	0.02	<i>Naxibacter alkalitolerans</i> (T)	AY679161	98
MILIA 829	0.02	0	0	<i>Achromobacter xylosoxidans</i> subsp. <i>xylosoxidans</i>	AJ491845	100
MILIA 836	0.02	0.12	0.06	uncultured bacterium	AY212671	100
MILIA 867	0.02	0.01	0	<i>beta</i> proteobacterium enrichment culture clone <i>Guo4</i>	FJ005058	100
MILIA 872	0.03	0	0.05	uncultured <i>Pseudomonas</i> sp.	AY569299	100
MILIA 881	0.03	0	0	uncultured bacterium	AB286555	100
MILIA 892	0.02	0.04	0.02	<i>Burkholderia phenazinium</i> (T)	U96936	100
MILIA 912	0.02	0	0	<i>Schlegelella thermodepolymerans</i>	AY538709	100
MILIA 927	0.02	0.03	0.05	uncultured bacterium	AY212674	100
MILIA 962	0.03	0	0	<i>Burkholderia</i> sp. oral strain C37KA	AY005039	100
MILIA 971	0.02	0	0	<i>Ralstonia</i> sp. BPC3	AF494541	99
MILIA 984	0.02	0	0	<i>Burkholderia phenazinium</i> (T)	U96936	100
MILIA 985	0.02	0	0	uncultured <i>beta</i> proteobacterium	EU038009	98
MILIA 986	0.02	0	0	<i>beta</i> proteobacterium on7	DQ417337	98
MILIA 1000	0.02	0	0.02	uncultured <i>beta</i> proteobacterium	FJ358861	100
MILIA 1006	0.02	0	0	uncultured bacterium	GQ389172	100
MILIA 1023	0.02	0	0	uncultured <i>beta</i> proteobacterium	AJ867925	99
MILIA 1053	0	0.01	0.02	uncultured proteobacterium OCS7	AF001645	100
MILIA 1058	0	0.09	0	<i>Alcaligenes</i> sp. 3013	AM110970	98
MILIA 1092	0	0.07	0.06	uncultured bacterium	AM697098	100
MILIA 1103	0	0.04	0.14	uncultured bacterium	AB240512	100
MILIA 1131	0	0.04	0.03	uncultured bacterium	EF079083	99
MILIA 1146	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ008494	99
MILIA 1189	0	0.07	0	uncultured bacterium	FM873692	100
MILIA 1204	0	0.03	0	uncultured bacterium	HM271045	100
MILIA 1212	0	0.03	0.03	<i>Hydrogenophaga flava</i>	AJ420328	100
MILIA 1235	0	0.03	0	<i>Leptothrix</i> sp. OTSz_A003	FM886835	99
MILIA 1290	0	0.07	0	uncultured bacterium	FR687445	100
MILIA 1291	0	0.01	0	uncultured <i>Acidovorax</i> sp.	DQ234163	99
MILIA 1325	0	0.13	0.15	uncultured bacterium	EU801622	98
MILIA 1336	0	0.03	0	uncultured bacterium	EU137636	100
MILIA 1359	0	0.03	0.02	uncultured bacterium	EF632937	100
MILIA 1361	0	0.07	0.02	uncultured bacterium	EU937948	100
MILIA 1363	0	0.03	0	<i>Rhodiferax</i> sp. Asd M2A1	FM955857	100
MILIA 1371	0	0.03	0	uncultured organism	DQ395940	99
MILIA 1372	0	0.03	0	uncultured bacterium	HQ132419	100
MILIA 1404	0	0.03	0	<i>Neisseria</i> sp. oral clone AP085	AY005023	100
MILIA 1440	0	0.01	0	<i>Acidovorax</i> sp. KSP2	AB076843	98
MILIA 1513	0	0.01	0	uncultured <i>beta</i> proteobacterium	AY569284	99
MILIA 1514	0	0.06	0	uncultured bacterium	DQ532326	100
MILIA 1531	0	0.01	0	<i>beta</i> proteobacterium A40-2	AY049940	99
MILIA 1540	0	0.03	0.02	uncultured proteobacterium OCS7	AF001645	99
MILIA 1574	0	0.01	0	<i>Azovibrio</i> sp. R-25062	AM084040	98
MILIA 1615	0	0.01	0	uncultured bacterium	HQ403237	100
MILIA 1627	0	0.01	0	uncultured bacterium	HQ132419	100
MILIA 1633	0	0.03	0.08	uncultured bacterium	AM697129	99
MILIA 1669	0	0.01	0.11	<i>Oligella urethralis</i> (T)	AF133538	100
MILIA 1697	0	0.01	0	uncultured bacterium	HQ327217	98
MILIA 1776	0	0.01	0.02	uncultured proteobacterium OCS7	AF001645	100
MILIA 1778	0	0.01	0.02	<i>Neisseria</i> sp. oral strain B33KA	AY005028	100
MILIA 1781	0	0.03	0	bacterium rA6	AB021357	98
MILIA 1788	0	0.01	0.02	uncultured bacterium	EU662349	100
MILIA 1804	0	0.01	0	uncultured bacterium	AB240462	100
MILIA 1815	0	0.01	0	uncultured soil bacterium	AY699595	100
MILIA 1842	0	0.01	0			
MILIA 1858	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY676493	100
MILIA 1901	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ715989	98
MILIA 1909	0	0	0.03	uncultured bacterium SJA-186	AJ009507	100
MILIA 1912	0	0	0.15	uncultured bacterium	EU669606	100
MILIA 1991	0	0	0.06	uncultured bacterium	AJ867673	100
MILIA 2001	0	0	0.03	<i>Burkholderia ginsengisoli</i> (T)	AB201286	100
MILIA 2020	0	0	0.03	<i>Methylophilus leisingeri</i> (T)	AB193725	100
MILIA 2023	0	0	0.02	uncultured <i>beta</i> proteobacterium	FR749801	99
MILIA 2042	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF429379	99
MILIA 2067	0	0	0.02	uncultured bacterium	AY957894	96
MILIA 2109	0	0	0.05	uncultured bacterium	AM697182	100
MILIA 2113	0	0	0.06	uncultured bacterium	AY212718	99
MILIA 2224	0	0	0.02	<i>Limnobacter thiooxidans</i>	FJ999570	99
MILIA 2255	0	0	0.05	uncultured bacterium	AY957927	100
MILIA 2257	0	0	0.06	uncultured bacterium	HM066284	100
MILIA 2272	0	0	0.08	<i>Neisseria elongata</i>	AJ239303	100
MILIA 2274	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ404864	99
MILIA 2317	0	0	0.02	uncultured bacterium	AY212718	97
MILIA 2319	0	0	0.02	uncultured prokaryote	GU208268	97
MILIA 2321	0	0	0.02	uncultured bacterium	HQ327217	99
MILIA 2330	0	0	0.02	uncultured bacterium	AJ867673	99
MILIA 2370	0	0	0.02	uncultured bacterium	EU881242	98
MILIA 2385	0	0	0.02	<i>Zoogloea ramigera</i> (T)	X74913	100

MILIA 2430	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM873435	100
MILIA 2434	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ833476	99
MILIA 2443	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AB240512	99
MILIA 2458	0	0	0.02	<i>iron-reducing bacterium enrichment culture clone HN100</i>	FJ269069	98
MILIA 2459	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	DQ404864	100
MILIA 2462	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AY212686	100
MILIA 2523	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AM696992	100
MILIA 2526	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ009494	99
MILIA 2544	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM209304	97
MILIA 2558	0	0	0.02	<i>uncultured beta proteobacterium</i>	AY922020	98
MILIA 2577	0	0	0.02	<i>Variovorax paradoxus</i>	DQ257419	100
<i>Gammaproteobacteria</i> : 268 phylotypes, 3496 sequences						
MILIA 1	1.12	0.28	0.38	<i>unidentified bacterium</i>	Z93987	100
MILIA 9	3.19	3.80	1.45	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	AJ619051	100
MILIA 13	1.49	1.67	1.45	<i>Acinetobacter lwoffii</i>	AF188302	100
MILIA 98	1.22	0.60	0.37	<i>uncultured Pseudomonas sp.</i>	DQ234206	99
MILIA 292	0.81	1.29	0.29	<i>uncultured bacterium</i>	AY907718	100
MILIA 26	0.68	0.77	0.72	<i>uncultured bacterium</i>	HM822530	100
MILIA 35	0.59	0.57	0.40	<i>enrichment culture bacterium LB-P</i>	AF538773	100
MILIA 79	0.61	0.22	0.12	<i>uncultured Pseudomonas sp.</i>	AY082368	100
MILIA 101	0.66	0.15	0.12	<i>Acinetobacter sp. RD4355</i>	AJ633637	100
MILIA 112	0.96	0.58	0.60	<i>Acinetobacter schindleri (T)</i>	AJ278311	100
MILIA 148	0.83	0.18	0.17	<i>uncultured Aeromonas sp.</i>	HM159964	100
MILIA 198	0.58	0.20	0.22	<i>Pseudomonas sp.</i>	AJ387903	100
MILIA 5	0.46	0.07	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EF174236	100
MILIA 69	0.05	0	0	<i>Enterobacter endosymbiont of Metaseiulus occidentalis</i>	AY753172	100
MILIA 73	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM778406	98
MILIA 100	0.12	0.04	0.15	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU589317	100
MILIA 104	0.45	0.12	0.09	<i>Acinetobacter baumannii</i>	AY738399	100
MILIA 109	0.05	0	0	<i>Obesumbacterium proteus (T)</i>	AJ233422	100
MILIA 110	0.10	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM490766	100
MILIA 125	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF171513	99
MILIA 127	0.25	0.01	0.03	<i>Stenotrophomonas rhizophila</i>	AJ293462	100
MILIA 129	0.02	0	0	<i>Pseudomonas putida</i>	DQ192174	99
MILIA 143	0.05	0	0	<i>Brenneria rubrifaciens (T)</i>	AJ233418	94
MILIA 155	0.05	0.06	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AY907718	100
MILIA 180	0.05	0.01	0.02	<i>uncultured Pseudomonas sp.</i>	DQ234206	100
MILIA 181	0.03	0.12	0.02	<i>Psychrobacter sp. PRwf-1</i>	CP000713	99
MILIA 183	0.03	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY907718	100
MILIA 185	0.28	0	0.02	<i>Pseudomonas luteola (T)</i>	D84002	100
MILIA 187	0.08	0.07	0.09	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	GU120558	100
MILIA 191	0.17	0	0	<i>Pseudomonas sp. LFJS3-9</i>	DQ164217	99
MILIA 194	0.12	0	0	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	FJ535199	100
MILIA 200	0.26	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AF371858	100
MILIA 203	0.08	0.01	0.09	<i>uncultured Pseudomonas sp.</i>	EU341270	100
MILIA 208	0.05	0.25	0.15	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	AJ293470	100
MILIA 231	0.02	0	0	<i>uncultured Acinetobacter sp.</i>	FJ192454	100
MILIA 233	0.08	0.01	0	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	AJ270452	100
MILIA 244	0.40	0.12	0.11	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	AB088754	100
MILIA 245	0.43	0.28	0.17	<i>uncultured bacterium</i>	DQ404938	100
MILIA 251	0.05	0.12	0.18	<i>uncultured bacterium</i>	DQ860033	100
MILIA 263	0.15	0.09	0.48	<i>Terrahaemophilus aromaticivorans</i>	AB098612	100
MILIA 269	0.02	0.01	0.02	<i>Acinetobacter sp. 4076</i>	FJ405315	100
MILIA 270	0.10	0.01	0	<i>gamma proteobacterium F8</i>	AY077611	100
MILIA 273	0.07	0	0	<i>Teredinibacter turnerae</i>	EU604077	95
MILIA 275	0.12	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF216872	100
MILIA 279	0.08	0.06	0.02	<i>Pseudomonas hibiscicola (T)</i>	AB021405	100
MILIA 284	0.33	0.20	0.25	<i>uncultured bacterium</i>	GQ158014	100
MILIA 325	0.15	0.03	0.09	<i>Pseudomonas tolaasii</i>	AF348507	100
MILIA 350	0.26	0.16	0.37	<i>Acinetobacter sp. AU1523</i>	AY043369	100
MILIA 356	0.12	0	0	<i>gamma proteobacterium F8</i>	AY077611	98
MILIA 357	0.03	0.04	0	<i>Pseudoalteromonas sp. 01/121</i>	AJ874345	100
MILIA 369	0.05	0	0.02	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	FR749778	99
MILIA 372	0.02	0	0	<i>Methylobacter luteus (T)</i>	AF304195	98
MILIA 373	0.02	0.10	0.06	<i>Haemophilus influenzae</i>	AY613445	100
MILIA 375	0.12	0	0	<i>Pseudoxanthomonas sp. M1-3</i>	AB039330	100
MILIA 379	0.10	0	0.06	<i>Pseudoxanthomonas sp. L-bf-R2A-1.1.1</i>	FR774558	100
MILIA 391	0.02	0	0	<i>uncultured compost bacterium</i>	HQ912777	100
MILIA 402	0.07	0.31	0.08	<i>Erwinia sp. Ejp617</i>	CP002124	100
MILIA 405	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY382154	99
MILIA 407	0.10	0.12	0.15	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	AM157426	100
MILIA 409	0.18	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	JF417767	98
MILIA 416	0.03	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	HQ014642	99
MILIA 434	0.02	0	0	<i>Pseudomonas sp. BIM B-147</i>	GU784936	91
MILIA 439	0.03	0.06	0	<i>Pseudomonas sp. FAIR/BE/F/GH94</i>	AJ297355	100
MILIA 454	0.03	0	0	<i>Acinetobacter sp. TD5</i>	EF468657	97
MILIA 463	0.03	0.07	0.06	<i>Acinetobacter lwoffii</i>	AF188302	100
MILIA 473	0.03	0.01	0	<i>Pseudomonas mendocina</i>	DQ178226	100
MILIA 490	0.13	0	0			
MILIA 493	0.07	0	0	<i>Luteibacter rhizovicius (T)</i>	AJ580498	100
MILIA 496	0.17	0.04	0.03	<i>Pseudomonas sp. PGNR1</i>	AJ417071	100

MILIA 497	0.05	0.06	0.02	<i>Halomonas</i> sp. gy6	FJ514813	100
MILIA 500	0.05	0.03	0.03	uncultured bacterium	HM324363	99
MILIA 504	0.02	0	0	<i>Stenotrophomonas</i> sp.	AJ002814	99
MILIA 508	0.03	0	0	<i>Luteimonas</i> sp. A13(2011)	HQ323425	98
MILIA 521	0.10	0.03	0.14	<i>Escherichia coli</i>	AB480777	100
MILIA 525	0.46	0.26	0.09	<i>Pseudomonas</i> sp. PGNR1	AJ417071	100
MILIA 544	0.02	0	0	<i>Pseudomonas frederiksbergensis</i> (T)	AJ249382	98
MILIA 556	0.05	0.04	0.02	<i>Psychrobacter</i> sp. ARCTIC-P10	AY573040	100
MILIA 559	0.02	0	0	uncultured <i>Pseudomonas</i> sp.	DQ234150	97
MILIA 573	0.15	0.22	0.14	uncultured bacterium	EF511573	100
MILIA 599	0.07	0.10	0.02	<i>Shewanella putrefaciens</i>	AB057660	100
MILIA 655	0.02	0	0	uncultured bacterium	EF174266	99
MILIA 656	0.03	0.12	0.05	<i>Pseudoxanthomonas mexicana</i> (T)	AF273082	100
MILIA 666	0.02	0	0	<i>Pseudomonas</i> sp. FD41	DQ462181	100
MILIA 673	0.03	0	0	swine manure bacterium 37-8	AY167969	99
MILIA 674	0.05	0	0	<i>Shewanella putrefaciens</i>	EU543691	98
MILIA 675	0.08	0	0	uncultured <i>Aeromonas</i> sp.	HM159964	100
MILIA 685	0.05	0	0.12	uncultured bacterium	FM872891	100
MILIA 703	0.02	0.03	0.02	<i>Pseudomonas graminis</i> (T)	Y11150	100
MILIA 706	0.03	0.01	0	<i>Acinetobacter johnsonii</i>	HM209770	100
MILIA 709	0.02	0	0	gamma proteobacterium F8	AY077611	96
MILIA 727	0.12	0.12	0.06	uncultured bacterium	FJ152717	100
MILIA 731	0.02	0	0	<i>Acinetobacter</i> sp. RD4355	AJ633637	98
MILIA 742	0.02	0.01	0	uncultured bacterium	HQ445672	100
MILIA 749	0.02	0	0	<i>Acinetobacter</i> sp. TD5	EF468657	96
MILIA 772	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF105557	97
MILIA 777	0.02	0	0.02	uncultured bacterium	HM270517	100
MILIA 787	0.03	0	0	<i>Buchnera aphidicola</i> (<i>Eriosoma lanigerum</i>)	DQ418492	96
MILIA 803	0.03	0.06	0	uncultured bacterium	JF149776	99
MILIA 808	0.03	0.01	0.05	<i>Acinetobacter johnsonii</i>	X89775	100
MILIA 810	0.02	0.06	0.03	uncultured bacterium	GQ033273	99
MILIA 824	0.02	0	0.03	<i>Moraxella</i> sp. D30C2A	AY162144	99
MILIA 832	0.02	0.01	0.05	uncultured bacterium	EU137426	100
MILIA 838	0.03	0	0.03	<i>Rheinheimera</i> sp. BZ19	GQ240227	100
MILIA 839	0.05	0.03	0.05	unidentified bacterium	Z93992	100
MILIA 846	0.03	0.07	0.03	uncultured compost bacterium	FN667024	100
MILIA 858	0.02	0.10	0.05	<i>Pantoea stewartii</i> subsp. <i>stewartii</i>	AJ311838	100
MILIA 874	0.03	0.23	0.17	<i>Pseudomonas graminis</i> (T)	Y11150	100
MILIA 885	0.03	0	0	uncultured gamma proteobacterium	AJ619051	100
MILIA 895	0.05	0.03	0.03	uncultured <i>Enterobacteriaceae</i> bacterium	EU530464	100
MILIA 898	0.03	0.03	0.02	uncultured bacterium	GQ054059	100
MILIA 905	0.02	0.03	0	uncultured <i>Pseudomonas</i> sp.	DQ234150	100
MILIA 906	0.02	0	0	<i>Acinetobacter</i> sp. TM6_6	DQ279315	100
MILIA 928	0.02	0	0	uncultured <i>Pseudoxanthomonas</i> sp.	HQ912774	99
MILIA 936	0.02	0	0	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	GU434689	100
MILIA 943	0.02	0	0	<i>Acinetobacter</i> sp. 8A12N2	HQ246231	99
MILIA 944	0.02	0	0	<i>Halomonas</i> sp. gy6	FJ514813	99
MILIA 945	0.02	0.01	0.05	<i>Serratia marcescens</i> (T)	AB061685	100
MILIA 953	0.02	0.03	0	<i>Acinetobacter</i> sp. pp2a	GQ360067	99
MILIA 957	0.02	0.16	0	uncultured bacterium	EF174238	100
MILIA 964	0.02	0	0			
MILIA 969	0.02	0	0	<i>Pseudomonas poae</i>	EU350370	99
MILIA 977	0.08	0	0	uncultured bacterium	DQ256339	100
MILIA 982	0.02	0.03	0	<i>Pseudoalteromonas luteoviolacea</i> (T)	X82144	99
MILIA 989	0.02	0	0	uncultured bacterium	AF371859	98
MILIA 996	0.03	0.01	0	<i>Raoultella planticola</i>	X93216	100
MILIA 998	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF272199	97
MILIA 1005	0.02	0.03	0.03	uncultured bacterium	JF096127	99
MILIA 1009	0.02	0	0	<i>Pseudomonas mendocina</i>	DQ178226	99
MILIA 1010	0.02	0	0	<i>Pseudomonas pseudoalcaligenes</i>	AB021379	100
MILIA 1018	0.02	0	0.02	uncultured bacterium	AY218573	98
MILIA 1025	0.02	0	0	<i>Pseudomonas putida</i>	HQ166061	99
MILIA 1026	0.02	0	0	uncultured bacterium	HQ445788	100
MILIA 1039	0	0.01	0	uncultured bacterium	EF509368	100
MILIA 1044	0	0.07	0	<i>Stenotrophomonas</i> sp. Toyama-1	AB180662	100
MILIA 1069	0	0.10	0	uncultured bacterium	EU802058	100
MILIA 1078	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ388900	95
MILIA 1082	0	0.03	0.06	uncultured bacterium	EU236311	97
MILIA 1083	0	0.10	0	uncultured bacterium	AY218735	100
MILIA 1084	0	0.18	0.09	<i>Acinetobacter</i> sp. An17	AJ551155	100
MILIA 1090	0	0.12	0.09	<i>Pseudomonas psychrophila</i> (T)	AB041885	100
MILIA 1093	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ054320	99
MILIA 1094	0	0.16	0.12	<i>Psychrobacter faecalis</i> (T)	AJ421528	100
MILIA 1107	0	0.03	0	uncultured deep-sea bacterium	AM997363	98
MILIA 1109	0	0.03	0	uncultured gamma proteobacterium	FR749755	99
MILIA 1114	0	0.07	0.05	uncultured bacterium	JF200678	100
MILIA 1123	0	0.01	0	<i>Acinetobacter</i> sp. TD5	EF468657	99
MILIA 1127	0	0.07	0	uncultured gamma proteobacterium	AB478683	99
MILIA 1140	0	0.09	0.02	uncultured bacterium	FJ456380	100
MILIA 1147	0	0.01	0	<i>Acinetobacter</i> sp. An17	AJ551155	98
MILIA 1149	0	0.10	0	<i>Halomonas variabilis</i> (T)	AJ306893	99

MILIA 1172	0	0.04	0	uncultured bacterium	GQ156952	99
MILIA 1176	0	0.10	0	<i>Cobetia marina</i>	AY628693	100
MILIA 1178	0	0.20	0.18	<i>Psychrobacter urativorans</i> (T)	AJ609555	99
MILIA 1196	0	0.18	0.11	<i>Pseudoxanthomonas</i> sp. R-37036	FR691435	100
MILIA 1225	0	0.04	0			
MILIA 1236	0	0.09	0.03	uncultured gamma proteobacterium	AM905315	99
MILIA 1248	0	0.07	0	uncultured bacterium	FJ153010	96
MILIA 1260	0	0.01	0	uncultured gamma proteobacterium	EF188436	98
MILIA 1268	0	0.07	0	uncultured bacterium	EU834776	99
MILIA 1272	0	0.03	0	uncultured bacterium	HM308353	100
MILIA 1284	0	0.06	0.02	<i>Pseudomonas psychrophila</i> (T)	AB041885	100
MILIA 1294	0	0.10	0.06	<i>Xanthomonas arboricola</i> (T)	Y10757	100
MILIA 1296	0	0.10	0	uncultured <i>Xanthomonas</i> sp.	AF467297	98
MILIA 1304	0	0.03	0.06	uncultured gamma proteobacterium	EU979022	98
MILIA 1311	0	0.06	0	<i>Pseudomonas boreopolis</i>	AB246809	100
MILIA 1315	0	0.03	0	<i>Aliivibrio logei</i>	AF323992	100
MILIA 1317	0	0.01	0	uncultured <i>Lysobacter</i> sp.	EU305585	100
MILIA 1319	0	0.07	0	uncultured gamma proteobacterium	AY921990	100
MILIA 1328	0	0.01	0.18	uncultured bacterium	FR675965	100
MILIA 1334	0	0.06	0	uncultured bacterium	GQ397024	100
MILIA 1340	0	0.04	0	uncultured bacterium	JF222420	96
MILIA 1349	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY907718	98
MILIA 1365	0	0.13	0.20	uncultured bacterium	EU864458	99
MILIA 1369	0	0.07	0.14	uncultured bacterium	FJ801219	100
MILIA 1382	0	0.03	0	<i>Moraxella</i> sp. 26	HQ454048	99
MILIA 1387	0	0.04	0	uncultured bacterium	HQ190500	95
MILIA 1413	0	0.01	0.03	<i>Pseudomonas alcaligenes</i>	Z76653	100
MILIA 1421	0	0.01	0	<i>Acinetobacter</i> sp. TD5	EF468657	98
MILIA 1422	0	0.03	0.02	uncultured bacterium	FR675965	100
MILIA 1423	0	0.10	0	uncultured bacterium	GQ441207	99
MILIA 1431	0	0.01	0.11	uncultured bacterium	EU978832	100
MILIA 1435	0	0.01	0	uncultured bacterium	FN396934	99
MILIA 1441	0	0.01	0	<i>Oceanisphaera</i> sp. 48(2010)	GQ891117	98
MILIA 1464	0	0.03	0	<i>Pseudomonas</i> sp. HY-14	EU620679	100
MILIA 1465	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ441207	98
MILIA 1482	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF236930	99
MILIA 1506	0	0.01	0	<i>Dyella ginsengisoli</i>	GU809978	96
MILIA 1512	0	0.07	0	uncultured <i>Xanthomonadaceae</i> bacterium	HM438436	100
MILIA 1517	0	0.01	0	<i>Psychrobacter immobilis</i>	AJ309942	99
MILIA 1523	0	0.04	0	<i>Pseudomonas</i> sp. K2B-6	FJ889564	99
MILIA 1526	0	0.01	0	<i>Alkanindiges illinoisensis</i> (T)	AF513979	100
MILIA 1550	0	0.04	0	<i>Legionella lytica</i> (T)	X97364	100
MILIA 1556	0	0.03	0	uncultured bacterium	FJ863104	98
MILIA 1562	0	0.03	0.02	<i>Psychrobacter glacincola</i> (T)	AJ312213	100
MILIA 1564	0	0.03	0	<i>Pseudomonas</i> sp. HY-14	EU620679	98
MILIA 1565	0	0.01	0	<i>Pseudomonas putida</i>	AY456706	100
MILIA 1579	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ375433	99
MILIA 1583	0	0.03	0.02	<i>Pseudomonas gingeri</i>	AF320991	100
MILIA 1590	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ129302	100
MILIA 1597	0	0.03	0	<i>Psychrobacter</i> sp. PIC-C2	DQ227771	99
MILIA 1622	0	0.01	0			
MILIA 1632	0	0.04	0.02	<i>Pseudomonas</i> sp. MC83	DQ885459	99
MILIA 1637	0	0.01	0	uncultured soil bacterium	AY699597	100
MILIA 1670	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM269501	100
MILIA 1700	0	0.01	0	<i>Acinetobacter</i> sp. ANT9054	AY167273	100
MILIA 1701	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ860033	99
MILIA 1702	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ388900	95
MILIA 1705	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ397024	99
MILIA 1713	0	0.04	0.03	uncultured proteobacterium	AJ310688	100
MILIA 1716	0	0.01	0	<i>Rheinheimera chironomi</i> (T)	DQ298025	100
MILIA 1717	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY959132	99
MILIA 1729	0	0.01	0	<i>Pseudomonas</i> sp. PK-3	EU685822	99
MILIA 1742	0	0.01	0	uncultured <i>Acinetobacter</i> sp.	FJ192481	97
MILIA 1748	0	0.03	0.05	uncultured bacterium	GQ397038	100
MILIA 1751	0	0.01	0.02	uncultured bacterium	DQ860033	100
MILIA 1771	0	0.03	0	<i>Shewanella</i> sp. MR-7	CP000444	100
MILIA 1793	0	0.01	0	<i>Pseudomonas</i> sp. 3B_8	AY689030	100
MILIA 1797	0	0.01	0	<i>Tolomonas auensis</i> DSM 9187	CP001616	100
MILIA 1808	0	0.03	0.08	<i>Pseudomonas</i> sp. Nj-5	AM419019	100
MILIA 1835	0	0.01	0.02	uncultured bacterium	DQ856515	98
MILIA 1836	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY218670	99
MILIA 1838	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM253634	100
MILIA 1860	0	0.01	0.03	<i>Pseudomonas</i> sp. TNT7	DQ229106	99
MILIA 1861	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ849527	99
MILIA 1864	0	0.01	0	<i>Acinetobacter lwoffii</i>	AF188302	100
MILIA 1876	0	0.01	0	uncultured <i>Pseudomonas</i> sp.	EU341270	99
MILIA 1894	0	0	0.02	uncultured bacterium	AY700606	99
MILIA 1918	0	0	0.02	<i>Pseudoxanthomonas</i> sp. ROi44	EF219047	98
MILIA 1927	0	0	0.02	uncultured bacterium	EF445277	100
MILIA 1943	0	0	0.03	uncultured <i>Thermomonas</i> sp.	FJ889350	100
MILIA 1945	0	0	0.14	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	AF017749	100

MILIA 1965	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM278145	100
MILIA 1988	0	0	0.15	<i>uncultured soil bacterium</i>	EF688347	100
MILIA 1992	0	0	0.06	<i>Dyella ginsengisoli</i>	GU809978	97
MILIA 2004	0	0	0.02	<i>Escherichia coli</i> CFT073	AE014075	99
MILIA 2061	0	0	0.02	<i>Rheinheimera</i> sp. E407-8	FJ169968	97
MILIA 2085	0	0	0.02	<i>uncultured Serratia</i> sp.	GQ417191	100
MILIA 2105	0	0	0.03	<i>Anaerobiospirillum thomasi</i> (T)	AJ420985	99
MILIA 2114	0	0	0.03	<i>uncultured Acinetobacter</i> sp.	EF205268	100
MILIA 2115	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EU662595	95
MILIA 2151	0	0	0.03	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	AJ312161	100
MILIA 2187	0	0	0.02	<i>Pseudomonas mandelii</i>	EU586044	100
MILIA 2206	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EU470649	98
MILIA 2228	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	EU662595	95
MILIA 2229	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EU864458	100
MILIA 2269	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FM874454	100
MILIA 2294	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM872891	99
MILIA 2322	0	0	0.02	<i>uncultured Pseudomonas</i> sp.	AY082368	98
MILIA 2326	0	0	0.02	<i>enrichment culture bacterium</i> LB-P	AF538773	100
MILIA 2359	0	0	0.03	<i>Xanthomonadaceae bacterium</i> NML 03-0222	EU313791	100
MILIA 2381	0	0	0.02	<i>uncultured soil bacterium</i>	EF688347	98
MILIA 2393	0	0	0.05	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	FJ535204	100
MILIA 2399	0	0	0.02	<i>Xanthomonadaceae bacterium</i> NML 03-0222	EU313791	97
MILIA 2403	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ814359	99
MILIA 2438	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM282274	100
MILIA 2447	0	0	0.02	<i>Lysobacter</i> sp. HJHJ-0803	HM063960	98
MILIA 2449	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM835536	99
MILIA 2472	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FJ849529	99
MILIA 2473	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ157500	98
MILIA 2475	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AY212574	99
MILIA 2477	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ660509	99
MILIA 2483	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EF509317	98
MILIA 2492	0	0	0.03	<i>Pseudomonas</i> sp. SW4(2006)	EF026998	100
MILIA 2518	0	0	0.02	<i>Pseudomonas pseudoalcaligenes</i>	FJ472856	99
MILIA 2525	0	0	0.02	<i>Acinetobacter</i> sp. TD5	EF468657	97
MILIA 2532	0	0	0.02	<i>uncultured Pseudomonas</i> sp.	EU071502	100
MILIA 2567	0	0	0.02	<i>Serratia marcescens</i> subsp. <i>marcescens</i>	JF429937	100
MILIA 2575	0	0	0.02	<i>Pseudomonas</i> sp. R-25061	AM084021	98
<i>Deltaproteobacteria</i> : 15 phylotypes, 52 sequences						
MILIA 297	0.12	0	0	<i>delta proteobacterium</i> K2-52	AY371186	99
MILIA 1240	0	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	AB176223	97
MILIA 1444	0	0.09	0	<i>uncultured Bdellovibrio</i> sp.	DQ847445	99
MILIA 1547	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU431813	99
MILIA 1789	0	0.03	0	<i>uncultured delta proteobacterium</i>	EF188429	96
MILIA 1822	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	AB176231	96
MILIA 1975	0	0	0.05	<i>uncultured delta proteobacterium</i>	EF188429	98
MILIA 1999	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AB176223	96
MILIA 2005	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AY662018	99
MILIA 2025	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AB176223	97
MILIA 2064	0	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	AB176223	98
MILIA 2133	0	0	0.05			
MILIA 2140	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	AB176223	96
MILIA 2327	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AB176223	95
MILIA 2344	0	0	0.03	<i>uncultured delta proteobacterium</i>	EF188429	98
<i>Epsilonproteobacteria</i> : 1 phylotype, 4 sequences						
MILIA 2049	0	0	0.06	<i>Campylobacter concisus</i>	AF550653	100
<i>Other Proteobacteria</i> : 102 phylotypes, 267 sequences						
MILIA 31	0.02	0	0	<i>Pasteurellaceae bacterium</i> Hma5	EF187247	100
MILIA 71	0.12	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF492897	99
MILIA 88	0.02	0	0			
MILIA 317	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AB511014	99
MILIA 343	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF320752	92
MILIA 364	0.08	0	0	<i>alpha proteobacterium</i> SK200a-2	AB231940	99
MILIA 447	0.02	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ728213	100
MILIA 512	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ021391	97
MILIA 553	0.03	0.07	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ114073	98
MILIA 593	0.03	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM873365	100
MILIA 604	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU234276	98
MILIA 608	0.02	0	0			
MILIA 609	0.05	0	0	<i>uncultured eubacterium</i> WD2124	AJ292676	100
MILIA 704	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU881241	98
MILIA 751	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ833503	99
MILIA 770	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ114073	98
MILIA 784	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM845083	100
MILIA 850	0.02	0	0			
MILIA 891	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AB487136	96
MILIA 1054	0	0.07	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ479138	94
MILIA 1072	0	0.12	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY662029	95
MILIA 1077	0	0.03	0.03	<i>Polyangium fumosum</i>	GU207879	98
MILIA 1079	0	0.03	0			
MILIA 1086	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF428937	95

MILIA 1099	0	0.15	0.08	<i>uncultured Lautropia sp.</i>	DQ016725	100
MILIA 1130	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	GU118855	93
MILIA 1133	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	AB240240	94
MILIA 1174	0	0.12	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ624904	98
MILIA 1181	0	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF572234	99
MILIA 1213	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	GU455240	93
MILIA 1251	0	0.04	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HQ114152	100
MILIA 1258	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU134474	95
MILIA 1265	0	0.07	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU669621	99
MILIA 1271	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ625345	99
MILIA 1287	0	0.01	0			
MILIA 1344	0	0.06	0	<i>uncultured beta proteobacterium</i>	AB478649	97
MILIA 1364	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ500880	99
MILIA 1408	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ500880	98
MILIA 1419	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM780327	98
MILIA 1428	0	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ114071	99
MILIA 1448	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ396943	100
MILIA 1498	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF580944	100
MILIA 1518	0	0.01	0			
MILIA 1529	0	0.01	0	<i>uncultured sludge bacterium A9</i>	AF234747	98
MILIA 1545	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ190312	98
MILIA 1554	0	0.04	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	HQ114152	100
MILIA 1567	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	AB240240	92
MILIA 1580	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ500880	96
MILIA 1610	0	0.01	0			
MILIA 1620	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU234280	97
MILIA 1636	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY212644	93
MILIA 1642	0	0.01	0.02	<i>uncultured eubacterium</i>	AJ412674	100
MILIA 1655	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ264369	100
MILIA 1667	0	0.01	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	HQ864188	99
MILIA 1679	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM315825	99
MILIA 1680	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ158697	99
MILIA 1681	0	0.04	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ478729	96
MILIA 1692	0	0.01	0	<i>uncultured sludge bacterium H16</i>	AF234748	97
MILIA 1698	0	0.03	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ500745	97
MILIA 1714	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ114071	100
MILIA 1744	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	GU454957	99
MILIA 1755	0	0.01	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	DQ984612	100
MILIA 1757	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM315825	100
MILIA 1766	0	0.01	0			
MILIA 1769	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ404891	100
MILIA 1774	0	0.01	0			
MILIA 1790	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM445451	100
MILIA 1831	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ624904	98
MILIA 1853	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY424826	100
MILIA 1885	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM873493	98
MILIA 1957	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ716016	94
MILIA 1974	0	0	0.02	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	JF421131	98
MILIA 1979	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	EF580963	100
MILIA 2006	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ444660	95
MILIA 2012	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	FJ624902	96
MILIA 2015	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AM697153	98
MILIA 2018	0	0	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	GQ077460	100
MILIA 2027	0	0	0.09	<i>uncultured bacterium</i>	GU437480	98
MILIA 2029	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	DQ906827	99
MILIA 2032	0	0	0.05	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	HQ132425	95
MILIA 2034	0	0	0.02	<i>uncultured beta proteobacterium</i>	FR749754	100
MILIA 2036	0	0	0.02	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	HQ857672	97
MILIA 2062	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	JF136894	98
MILIA 2108	0	0	0.03	<i>alpha proteobacterium CN37</i>	FN554393	100
MILIA 2117	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium mle1-7</i>	AF280846	98
MILIA 2126	0	0	0.02			
MILIA 2137	0	0	0.06	<i>uncultured Myxococcales bacterium</i>	EF636835	94
MILIA 2201	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	GQ500880	98
MILIA 2237	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ077460	100
MILIA 2240	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ077585	98
MILIA 2243	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FJ612272	91
MILIA 2259	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	JF116935	98
MILIA 2260	0	0	0.02			
MILIA 2286	0	0	0.03	<i>gamma proteobacterium Y-134</i>	AB096215	97
MILIA 2340	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM873493	98
MILIA 2382	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ478729	99
MILIA 2394	0	0	0.03	<i>bacterium Ellin6095</i>	AY234747	97
MILIA 2425	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM069082	99
MILIA 2440	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GU906603	99
MILIA 2496	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ625345	100
MILIA 2498	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ815232	97
MILIA 2534	0	0	0.02	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU589319	98

Aquificae: 1 phylotype, 1 sequences

MILIA 880 0.02 0 0 *Hydrogenobacter subterraneus (T)*

Bacteroidetes: 364 phylotypes, 1745 sequences

MILIA 3	0.07	0	0	<i>Flavobacterium</i> sp. 8053	AM111087	100
MILIA 17	0.02	0.01	0	uncultured soil bacterium	DQ297943	98
MILIA 20	0.10	0	0.02	uncultured bacterium	JF128991	100
MILIA 30	0.05	0.04	0.09	uncultured bacterium	JF181487	100
MILIA 53	0.07	0	0	uncultured bacterium	HM184970	100
MILIA 60	0.15	0	0	uncultured bacterium	DQ256316	98
MILIA 61	0.08	0.19	0.06	uncultured bacterium	JF176732	100
MILIA 64	0.05	0	0	<i>Chryseobacterium</i> sp. CHNTR56	DQ337588	100
MILIA 66	0.25	0	0	uncultured bacterium	HM270840	100
MILIA 67	0.10	0	0.11	uncultured bacterium	FJ657758	100
MILIA 81	0.07	0	0	uncultured bacterium	AB255105	99
MILIA 114	0.02	0	0	<i>Flavobacterium</i> sp. WB 2.1-30	AM167558	98
MILIA 118	0.05	0.01	0.05	<i>Porphyromonas</i> sp. oral clone HF001	DQ087194	100
MILIA 132	0.10	0	0	uncultured bacterium	FJ612251	97
MILIA 145	0.03	0	0	uncultured bacterium	JF202958	100
MILIA 157	0.05	0	0	uncultured bacterium	AY958879	100
MILIA 160	0.03	0	0	uncultured bacterium	EF688168	100
MILIA 195	0.03	0	0.08	uncultured bacterium	GQ072305	100
MILIA 196	0.10	0.31	0.12	<i>Kaistella flava</i>	AM421015	100
MILIA 199	0.17	0.04	0	uncultured bacterium	EU937875	94
MILIA 214	0.13	0	0	uncultured bacterium	FJ595620	95
MILIA 215	0.13	0	0.06	uncultured <i>Prevotella</i> sp.	AM419989	100
MILIA 221	0.02	0.13	0.29	<i>Prevotella</i> sp. oral clone IK062	AY349402	99
MILIA 223	0.30	0.01	0.05	<i>Pedobacter</i> sp. TPD41	HM224489	100
MILIA 226	0.05	0.07	0	uncultured bacterium	AB240357	100
MILIA 228	0.03	0	0	<i>Spirosoma rigui</i> (T)	EF507900	100
MILIA 234	0.15	0	0.06	uncultured deep-sea bacterium	AM997595	92
MILIA 239	0.07	0.04	0.05	<i>Hymenobacter chitinivorans</i> (T)	Y18837	99
MILIA 257	0.08	0	0	uncultured <i>Flexibacter</i> sp.	FN668199	96
MILIA 287	0.08	0.03	0.06	uncultured bacterium	JF228161	99
MILIA 288	0.03	0	0.03	<i>Prevotella buccalis</i>	AB547676	98
MILIA 298	0.02	0	0	<i>Pedobacter</i> sp. TPD41	HM224489	99
MILIA 306	0.03	0.23	0.23	<i>Flavobacterium</i> sp. WB 1.1-21	AM167566	100
MILIA 312	0.05	0	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	AY792303	100
MILIA 315	0.02	0.04	0	<i>Hymenobacter psychrotolerans</i> (T)	DQ177475	100
MILIA 321	0.13	0	0	uncultured bacterium	FJ657758	98
MILIA 355	0.08	0	0	<i>Flavisolibacter ginsengiterrae</i> (T)	AB267476	98
MILIA 363	0.02	0	0.03	uncultured soil bacterium	EU861961	98
MILIA 385	0.08	0.07	0	uncultured soil bacterium	DQ297943	100
MILIA 390	0.08	0	0.08	<i>Flavobacterium</i> sp. R-38295	FR772227	98
MILIA 393	0.07	0	0	<i>Siphonobacter aquaeclarae</i>	FJ177421	91
MILIA 398	0.10	0.13	0.03	uncultured bacterium	GQ014216	100
MILIA 412	0.18	0.38	0.11	unidentified	X85207	100
MILIA 422	0.21	0.07	0.03	<i>Chryseobacterium hominis</i> (T)	AM261868	100
MILIA 428	0.08	0.03	0.06	<i>Sphingobacterium multivorum</i>	AB020205	100
MILIA 431	0.03	0	0.08	<i>Flavobacterium</i> sp. WB 2.1-78	AM167559	99
MILIA 433	0.03	0.04	0.05	uncultured bacterium	EF403833	100
MILIA 436	0.05	0	0	<i>Flavobacteriaceae</i> bacterium TSBY-39	DQ173003	99
MILIA 487	0.02	0	0	<i>Chryseobacterium taichungense</i> (T)	AJ843132	95
MILIA 492	0.05	0	0	uncultured bacterium	JF044785	100
MILIA 526	0.08	0	0	uncultured bacterium	EF516522	99
MILIA 530	0.05	0.04	0.02	uncultured bacterium	HM252193	99
MILIA 534	0.03	0	0.03	uncultured bacterium	EU104095	98
MILIA 543	0.12	0	0	uncultured bacterium	DQ532278	100
MILIA 545	0.07	0	0	<i>Prevotella</i> sp. oral taxon 299	FJ577257	100
MILIA 547	0.08	0.10	0	uncultured bacterium	HM278350	100
MILIA 550	0.02	0.01	0	<i>Kaistella flava</i>	AM421015	99
MILIA 554	0.07	0	0	uncultured bacterium	FJ671849	98
MILIA 565	0.03	0	0.05	<i>Prevotella</i> sp. oral clone FU048	AY349393	100
MILIA 568	0.02	0	0.02	uncultured bacterium	GQ075932	99
MILIA 576	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM186052	99
MILIA 583	0.05	0	0	<i>Chryseobacterium hominis</i> (T)	AM261868	100
MILIA 592	0.03	0	0	uncultured bacterium	GU444104	94
MILIA 614	0.05	0	0.03	<i>Pedobacter</i> sp. PBI 166	HM204919	100
MILIA 620	0.05	0.01	0	uncultured soil bacterium	DQ248290	100
MILIA 622	0.08	0.07	0	<i>Porphyromonas somerae</i> (T)	AY968205	99
MILIA 627	0.02	0	0.05	uncultured bacterium	JF417835	99
MILIA 636	0.05	0	0	uncultured bacterium	FN421743	100
MILIA 645	0.03	0.04	0.05	uncultured <i>Hymenobacter</i> sp.	AF408274	100
MILIA 648	0.12	0.13	0.05	uncultured bacterium	GQ023458	100
MILIA 650	0.03	0	0	uncultured bacterium	DQ129648	95
MILIA 657	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM845807	100
MILIA 668	0.05	0	0	uncultured bacterium	FJ793180	97
MILIA 679	0.07	0.04	0.08	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	FN811235	100
MILIA 681	0.02	0	0.06	<i>Chryseobacterium</i> sp. FR2	AF217562	100
MILIA 693	0.03	0	0	uncultured soil bacterium	DQ378235	100
MILIA 715	0.05	0	0	uncultured soil bacterium	EU861918	97
MILIA 719	0.05	0	0	uncultured bacterium	EU104157	98
MILIA 722	0.03	0.16	0	uncultured bacterium	JF169107	100
MILIA 744	0.13	0	0.03	<i>Chryseobacterium</i> sp. sptzw36	GU377122	99
MILIA 778	0.02	0	0	unidentified	X85207	97

MILIA 782	0.02	0	0	<i>Pedobacter</i> sp. TPD41	HM224489	96
MILIA 789	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF218400	100
MILIA 793	0.03	0	0.03	uncultured <i>Sphingobacteriales</i> cum ' <i>Crenotrichaceae</i> ' bacterium	EF019007	99
MILIA 794	0.02	0.10	0.15	<i>Flavobacterium</i> sp. WB 3.3.45	AM177620	100
MILIA 798	0.02	0.07	0.03	uncultured bacterium adhufec94	AF132282	100
MILIA 820	0.05	0	0	<i>Chryseobacterium</i> sp. PHD-9	DQ301786	100
MILIA 831	0.05	0	0	<i>Sphingobacterium</i> faecium	AM411066	100
MILIA 835	0.02	0	0	<i>Porphyromonas</i> somerae (T)	AY968205	98
MILIA 837	0.05	0	0	uncultured bacterium	JF214442	99
MILIA 876	0.02	0	0	<i>Flavobacteriaceae</i> bacterium TSBY-39	DQ173003	99
MILIA 883	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM278350	100
MILIA 888	0.02	0.06	0.06	uncultured bacterium	GQ157971	100
MILIA 900	0.02	0.01	0	<i>Hymenobacter</i> rigui	HM032896	100
MILIA 908	0.03	0	0.02	uncultured bacterium	GQ014796	94
MILIA 931	0.02	0	0	uncultured bacterium	AB240357	99
MILIA 938	0.02	0	0.02	uncultured bacterium	GQ389205	100
MILIA 948	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF185821	100
MILIA 951	0.02	0	0	<i>Haloanella</i> gallinarum	AB035150	98
MILIA 966	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF021085	100
MILIA 968	0.02	0	0	<i>Pedobacter</i> sp. NEAU-W8	JF431460	100
MILIA 1011	0.02	0.03	0.09	<i>Hymenobacter</i> rigui	HM032896	100
MILIA 1052	0	0.01	0.08	<i>Haloanella</i> gallinarum	AB035150	98
MILIA 1057	0	0.18	0.23	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	EF683058	99
MILIA 1060	0	0.06	0	<i>Pedobacter</i> sp. W48	DQ778037	100
MILIA 1062	0	0.09	0.05	uncultured bacterium	FM209336	100
MILIA 1067	0	0.07	0.08	uncultured bacterium	FJ557433	100
MILIA 1068	0	0.25	0	<i>Flavobacterium</i> frigoris (T)	AJ557887	100
MILIA 1071	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	HM184933	99
MILIA 1074	0	0.13	0.20	<i>Hymenobacter</i> sp. XTM003	EU382214	100
MILIA 1075	0	0.03	0	uncultured <i>Prevotella</i> sp.	AM420039	90
MILIA 1085	0	0.09	0.03	unidentified bacterium	AY345495	100
MILIA 1091	0	0.03	0	uncultured bacterium	EF400401	100
MILIA 1095	0	0.09	0	<i>Hymenobacter</i> sp. A2-50A	HM032897	100
MILIA 1104	0	0.12	0.22	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	JF776919	99
MILIA 1105	0	0.34	0.06	uncultured bacterium	HM303781	100
MILIA 1118	0	0.04	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	AF445698	94
MILIA 1119	0	0.01	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	FR749751	98
MILIA 1135	0	0.03	0	<i>Bergeyella</i> sp. h1971d	AY398698	97
MILIA 1141	0	0.04	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	JF833688	100
MILIA 1145	0	0.01	0	<i>Hymenobacter</i> rigui (T)	DQ089669	98
MILIA 1153	0	0.06	0.02	uncultured bacterium	EU244044	97
MILIA 1155	0	0.25	0	uncultured bacterium	HM184949	100
MILIA 1165	0	0.20	0.25	<i>Chryseobacterium</i> sp. IMMIB L-1519	FN297836	100
MILIA 1168	0	0.01	0.03	uncultured bacterium	HM184933	100
MILIA 1175	0	0.06	0	uncultured bacterium	EU700187	99
MILIA 1180	0	0.01	0	uncultured bacterium	EU532002	100
MILIA 1182	0	0.01	0.02	<i>Prevotella</i> sp. oral clone IK062	AY349402	100
MILIA 1188	0	0.01	0	uncultured soil bacterium	EF688340	100
MILIA 1191	0	0.04	0.12	uncultured bacterium	JF175071	100
MILIA 1192	0	0.04	0	uncultured bacterium	EF648151	97
MILIA 1193	0	0.07	0	uncultured bacterium	AB240229	98
MILIA 1202	0	0.12	0.08	uncultured <i>Sphingobacteriales</i> bacterium	HM856483	100
MILIA 1203	0	0.04	0	uncultured bacterium	EF019155	99
MILIA 1206	0	0.01	0	uncultured bacterium	EU463630	94
MILIA 1208	0	0.04	0.08	<i>Hymenobacter</i> glaciei	GQ454806	100
MILIA 1220	0	0.06	0.15	uncultured bacterium	AB504919	100
MILIA 1227	0	0.18	0.03	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	FR749745	99
MILIA 1232	0	0.06	0			
MILIA 1234	0	0.10	0.29	<i>Wautersiella</i> falsenii genomovar 1	AM238680	100
MILIA 1243	0	0.01	0	<i>Spirosoma</i> sp. R-37560	FR691451	99
MILIA 1246	0	0.03	0.11	<i>Porphyromonas</i> sp. oral clone BB134	AY005068	100
MILIA 1252	0	0.07	0.11	<i>Flavobacterium</i> aquatile (T)	AM230485	100
MILIA 1259	0	0.03	0	<i>actinobacterium</i> kmd_222	EU723156	98
MILIA 1280	0	0.06	0.05	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	EU753658	100
MILIA 1282	0	0.04	0.02	uncultured bacterium	DQ264580	100
MILIA 1297	0	0.12	0	uncultured bacterium	JF232026	98
MILIA 1300	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	DQ905056	100
MILIA 1301	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ396828	99
MILIA 1310	0	0.09	0.15	<i>Hymenobacter</i> rigui	HM032896	100
MILIA 1329	0	0.04	0.03	<i>Haloanella</i> gallinarum	AB035150	100
MILIA 1331	0	0.04	0	uncultured bacterium	HM268907	98
MILIA 1335	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF236021	100
MILIA 1341	0	0.04	0	uncultured bacterium	HM366467	99
MILIA 1343	0	0.01	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	AY792301	99
MILIA 1356	0	0.12	0	<i>Sphingobacteriaceae</i> bacterium 15G	EU057830	100
MILIA 1357	0	0.06	0			
MILIA 1366	0	0.04	0	uncultured bacterium	GU305839	100
MILIA 1368	0	0.01	0.06	uncultured soil bacterium	EU589295	97
MILIA 1375	0	0.04	0	uncultured <i>Flexibacteraceae</i> bacterium	FJ425640	93
MILIA 1380	0	0.03	0	<i>Hymenobacter</i> sp. R-42743	FR682732	100
MILIA 1388	0	0.09	0.20	uncultured bacterium	GQ396844	100

MILIA 1392	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF169107	98
MILIA 1394	0	0.04	0.06	<i>Algoriphagus</i> sp. CNU040	EF217418	98
MILIA 1398	0	0.07	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	AY792301	99
MILIA 1403	0	0.01	0.05	<i>Flavobacterium</i> sp. WB 2.1-78	AM167559	100
MILIA 1405	0	0.07	0	<i>Flavobacterium micromati</i> (T)	AJ557888	99
MILIA 1406	0	0.06	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	FN811248	98
MILIA 1411	0	0.07	0	uncultured bacterium	GQ396956	100
MILIA 1416	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY975983	100
MILIA 1424	0	0.06	0.05	<i>Flavobacterium</i> sp. HME6143	HQ000016	100
MILIA 1425	0	0.04	0	uncultured bacterium	GQ097652	99
MILIA 1429	0	0.04	0.02	uncultured bacterium	EU431768	100
MILIA 1449	0	0.04	0	uncultured bacterium	HQ645153	97
MILIA 1456	0	0.01	0	<i>Pedobacter</i> sp. BR-9	HM640986	96
MILIA 1466	0	0.07	0.03	<i>Bacteroides</i> sp. AR20	AF139524	100
MILIA 1474	0	0.06	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	HQ595198	99
MILIA 1477	0	0.06	0	uncultured bacterium	JF417863	98
MILIA 1481	0	0.04	0.03	uncultured bacterium	EF648151	97
MILIA 1485	0	0.01	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	DQ450752	100
MILIA 1486	0	0.01	0	uncultured bacterium	EU431690	99
MILIA 1487	0	0.01	0.06	uncultured <i>Hymenobacter</i> group bacterium	AF408300	99
MILIA 1496	0	0.01	0	uncultured soil bacterium	EU861961	98
MILIA 1501	0	0.06	0	uncultured bacterium	DQ666093	98
MILIA 1504	0	0.06	0.08	<i>Hymenobacter</i> sp. R-36548	FR682731	100
MILIA 1508	0	0.03	0	<i>Hymenobacter</i> sp. R-36359	FR682728	100
MILIA 1519	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ535039	99
MILIA 1522	0	0.03	0	uncultured <i>Flavobacteria</i> bacterium	FJ535179	99
MILIA 1524	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF176732	100
MILIA 1527	0	0.04	0	uncultured bacterium	JF189126	100
MILIA 1530	0	0.03	0	<i>Prevotella</i> sp. oral clone GU027	AY349398	99
MILIA 1535	0	0.12	0	uncultured bacterium	DQ376575	93
MILIA 1558	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ074351	100
MILIA 1559	0	0.03	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	JF776901	98
MILIA 1581	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF175956	99
MILIA 1582	0	0.01	0	<i>Hymenobacter roseosalivarius</i>	Y18834	97
MILIA 1588	0	0.04	0	<i>Bacteroidetes</i> bacterium ONC1	FN554385	95
MILIA 1589	0	0.04	0	uncultured <i>Capnocytophaga</i> sp.	AM420187	100
MILIA 1593	0	0.04	0	uncultured bacterium	FN421632	100
MILIA 1595	0	0.03	0	uncultured bacterium	AJ315483	100
MILIA 1596	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM263979	100
MILIA 1613	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ396972	98
MILIA 1619	0	0.03	0	<i>Hymenobacter glaciei</i>	GQ454806	99
MILIA 1626	0	0.04	0	uncultured bacterium	FJ677710	100
MILIA 1643	0	0.06	0	uncultured bacterium	GQ038490	100
MILIA 1656	0	0.04	0	uncultured bacterium	HM303781	100
MILIA 1661	0	0.01	0	<i>Bacteroides barnesiae</i>	AB253728	99
MILIA 1664	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ612364	91
MILIA 1677	0	0.03	0	<i>Pedobacter</i> sp. DL5	FJ517612	100
MILIA 1678	0	0.01	0.02	uncultured bacterium	HM270591	98
MILIA 1689	0	0.01	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	HM748810	100
MILIA 1693	0	0.01	0.11	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	FR749739	100
MILIA 1703	0	0.01	0	uncultured bacterium	EU431768	99
MILIA 1715	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM303781	100
MILIA 1718	0	0.04	0	uncultured bacterium	GQ472128	98
MILIA 1722	0	0.07	0.02	<i>Pedobacter</i> sp. DL5	FJ517612	100
MILIA 1735	0	0.01	0.05	<i>Spirosoma navajo</i>	AY279977	100
MILIA 1750	0	0.03	0	uncultured bacterium	HQ116742	91
MILIA 1753	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY218762	98
MILIA 1763	0	0.01	0.11	uncultured <i>Flavobacteriaceae</i> bacterium	EF419381	100
MILIA 1783	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM323385	99
MILIA 1784	0	0.03	0	uncultured bacterium	FJ478665	100
MILIA 1799	0	0.01	0	<i>Chryseobacterium moechotypicola</i>	EF077176	97
MILIA 1811	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF210879	99
MILIA 1812	0	0.04	0	uncultured bacterium	JF116685	99
MILIA 1819	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM184933	99
MILIA 1820	0	0.01	0.06	uncultured bacterium	HQ190384	96
MILIA 1824	0	0.03	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	AJ318151	100
MILIA 1827	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM266863	100
MILIA 1830	0	0.03	0	uncultured bacterium	FJ612364	90
MILIA 1833	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ535039	98
MILIA 1840	0	0.01	0	uncultured bacterium	FJ479533	99
MILIA 1844	0	0.01	0	<i>Prevotella disiens</i>	AB547682	100
MILIA 1847	0	0.03	0.02	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	EU753659	100
MILIA 1850	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM187310	98
MILIA 1856	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ472128	98
MILIA 1871	0	0.01	0.11	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	AY792301	99
MILIA 1873	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF417867	93
MILIA 1875	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF429098	93
MILIA 1877	0	0.01	0	uncultured bacterium	HQ114153	100
MILIA 1879	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ897624	100
MILIA 1881	0	0	0.02	<i>Pedobacter</i> sp. GR12-04	AM279216	99
MILIA 1883	0	0	0.17	<i>Flavobacterium</i> sp. BF86	AM934679	100

MILIA 1888	0	0	0.12	uncultured bacterium	FJ502252	98
MILIA 1890	0	0	0.02	<i>Wautersiella falsenii</i> genomovar 2	AM238671	99
MILIA 1891	0	0	0.23	uncultured <i>Flavobacterium</i> sp.	EU703408	100
MILIA 1893	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ480089	98
MILIA 1895	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ368886	100
MILIA 1896	0	0	0.08	uncultured bacterium	EF559148	100
MILIA 1908	0	0	0.05	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	FN811244	99
MILIA 1910	0	0	0.02	uncultured bacterium	EF404832	97
MILIA 1913	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ113672	100
MILIA 1919	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU509142	100
MILIA 1921	0	0	0.11	uncultured bacterium	GQ397089	100
MILIA 1924	0	0	0.06	uncultured bacterium	HM262033	100
MILIA 1929	0	0	0.02	<i>Pedobacter cryoconitis</i>	AM237384	96
MILIA 1932	0	0	0.08	uncultured bacterium	AY838458	100
MILIA 1935	0	0	0.02	<i>Cytophaga</i> sp. An36	AJ551174	98
MILIA 1950	0	0	0.02	uncultured bacterium	FJ978490	97
MILIA 1952	0	0	0.11	uncultured <i>Flexibacter</i> sp.	FN668199	92
MILIA 1954	0	0	0.02	uncultured soil bacterium	EU861820	100
MILIA 1959	0	0	0.09	uncultured bacterium	JF129089	100
MILIA 1963	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ396989	100
MILIA 1966	0	0	0.12	uncultured bacterium	GU454914	95
MILIA 1969	0	0	0.06	uncultured bacterium	AY959133	99
MILIA 1973	0	0	0.08	<i>Hymenobacter</i> sp. HMD1010	HM016164	100
MILIA 1978	0	0	0.02	<i>Wautersiella falsenii</i> genomovar 1	AM238684	100
MILIA 1983	0	0	0.09	uncultured bacterium	GQ480089	98
MILIA 1985	0	0	0.03	uncultured <i>Segetibacter</i> sp.	EU223960	100
MILIA 1986	0	0	0.11	uncultured bacterium	HM127263	100
MILIA 1989	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ978490	100
MILIA 1995	0	0	0.02	<i>Chryseobacterium</i> sp. IMMIB L-1519	FN297836	98
MILIA 1997	0	0	0.02	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	FR749732	97
MILIA 2003	0	0	0.06	<i>Flexithrix dorotheae</i>	AB078038	95
MILIA 2007	0	0	0.12	uncultured bacterium	GU305839	98
MILIA 2014	0	0	0.22	<i>Flavosolibacter</i> sp. HU1-JC5	FJ177533	99
MILIA 2016	0	0	0.02	uncultured <i>Prevotellaceae</i> bacterium	AM419985	98
MILIA 2024	0	0	0.06	<i>Pedobacter terricola</i> (T)	EF446147	98
MILIA 2026	0	0	0.05	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	AY792303	99
MILIA 2028	0	0	0.03	uncultured soil bacterium	EU861961	99
MILIA 2057	0	0	0.05	<i>Aequorivita</i> sp. enrichment culture clone B3-5	GU570646	97
MILIA 2058	0	0	0.08	uncultured bacterium	GU454989	100
MILIA 2065	0	0	0.03	uncultured bacterium	AY218749	99
MILIA 2068	0	0	0.06	<i>Bacteroidetes</i> bacterium RD4.3	AY436806	100
MILIA 2073	0	0	0.03	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	EU979034	99
MILIA 2075	0	0	0.03	<i>Bacteroidaceae</i> bacterium Smarlab 3301643	AY538687	100
MILIA 2076	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ230110	98
MILIA 2078	0	0	0.03	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	FN811193	100
MILIA 2080	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ978505	100
MILIA 2088	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF129089	100
MILIA 2091	0	0	0.02	<i>Bergeyella</i> sp. h1971d	AY398698	95
MILIA 2096	0	0	0.06	uncultured bacterium	EF404832	100
MILIA 2103	0	0	0.06	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	EU979034	98
MILIA 2106	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ015447	97
MILIA 2112	0	0	0.02	uncultured bacterium	EF400758	100
MILIA 2118	0	0	0.06	uncultured bacterium	EF405020	100
MILIA 2121	0	0	0.06	uncultured bacterium	HM128568	100
MILIA 2128	0	0	0.06	uncultured bacterium	HQ190287	100
MILIA 2132	0	0	0.05	<i>Hymenobacter</i> sp. 1018	EF423328	99
MILIA 2136	0	0	0.02	uncultured bacterium	FJ538136	99
MILIA 2152	0	0	0.08	uncultured bacterium	EU937875	100
MILIA 2162	0	0	0.05	uncultured bacterium	GQ397089	97
MILIA 2168	0	0	0.02	<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	AB547653	100
MILIA 2176	0	0	0.05	<i>Flavobacterium</i> sp. WB 3.4.10	AM177622	100
MILIA 2195	0	0	0.06	uncultured <i>Flexibacter</i> sp.	FN668199	97
MILIA 2203	0	0	0.08	<i>Bacteroides salyersiae</i>	AB510707	100
MILIA 2205	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM209314	97
MILIA 2209	0	0	0.06	<i>Chryseobacterium antarcticum</i> (T)	AY553293	98
MILIA 2210	0	0	0.05	uncultured bacterium	AY218561	98
MILIA 2213	0	0	0.11	uncultured <i>Flavobacterium</i> sp.	EU703375	98
MILIA 2214	0	0	0.03			
MILIA 2216	0	0	0.02	uncultured bacterium	HQ114190	98
MILIA 2246	0	0	0.03	<i>Empedobacter</i> sp. B202	GQ232741	98
MILIA 2249	0	0	0.06	<i>Empedobacter brevis</i> (T)	AM177497	96
MILIA 2256	0	0	0.08	uncultured bacterium	JF205677	100
MILIA 2258	0	0	0.02	<i>Flavobacterium</i> sp. WB 4.3-15	AM177628	100
MILIA 2273	0	0	0.03	uncultured <i>Saprospiraceae</i> bacterium	EU177690	99
MILIA 2276	0	0	0.02	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	EU979058	98
MILIA 2280	0	0	0.02	<i>Prevotella nigrescens</i>	GU470890	100
MILIA 2287	0	0	0.02	<i>Pedobacter</i> sp. W1	HQ882803	99
MILIA 2292	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ864074	97
MILIA 2295	0	0	0.02	uncultured bacterium	HQ324883	99
MILIA 2299	0	0	0.02	uncultured bacterium	HQ190287	98
MILIA 2312	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ101427	100

MILIA 2320	0	0	0.02	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	AF445698	99
MILIA 2338	0	0	0.06	<i>Hymenobacter sp. XTM003</i>	EU382214	99
MILIA 2345	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	JF232026	100
MILIA 2346	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ480089	98
MILIA 2366	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ678529	99
MILIA 2376	0	0	0.02	<i>Kaistella flava</i>	AM421015	100
MILIA 2377	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EF405020	97
MILIA 2387	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ402755	96
MILIA 2390	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HQ324883	99
MILIA 2405	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AF527584	100
MILIA 2406	0	0	0.02	<i>Prevotella sp. oral clone IK062</i>	AY349402	96
MILIA 2415	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM209314	95
MILIA 2420	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	GQ263272	96
MILIA 2421	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM278707	98
MILIA 2423	0	0	0.02	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	FN811235	97
MILIA 2424	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EF580948	100
MILIA 2436	0	0	0.02			
MILIA 2442	0	0	0.02	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU589295	100
MILIA 2451	0	0	0.03	<i>Hymenobacter glaciei</i>	GQ454806	100
MILIA 2465	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM246834	100
MILIA 2476	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	JF228213	98
MILIA 2485	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM184933	100
MILIA 2486	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM282179	99
MILIA 2487	0	0	0.02	<i>Tannerella forsythensis</i>	AB053943	100
MILIA 2488	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AM697491	92
MILIA 2489	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	AB533944	100
MILIA 2490	0	0	0.03	<i>Flavobacteriaceae bacterium 3519-10</i>	EU694411	100
MILIA 2499	0	0	0.02	<i>Flavobacterium aquatile (T)</i>	AM230485	100
MILIA 2509	0	0	0.02	<i>uncultured Flexibacter sp.</i>	DQ279370	99
MILIA 2513	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HQ385606	98
MILIA 2515	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EU104095	98
MILIA 2527	0	0	0.03	<i>Hymenobacter soli (T)</i>	AB251884	100
MILIA 2533	0	0	0.02			
MILIA 2543	0	0	0.02	<i>uncultured Hymenobacter group bacterium</i>	AF408277	97
MILIA 2547	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EU431807	98
MILIA 2548	0	0	0.02			
MILIA 2551	0	0	0.02	<i>Hymenobacter sp. 1018</i>	EF423328	99
MILIA 2555	0	0	0.02	<i>uncultured soil bacterium</i>	DQ248290	99
MILIA 2560	0	0	0.02			
MILIA 2570	0	0	0.02	<i>Kaistella flava</i>	AM421015	100
<i>Chlamydiae</i> : 1 phylotype, 1 sequence						
MILIA 2296	0	0	0.02	<i>uncultured Candidatus Rhabdochlamydia sp.</i>	EU090707	93
<i>Chloroflexi</i> : 24 phylotypes, 57 sequences						
MILIA 123	0.23	0	0			
MILIA 205	0.02	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EF157268	99
MILIA 340	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ487895	96
MILIA 419	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129350	98
MILIA 426	0.03	0	0	<i>uncultured Chloroflexi bacterium</i>	FN594697	90
MILIA 480	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129350	98
MILIA 484	0.02	0	0			
MILIA 486	0.02	0	0	<i>uncultured Chloroflexi bacterium</i>	FN594697	93
MILIA 779	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129350	98
MILIA 884	0.03	0	0			
MILIA 978	0.02	0.01	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129350	99
MILIA 1169	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ152837	98
MILIA 1438	0	0.07	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF063621	99
MILIA 1759	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY250872	91
MILIA 1791	0	0.01	0			
MILIA 1846	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ671519	99
MILIA 1865	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF018629	100
MILIA 1962	0	0	0.03	<i>uncultured Chloroflexi bacterium</i>	FM253618	99
MILIA 2083	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FM877560	98
MILIA 2089	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ487889	99
MILIA 2266	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AB186887	95
MILIA 2379	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ152757	97
MILIA 2535	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	AY218649	99
MILIA 2574	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HQ343217	95
<i>Cyanobacteria</i> : 21 phylotypes, 57 sequences						
MILIA 76	0.13	0.10	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EU499680	100
MILIA 669	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU499680	99
MILIA 701	0.02	0	0	<i>Pseudoclonium akinetum</i>	AY835431	92
MILIA 750	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM332862	100
MILIA 907	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ521484	91
MILIA 1184	0	0.04	0	<i>Chroococcus sp. JJCM</i>	AM710384	94
MILIA 1228	0	0.01	0			
MILIA 1250	0	0.03	0	<i>uncultured cyanobacterium</i>	GQ417856	99
MILIA 1323	0	0.12	0			
MILIA 1427	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ521484	91
MILIA 1510	0	0.03	0.02	<i>uncultured cyanobacterium</i>	EF032663	99
MILIA 1557	0	0.01	0	<i>Chroococidiopsis sp. BB82.3</i>	AJ344553	95

MILIA 1577	0	0.01	0.05	uncultured bacterium	DQ521489	100
MILIA 1601	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ521484	94
MILIA 1724	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF179400	99
MILIA 1772	0	0.03	0			
MILIA 1914	0	0	0.05	<i>Chlorella saccharophila</i>	D11348	96
MILIA 2125	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF221504	100
MILIA 2141	0	0	0.02	<i>Juniperus virginiana</i>	U24586	100
MILIA 2167	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ441276	100
MILIA 2197	0	0	0.02	<i>Chroococcus</i> sp. JJCM	AM710384	94
<i>Deinococcus-Thermus</i> : 24 phylotypes, 159 sequences						
MILIA 34	0.43	0.31	0.23	<i>Thermus</i> sp.	L09661	99
MILIA 89	0.36	0.09	0.11	<i>Thermus brockianus</i>	Y18409	100
MILIA 331	0.02	0	0	<i>Thermus brockianus</i>	Y18409	98
MILIA 481	0.03	0	0	uncultured bacterium	GQ115543	100
MILIA 502	0.08	0	0	uncultured <i>Deinococcus</i> sp.	DQ366015	99
MILIA 575	0.10	0	0.03	<i>Deinococcus</i> sp. VTT E-052909	EF093134	100
MILIA 866	0.02	0.03	0	<i>Thermus brockianus</i>	Y18409	100
MILIA 940	0.02	0.01	0.03	<i>Thermus</i> sp.	L09661	99
MILIA 993	0.02	0	0	<i>Thermus brockianus</i>	Y18409	99
MILIA 1111	0	0.01	0	<i>Deinococcus marmoris</i> (T)	AJ585986	97
MILIA 1121	0	0.03	0.02	<i>Meiothermus</i> sp. L-s-R2A-4C.2	AM229086	100
MILIA 1299	0	0.06	0	uncultured endolithic bacterium	AB473897	100
MILIA 1497	0	0.07	0.09	uncultured endolithic bacterium	AB374378	100
MILIA 1563	0	0.01	0	<i>Deinococcus</i> sp. R-36713	FR682758	100
MILIA 1591	0	0.03	0.02	<i>Deinococcus radiodurans</i>	M21413	100
MILIA 1616	0	0.03	0	<i>Deinococcus radiodurans</i> R1	AE000513	100
MILIA 1682	0	0.03	0.03	<i>Deinococcus radiodurans</i>	M21413	94
MILIA 1709	0	0.01	0	<i>Meiothermus</i> sp. L-s-R2A-4C.2	AM229086	99
MILIA 1845	0	0.01	0	<i>Thermus</i> sp. SRI-96	AF255590	99
MILIA 2066	0	0	0.05	<i>Deinococcus marmoris</i> (T)	AJ585986	100
MILIA 2265	0	0	0.02	<i>Deinococcus radiodurans</i> R1	AE000513	96
MILIA 2444	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ532354	95
MILIA 2464	0	0	0.02	<i>Thermus antranikianii</i>	Y18413	97
MILIA 2482	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ072152	95
<i>Firmicutes</i> : 439 phylotypes, 3052 sequences						
MILIA 146	0.71	1.02	0.60	uncultured bacterium	AY958839	100
MILIA 174	0.78	1.15	1.26	uncultured bacterium	DQ532146	100
MILIA 7	0.88	0	0	<i>Bacillus massiliensis</i>	DQ350816	100
MILIA 8	0.61	0.25	0.92	uncultured <i>Streptococcus</i> sp.	AF408263	100
MILIA 108	0.59	0.15	0	<i>Planifilum yunnanense</i> (T)	DQ119659	100
MILIA 135	0.31	0.75	0.62	uncultured <i>Streptococcus</i> sp.	AM420131	100
MILIA 154	0.58	0.86	0.78	<i>Staphylococcus succinus</i> (T)	AJ320272	100
MILIA 222	0.58	0.94	0.69	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	FJ357586	100
MILIA 243	0.84	0	0	<i>Bacillus</i> sp. TAT105	AB066342	100
MILIA 304	0.26	0.10	0.58	uncultured bacterium	FM873779	100
MILIA 19	0.02	0	0.02	uncultured bacterium	HM303479	99
MILIA 21	0.28	0	0	uncultured <i>Bacillus</i> sp.	GU214150	100
MILIA 25	0.08	0	0	<i>Bacillus massiliensis</i>	DQ350822	100
MILIA 27	0.03	0	0	uncultured bacterium	HM124170	100
MILIA 40	0.10	0.07	0.05	<i>Planococcus maritimus</i>	AY428552	100
MILIA 45	0.43	0.26	0.31	uncultured bacterium	GQ079963	100
MILIA 46	0.02	0	0	uncultured bacterium	EF402245	100
MILIA 47	0.12	0	0	<i>Bacillus</i> sp. IDA4919	AY289496	100
MILIA 62	0.05	0	0.02	uncultured bacterium	AY959012	100
MILIA 68	0.18	0	0	uncultured bacterium	HM036011	97
MILIA 70	0.03	0.04	0	uncultured bacterium	FM996506	99
MILIA 82	0.07	0	0	<i>Pediococcus acidilactici</i> (T)	AJ305320	100
MILIA 96	0.40	0	0	<i>Bacillus</i> sp. TH64	AB066346	99
MILIA 97	0.02	0	0	<i>Allobaculum stercoricanis</i> (T)	AJ417075	99
MILIA 102	0.02	0	0	<i>Clostridiales</i> bacterium CA62N	GQ405534	91
MILIA 107	0.17	0	0	<i>Thermoactinomyces vulgaris</i>	EU430570	100
MILIA 116	0.03	0.01	0.09	uncultured bacterium	HM322708	100
MILIA 119	0.48	0.37	0.22			
MILIA 121	0.02	0	0	uncultured bacterium	HQ716440	98
MILIA 126	0.05	0	0	uncultured bacterium	HM036055	96
MILIA 131	0.15	0	0	<i>Clostridium thermosuccinogenes</i>	Y18180	100
MILIA 134	0.10	0.01	0	<i>Weissella paramesenteroides</i>	AB362621	100
MILIA 138	0.12	0.03	0.28	<i>Lactococcus lactis</i> subsp. <i>lactis</i>	EU872259	99
MILIA 141	0.07	0	0	<i>Thermobacillus xylanilyticus</i> (T)	AJ005795	100
MILIA 156	0.08	0	0	<i>Bacillus</i> sp. TAT105	AB066342	100
MILIA 166	0.12	0.04	0			
MILIA 171	0.17	0	0.02	<i>Bacillus smithii</i>	AY373319	100
MILIA 172	0.26	0	0	<i>Thermoactinomyces intermedius</i> (T)	AF138734	98
MILIA 177	0.02	0	0	<i>Thermoanaerobacterium thermosulfurigenes</i> (T)	L09171	100
MILIA 192	0.03	0.04	0	<i>Leuconostoc inhae</i>	AY117686	99
MILIA 193	0.10	0	0	<i>Thermoactinomycetaceae</i> bacterium JFMB-ATE	FN665656	100
MILIA 218	0.18	0.03	0.14	uncultured bacterium	DQ860056	100
MILIA 219	0.07	0.01	0.05	uncultured bacterium	JF179281	100
MILIA 224	0.08	0.03	0	uncultured bacterium	HQ716579	99
MILIA 229	0.03	0.04	0	uncultured bacterium	FJ671643	100
MILIA 230	0.10	0	0	<i>Brevibacillus thermoruber</i>	AY196006	100

MILIA 240	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM873179	100
MILIA 248	0.18	0.19	0.38	<i>Staphylococcus sp. J33</i>	AB167056	100
MILIA 250	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU455999	99
MILIA 254	0.03	0.01	0			
MILIA 261	0.20	0	0	<i>Thermoactinomyces intermedius (T)</i>	AF138734	100
MILIA 264	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM036001	100
MILIA 265	0.05	0	0	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667232	97
MILIA 267	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM930339	100
MILIA 271	0.02	0	0	<i>Bacillus licheniformis</i>	HM006908	99
MILIA 277	0.30	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ266896	100
MILIA 285	0.18	0.01	0	<i>Enterococcus casseliflavus</i>	EF199997	99
MILIA 291	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY212768	100
MILIA 296	0.08	0.10	0.08	<i>Anaerococcus octavius (T)</i>	Y07841	100
MILIA 301	0.12	0.03	0	<i>Bacillus tusciae DSM 2912</i>	CP002017	91
MILIA 308	0.02	0	0	<i>Thermoactinomyces intermedius (T)</i>	AF138734	96
MILIA 309	0.03	0.09	0.02	<i>Lactobacillus delbrueckii subsp. bulgaricus</i>	AY675257	100
MILIA 311	0.03	0	0	<i>Desulfitobacterium sp. CR1</i>	AB299029	97
MILIA 323	0.07	0	0	<i>Lactobacillus fermentum</i>	AY373589	100
MILIA 328	0.12	0.28	0.05	<i>Lactobacillus jensenii</i>	AF243153	100
MILIA 330	0.05	0	0			
MILIA 336	0.02	0	0			
MILIA 341	0.18	0	0	<i>Bacillus ginsengihumi (T)</i>	AB245378	100
MILIA 344	0.05	0.07	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY959124	100
MILIA 346	0.13	0	0	<i>Geobacillus caldxylosilyticus</i>	AY608949	100
MILIA 352	0.10	0	0.02	<i>Turicibacter sanguinis (T)</i>	AF349724	100
MILIA 358	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM500758	99
MILIA 362	0.13	0.01	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	EF405405	100
MILIA 365	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY978079	100
MILIA 374	0.03	0.03	0.06	<i>Bacillus sp.</i>	AB020197	100
MILIA 377	0.08	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ905704	100
MILIA 378	0.10	0.22	0.06	<i>rumen bacterium enrichment culture clone RDX8B8</i>	GU169433	100
MILIA 380	0.07	0.01	0	<i>Clostridiales bacterium CA62N</i>	GQ405534	91
MILIA 387	0.05	0	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	AJ408979	100
MILIA 396	0.10	0	0	<i>Lactobacillus sakei</i>	AB124845	100
MILIA 399	0.03	0.03	0.23	<i>Lactobacillus reuteri</i>	X76328	100
MILIA 400	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ795953	100
MILIA 403	0.02	0	0	<i>uncultured Lactobacillus sp.</i>	HM046568	100
MILIA 404	0.10	0.15	0.02	<i>Lactobacillus sp. DJF_B156</i>	EU728716	100
MILIA 406	0.03	0.06	0.03	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	FJ357586	100
MILIA 408	0.03	0	0	<i>Allobaculum stercoricanis (T)</i>	AJ417075	100
MILIA 415	0.05	0	0	<i>Ureibacillus composti (T)</i>	DQ348071	100
MILIA 417	0.07	0	0	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667382	96
MILIA 420	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FN436103	100
MILIA 424	0.12	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU462827	98
MILIA 435	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ887926	97
MILIA 450	0.02	0	0	<i>Bacillus sp. YT0042</i>	AB362831	99
MILIA 453	0.02	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EF399598	100
MILIA 457	0.03	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM930318	99
MILIA 460	0.17	0.35	0.26	<i>uncultured bacterium</i>	JF089645	100
MILIA 462	0.03	0	0	<i>Clostridiales bacterium oral clone MCE3_9</i>	AF481208	99
MILIA 464	0.02	0	0	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667152	97
MILIA 470	0.03	0	0	<i>Virgibacillus sediminis (T)</i>	AY121430	100
MILIA 476	0.08	0	0	<i>Ureibacillus thermosphaericus (T)</i>	AB101594	100
MILIA 482	0.05	0.01	0.05	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	FJ357586	100
MILIA 485	0.03	0	0	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667232	97
MILIA 505	0.02	0.04	0.02	<i>Lactobacillus salivarius</i>	AF335475	100
MILIA 513	0.07	0	0	<i>Virgibacillus sediminis (T)</i>	AY121430	100
MILIA 516	0.10	0.09	0.06	<i>Staphylococcus sp. TSWCSN34</i>	GQ284365	100
MILIA 524	0.05	0	0	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667240	100
MILIA 532	0.07	0.10	0	<i>Macrococcus lamae (T)</i>	AY119687	100
MILIA 533	0.03	0	0	<i>Alicyclobacillus acidocaldarius subsp. acidocaldarius</i>	AB042056	99
MILIA 536	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM124170	99
MILIA 538	0.08	0	0	<i>Bacillus sp. N6</i>	AB043854	100
MILIA 558	0.02	0.01	0.02	<i>Staphylococcus sp. Zp4</i>	DQ659595	100
MILIA 563	0.03	0	0	<i>uncultured Lactobacillus sp.</i>	HM112006	98
MILIA 570	0.03	0.01	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM873032	100
MILIA 571	0.02	0	0	<i>Bacillus sp. TAT105</i>	AB066342	99
MILIA 577	0.12	0	0	<i>Oceanobacillus caeni (T)</i>	AB275883	100
MILIA 578	0.02	0.01	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AY958797	98
MILIA 585	0.05	0	0	<i>Bacillus massiliensis</i>	DQ350816	100
MILIA 586	0.02	0	0	<i>Bacillus foraminis</i>	GQ903408	92
MILIA 587	0.02	0.22	0.31	<i>Streptococcus sp. oral clone AY020</i>	AF385545	100
MILIA 589	0.08	0.01	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	HM021402	98
MILIA 591	0.05	0	0	<i>Mogibacterium neglectum (T)</i>	AB037875	100
MILIA 594	0.05	0.01	0	<i>Lactobacillus ingluviei</i>	AF308146	100
MILIA 595	0.03	0	0.02	<i>Peptoniphilus lacrimalis (T)</i>	AF542230	100
MILIA 596	0.08	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ445787	93
MILIA 597	0.02	0	0	<i>Clostridium thermosuccinogenes</i>	Y18180	100
MILIA 602	0.02	0	0	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667152	95
MILIA 613	0.03	0	0	<i>Mogibacterium neglectum (T)</i>	AB037875	99
MILIA 617	0.05	0.03	0.15	<i>uncultured bacterium</i>	HM322708	100

MILIA 618	0.02	0.10	0.02	uncultured bacterium	GQ898521	100
MILIA 619	0.07	0	0	uncultured bacterium	AB274501	98
MILIA 621	0.02	0	0			
MILIA 625	0.03	0	0	uncultured compost bacterium	FN667232	97
MILIA 628	0.02	0	0.02	uncultured bacterium	GQ023082	100
MILIA 631	0.02	0	0	<i>Bacillus</i> sp. TAT105	AB066342	99
MILIA 633	0.02	0	0	uncultured bacterium	DQ905021	99
MILIA 635	0.10	0	0	<i>Aeribacillus pallidus</i>	GU936608	98
MILIA 637	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF112549	98
MILIA 640	0.10	0	0	<i>Bacillus</i> sp. TS-3	AB063312	100
MILIA 642	0.02	0	0	uncultured bacterium	EF558954	96
MILIA 647	0.08	0	0.02	<i>Anaerococcus lactolyticus</i> (T)	AF542233	100
MILIA 652	0.05	0.26	0.31	<i>Streptococcus</i> sp. oral clone AY020	AF385545	100
MILIA 654	0.07	0.10	0.03	<i>Peptoniphilus</i> sp. 2002-38328	AY244778	100
MILIA 667	0.02	0	0			
MILIA 671	0.03	0.04	0.03	<i>Staphylococcus pasteurii</i>	EU373323	100
MILIA 676	0.02	0	0	<i>Streptococcus mitis</i>	EU200182	99
MILIA 688	0.08	0.01	0.03	proteobacterium symbiont of <i>Nilaparvata lugens</i>	FJ774964	100
MILIA 691	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF121341	100
MILIA 700	0.03	0	0.02	uncultured bacterium	EF398275	100
MILIA 712	0.03	0	0	uncultured compost bacterium	FN667152	95
MILIA 713	0.02	0.07	0.03	<i>Finegoldia magna</i>	AY169425	100
MILIA 724	0.10	0	0	<i>Laceyella sacchari</i>	AF138738	100
MILIA 728	0.02	0	0	uncultured bacterium	DQ818410	98
MILIA 737	0.03	0.03	0.06	uncultured bacterium	FM873319	100
MILIA 738	0.03	0.06	0.03	<i>Exiguobacterium</i> sp. AT1b	CP001615	100
MILIA 740	0.02	0	0	<i>Bacillus massiliensis</i>	DQ350822	100
MILIA 741	0.03	0.09	0.05	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	EU652069	100
MILIA 754	0.02	0	0	<i>Lactobacillus helveticus</i> DPC 4571	CP000517	100
MILIA 757	0.07	0	0	uncultured bacterium	GQ029056	100
MILIA 761	0.07	0	0	uncultured bacterium	GQ264258	100
MILIA 766	0.03	0	0			
MILIA 774	0.07	0	0.11	uncultured bacterium	AJ408979	100
MILIA 775	0.02	0.01	0	<i>Bacillus tusciae</i> (T)	AB042062	91
MILIA 780	0.02	0	0	<i>Bacillus ginsengihumi</i> (T)	AB245378	100
MILIA 797	0.05	0.03	0	<i>Peptoniphilus</i> sp. gpac063	AM176526	100
MILIA 799	0.02	0	0	<i>Planifilum yunnanense</i> (T)	DQ119659	99
MILIA 801	0.03	0	0			
MILIA 804	0.03	0.01	0.02	<i>Ruminococcus bromii</i>	X85099	100
MILIA 812	0.02	0.01	0	<i>Clostridiales</i> bacterium CA62N	GQ405534	91
MILIA 815	0.03	0	0	<i>Thermoactinomyces intermedius</i> (T)	AF138734	98
MILIA 823	0.02	0.03	0.02	uncultured bacterium	GQ001241	100
MILIA 833	0.02	0	0	<i>Lactobacillus oligofermentans</i>	AY733083	100
MILIA 840	0.02	0	0	uncultured bacterium	AY958961	100
MILIA 841	0.02	0	0	uncultured compost bacterium	FN667152	97
MILIA 842	0.02	0	0	<i>Planifilum yunnanense</i> (T)	DQ119659	100
MILIA 843	0.07	0	0	uncultured bacterium	DQ804000	100
MILIA 847	0.02	0	0	<i>Bacillus coagulans</i>	AB116143	100
MILIA 849	0.05	0.07	0.11	uncultured bacterium	JF143696	100
MILIA 854	0.02	0	0			
MILIA 857	0.05	0.04	0.14	<i>Candidatus Peptoniphilus massiliensis</i>	FR798912	100
MILIA 860	0.02	0	0.03	uncultured bacterium	FM873221	99
MILIA 862	0.02	0	0.03	uncultured bacterium	EF398286	100
MILIA 869	0.02	0	0	uncultured bacterium	GQ458238	99
MILIA 873	0.02	0	0	uncultured compost bacterium	FN667232	96
MILIA 878	0.02	0	0			
MILIA 882	0.05	0	0	uncultured bacterium	AM930332	100
MILIA 886	0.03	0	0	uncultured bacterium	GQ019940	99
MILIA 899	0.03	0.03	0.02	uncultured bacterium	HM263043	100
MILIA 909	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM248247	99
MILIA 911	0.02	0	0	uncultured compost bacterium	FN667152	95
MILIA 915	0.02	0	0			
MILIA 918	0.02	0.01	0	hyperthermophilic bacterium OGL-7B	AF517773	99
MILIA 920	0.02	0	0.08	<i>Enterococcus cecorum</i> (T)	AF061009	100
MILIA 923	0.05	0	0	uncultured <i>Lactobacillus</i> sp.	AY370183	100
MILIA 939	0.07	0	0	uncultured <i>Bacillales</i> bacterium	HQ183748	99
MILIA 954	0.07	0.01	0	uncultured compost bacterium	FN667173	100
MILIA 956	0.02	0	0	uncultured bacterium	EU234087	100
MILIA 963	0.02	0	0	<i>Planifilum yunnanense</i> (T)	DQ119659	99
MILIA 972	0.03	0	0	<i>Sporanaerobacter</i> sp. CSBEL	HQ534365	100
MILIA 975	0.02	0	0	<i>Peptoniphilus</i> sp. 2002-2300004	AY244779	100
MILIA 979	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM362519	97
MILIA 992	0.02	0.10	0.03	uncultured bacterium	EU462837	100
MILIA 1003	0.02	0	0	uncultured bacterium	HQ716166	98
MILIA 1004	0.02	0.04	0	uncultured bacterium	GQ116282	100
MILIA 1007	0.02	0	0	<i>Paenibacillus pocheonensis</i>	AB245386	100
MILIA 1019	0.02	0	0	<i>Lactobacillus jensenii</i>	AF243153	100
MILIA 1029	0.02	0	0			
MILIA 1032	0.02	0	0	uncultured bacterium	FM875297	96
MILIA 1036	0.02	0	0			
MILIA 1046	0	0.07	0.03	<i>Staphylococcus vitulinus</i>	AM062694	100

MILIA 1089	0	0.07	0	uncultured compost bacterium	FN667382	98
MILIA 1097	0	0.01	0	uncultured bacterium	FM872779	99
MILIA 1102	0	0.03	0	uncultured bacterium	DQ819190	98
MILIA 1108	0	0.09	0.14	<i>Paenibacillus filicis</i>	GQ423055	94
MILIA 1113	0	0.04	0	uncultured bacterium	DQ816401	100
MILIA 1126	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	GQ077148	100
MILIA 1129	0	0.03	0.03	uncultured <i>Streptococcus</i> sp.	AF408263	100
MILIA 1137	0	0.19	0.02	uncultured bacterium DA056	X99966	100
MILIA 1152	0	0.01	0	uncultured bacterium	AY975507	100
MILIA 1154	0	0.01	0	uncultured bacterium	FM873903	99
MILIA 1194	0	0.07	0	<i>Bacillus</i> sp. NN106	AJ973278	100
MILIA 1200	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	DQ806688	100
MILIA 1210	0	0.09	0	uncultured <i>Streptococcus</i> sp.	AF408263	100
MILIA 1214	0	0.06	0	uncultured <i>Clostridiales</i> bacterium	AM420048	100
MILIA 1221	0	0.10	0	uncultured bacterium	EU844553	100
MILIA 1224	0	0.04	0	uncultured <i>Mycoplasmataceae</i> bacterium	AY539726	95
MILIA 1238	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM257265	99
MILIA 1241	0	0.04	0	uncultured bacterium	HM332786	100
MILIA 1257	0	0.03	0.09	<i>Bacillus niacini</i> (T)	AB021194	100
MILIA 1264	0	0.01	0.02	uncultured bacterium	JF152747	100
MILIA 1269	0	0.03	0.02	uncultured bacterium	JF128699	100
MILIA 1275	0	0.04	0	<i>Clostridium perfringens</i>	Y12669	100
MILIA 1277	0	0.07	0	uncultured bacterium	AF371779	100
MILIA 1279	0	0.07	0.09	uncultured bacterium	HM313075	100
MILIA 1285	0	0.01	0			
MILIA 1286	0	0.03	0	uncultured bacterium	EF063611	92
MILIA 1288	0	0.01	0	uncultured compost bacterium	FN667382	96
MILIA 1293	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF142744	100
MILIA 1295	0	0.07	0	uncultured bacterium	EU453809	100
MILIA 1306	0	0.03	0	uncultured bacterium	DQ904955	99
MILIA 1309	0	0.07	0.06	<i>Aerosphaera taetra</i>	AJ279038	98
MILIA 1316	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	EF403475	100
MILIA 1330	0	0.04	0.08	uncultured bacterium	HM326774	100
MILIA 1350	0	0.09	0.05	<i>Granulicatella elegans</i> (T)	AF016390	100
MILIA 1351	0	0.01	0.11	uncultured bacterium	DQ777933	100
MILIA 1352	0	0.04	0	uncultured <i>Clostridium</i> sp.	AY685918	98
MILIA 1354	0	0.03	0.02	uncultured bacterium	EU244054	100
MILIA 1358	0	0.15	0	uncultured bacterium	FJ375914	100
MILIA 1370	0	0.03	0.02	<i>Peptoniphilus gorbachii</i>	DQ911241	98
MILIA 1378	0	0.01	0	bacterium H17(2009)	GQ389782	100
MILIA 1383	0	0.03	0	uncultured <i>Jeotgalibacillus</i> sp.	DQ069205	99
MILIA 1384	0	0.04	0	<i>Globicatella sulfidifaciens</i> (T)	AJ297627	100
MILIA 1386	0	0.01	0.14	uncultured <i>Peptostreptococcus</i> sp.	AF408269	99
MILIA 1390	0	0.03	0	<i>Lactobacillus acetotolerans</i>	FR683099	98
MILIA 1391	0	0.06	0	uncultured bacterium	FM873550	100
MILIA 1396	0	0.07	0.03	uncultured <i>Lactococcus</i> sp.	AB089061	100
MILIA 1400	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF163403	100
MILIA 1420	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ175337	99
MILIA 1426	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ071036	99
MILIA 1439	0	0.12	0.18	uncultured bacterium	EF402419	100
MILIA 1443	0	0.01	0	uncultured bacterium	EF404022	100
MILIA 1454	0	0.01	0.06	<i>Peptoniphilus</i> sp. WAL 1998L	EU526290	100
MILIA 1473	0	0.03	0	uncultured bacterium	AM697346	100
MILIA 1484	0	0.09	0	<i>Thermobacillus xylanilyticus</i> (T)	AJ005795	99
MILIA 1489	0	0.09	0	marine bacterium P_wp0225	AY188939	100
MILIA 1500	0	0.01	0	uncultured bacterium	EU844187	98
MILIA 1505	0	0.04	0.37	uncultured bacterium	AY975981	100
MILIA 1528	0	0.01	0	uncultured bacterium	DQ905312	100
MILIA 1537	0	0.03	0.02	uncultured <i>Veillonella</i> sp.	AF366266	99
MILIA 1543	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM332786	100
MILIA 1553	0	0.03	0	uncultured bacterium	EF403930	100
MILIA 1555	0	0.03	0	uncultured bacterium adhufec269	AF132255	100
MILIA 1561	0	0.06	0	<i>Eubacterium</i> sp. oral clone BU061	AF385567	100
MILIA 1570	0	0.04	0	uncultured bacterium	HM247565	99
MILIA 1575	0	0.06	0.02	uncultured bacterium	AY916175	100
MILIA 1585	0	0.03	0	<i>Carnobacterium inhibens</i> (T)	Z73313	100
MILIA 1606	0	0.01	0	uncultured bacterium	GQ897673	100
MILIA 1628	0	0.03	0	<i>Leuconostoc mesenteroides</i>	AY675249	100
MILIA 1631	0	0.01	0	<i>Streptococcus suis</i>	AF284578	100
MILIA 1641	0	0.06	0			
MILIA 1672	0	0.01	0.03	uncultured bacterium	GQ036931	99
MILIA 1684	0	0.01	0.02	<i>Peptoniphilus</i> sp. WAL 1998L	EU526290	98
MILIA 1704	0	0.01	0	uncultured bacterium	GU325833	90
MILIA 1711	0	0.01	0.02	<i>Exiguobacterium indicum</i>	GQ284483	99
MILIA 1712	0	0.03	0	uncultured bacterium	AB506437	100
MILIA 1723	0	0.01	0	unidentified bacterium ZF3	AJ404681	98
MILIA 1725	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ014223	98
MILIA 1730	0	0.01	0	uncultured <i>Firmicutes</i> bacterium	FR749727	98
MILIA 1739	0	0.01	0.03	uncultured bacterium	JF062319	100
MILIA 1758	0	0.01	0	<i>Streptococcus genomosp. C6</i>	AY278634	100
MILIA 1767	0	0.01	0	uncultured bacterium adhufec236	AF132250	100

MILIA 1775	0	0.01	0	<i>Alkaliphilus metalliredigens</i> QYMF	CP000724	100
MILIA 1785	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF189513	100
MILIA 1786	0	0.01	0	<i>Streptococcus bovis</i>	AF396922	99
MILIA 1794	0	0.01	0	<i>Lactobacillus amylovorus</i> GRL 1118	CP002609	100
MILIA 1800	0	0.01	0.02	<i>uncultured Clostridium</i> sp.	GQ468582	100
MILIA 1805	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF211763	100
MILIA 1806	0	0.03	0	<i>Clostridium</i> sp. SW001	HM755724	98
MILIA 1809	0	0.01	0			
MILIA 1816	0	0.01	0	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667127	99
MILIA 1817	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ368359	100
MILIA 1823	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY959124	99
MILIA 1828	0	0.01	0			
MILIA 1832	0	0.01	0	<i>Clostridium</i> sp. enrichment culture clone VanCtr99	HQ222294	99
MILIA 1849	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ029883	99
MILIA 1852	0	0.01	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM248202	99
MILIA 1854	0	0.01	0	<i>Sarcina ventriculi</i>	AF110272	100
MILIA 1855	0	0.01	0.05	<i>Alicyclobacillus pohliae</i>	AJ607431	98
MILIA 1862	0	0.01	0	<i>uncultured Paenibacillus</i> sp.	GU214160	94
MILIA 1866	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY959179	100
MILIA 1868	0	0.01	0	<i>Planifilum fimeticola</i> (T)	AB088364	100
MILIA 1872	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	GU325833	90
MILIA 1874	0	0.01	0	<i>Lactobacillus murinus</i> (T)	AJ621554	100
MILIA 1878	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	JF120799	98
MILIA 1884	0	0	0.02	<i>Exiguobacterium</i> sp. JL-47	AY745850	100
MILIA 1892	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	DQ325623	100
MILIA 1898	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ366892	100
MILIA 1900	0	0	0.02	<i>Clostridium</i> sp. YIT 12069	AB491207	94
MILIA 1905	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AM697440	98
MILIA 1915	0	0	0.09	<i>uncultured bacterium</i>	EF404548	100
MILIA 1925	0	0	0.09	<i>uncultured bacterium</i>	FJ672416	98
MILIA 1926	0	0	0.15	<i>uncultured bacterium</i>	DQ804666	100
MILIA 1928	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM278938	100
MILIA 1933	0	0	0.02	<i>Streptococcus agalactiae</i> (T)	AB023574	99
MILIA 1947	0	0	0.06	<i>Clostridium bartlettii</i>	AY438672	100
MILIA 1949	0	0	0.12	<i>uncultured bacterium</i>	EU461777	100
MILIA 1958	0	0	0.18	<i>uncultured bacterium</i>	HM256608	100
MILIA 1960	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	DQ905845	100
MILIA 1981	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EU462837	100
MILIA 1990	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM254198	100
MILIA 1996	0	0	0.06	<i>Bacillus</i> sp. GSP29	AY505513	99
MILIA 1998	0	0	0.06	<i>Staphylococcaceae bacterium</i> NML 92-0017	AY841362	100
MILIA 2000	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EF404527	100
MILIA 2002	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EU469459	100
MILIA 2008	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ905586	99
MILIA 2013	0	0	0.02	<i>Paenibacillus validus</i>	AF353697	94
MILIA 2019	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FM873553	100
MILIA 2022	0	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	GQ898369	100
MILIA 2031	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EF402554	100
MILIA 2038	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EF402143	100
MILIA 2039	0	0	0.02	<i>Eubacterium sulci</i> (T)	AJ006963	100
MILIA 2044	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	DQ794440	100
MILIA 2047	0	0	0.03	<i>Streptococcus thermophilus</i>	X68418	99
MILIA 2082	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ905927	100
MILIA 2084	0	0	0.09	<i>uncultured bacterium</i>	AF371571	100
MILIA 2099	0	0	0.02	<i>Streptococcus thermophilus</i>	X68418	95
MILIA 2101	0	0	0.09	<i>uncultured bacterium</i>	AF371797	100
MILIA 2116	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	DQ905724	99
MILIA 2120	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AM275443	100
MILIA 2122	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	EF399958	100
MILIA 2135	0	0	0.02	<i>uncultured Peptostreptococcus</i> sp.	AF408269	99
MILIA 2143	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AY958901	99
MILIA 2147	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	HM263043	98
MILIA 2153	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	JF166797	100
MILIA 2158	0	0	0.02			
MILIA 2159	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FM873566	100
MILIA 2160	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ003924	100
MILIA 2164	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EU474545	99
MILIA 2177	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AY959163	100
MILIA 2185	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AY959088	100
MILIA 2186	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	EU939394	100
MILIA 2189	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ905856	100
MILIA 2190	0	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	DQ238609	100
MILIA 2191	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM274496	100
MILIA 2196	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ087947	97
MILIA 2198	0	0	0.03	<i>uncultured Peptostreptococcus</i> sp.	EU644476	100
MILIA 2199	0	0	0.03	<i>Bacillus</i> sp. 7327	AM111065	100
MILIA 2221	0	0	0.02	<i>Alicyclobacillus pohliae</i>	AJ607431	98
MILIA 2222	0	0	0.02	<i>Clostridiales bacterium</i> CA62N	GQ405534	91
MILIA 2223	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ800984	100
MILIA 2225	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	AM183109	97
MILIA 2230	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	DQ325759	100

MILIA 2231	0	0	0.11	<i>Clostridium</i> sp. TO-931	AF262237	100
MILIA 2232	0	0	0.11	swine effluent bacterium BBDP25	DQ337504	100
MILIA 2239	0	0	0.03	<i>Clostridium</i> sp. cTPY-17	AY239462	100
MILIA 2247	0	0	0.02	uncultured bacterium	JF151932	100
MILIA 2251	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ796070	100
MILIA 2252	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM248596	100
MILIA 2262	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ068237	100
MILIA 2264	0	0	0.06	uncultured bacterium	AY959109	98
MILIA 2267	0	0	0.03	butyrate-producing bacterium L2-50	AJ270491	100
MILIA 2268	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ325755	100
MILIA 2277	0	0	0.02	uncultured bacterium	EF403258	98
MILIA 2281	0	0	0.05	butyrate-producing bacterium A2-231	AJ270484	100
MILIA 2283	0	0	0.02	uncultured bacterium	EU462837	100
MILIA 2285	0	0	0.02	uncultured bacterium	FM873871	97
MILIA 2306	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM276639	99
MILIA 2307	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ002752	100
MILIA 2310	0	0	0.03	<i>Streptococcus agalactiae</i> (T)	AB023574	100
MILIA 2314	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ084018	96
MILIA 2315	0	0	0.05	uncultured bacterium	EU472226	100
MILIA 2329	0	0	0.02	uncultured bacterium	AY976048	100
MILIA 2331	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM262006	100
MILIA 2333	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM324452	100
MILIA 2335	0	0	0.02	uncultured bacterium	EU462837	100
MILIA 2341	0	0	0.03	<i>Eubacterium dolichum</i> (T)	L34682	97
MILIA 2348	0	0	0.05	uncultured bacterium	HM036047	97
MILIA 2353	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU885014	100
MILIA 2358	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF404993	100
MILIA 2361	0	0	0.03	bacterium YE64	AY442828	91
MILIA 2363	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM873757	100
MILIA 2369	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ801499	99
MILIA 2371	0	0	0.02	uncultured bacterium	EU864461	100
MILIA 2372	0	0	0.11	<i>Clostridium</i> sp. YIT 12069	AB491207	94
MILIA 2375	0	0	0.02	iron-reducing bacterium enrichment culture clone HN-HFO106	FJ269105	96
MILIA 2378	0	0	0.02			
MILIA 2384	0	0	0.02	<i>Lactobacillus aviarius</i>	AB175727	100
MILIA 2391	0	0	0.02	<i>Weissella ghanensis</i> (T)	AM882997	100
MILIA 2398	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ905879	100
MILIA 2404	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ158423	100
MILIA 2409	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ045148	100
MILIA 2410	0	0	0.02	uncultured <i>Bacillus</i> sp.	EF636831	100
MILIA 2411	0	0	0.02	uncultured bacterium	FM995640	99
MILIA 2418	0	0	0.02			
MILIA 2419	0	0	0.08	uncultured bacterium	FJ363704	100
MILIA 2422	0	0	0.02	uncultured bacterium	FJ680607	99
MILIA 2427	0	0	0.02	uncultured Firmicutes bacterium	EF071399	100
MILIA 2431	0	0	0.02	<i>Streptococcus</i> sp. oral clone EK048	AF385574	99
MILIA 2445	0	0	0.03	<i>Clostridium malenominatum</i>	FR749893	100
MILIA 2450	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ083011	99
MILIA 2452	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ175540	100
MILIA 2463	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ456384	100
MILIA 2466	0	0	0.02			
MILIA 2468	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM335680	98
MILIA 2474	0	0	0.02	<i>Parvimonas micra</i> (T)	AY323523	100
MILIA 2481	0	0	0.02	uncultured bacterium	GQ159236	100
MILIA 2484	0	0	0.02	<i>Lactobacillus</i> sp. ASF360	AF157050	100
MILIA 2493	0	0	0.02	<i>Lactobacillus sanfranciscensis</i>	AJ422037	99
MILIA 2494	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ806032	99
MILIA 2495	0	0	0.02	<i>Carnobacterium</i> sp. BBDP54	DQ337521	98
MILIA 2502	0	0	0.02	uncultured bacterium	AY958800	100
MILIA 2508	0	0	0.02	<i>Paenibacillus validus</i>	AF353697	94
MILIA 2519	0	0	0.03	<i>Carnobacterium</i> sp.	AJ427446	100
MILIA 2521	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM322708	100
MILIA 2536	0	0	0.02	uncultured bacterium	DQ905193	100
MILIA 2537	0	0	0.02	<i>Lactococcus lactis</i>	HQ721275	100
MILIA 2538	0	0	0.02	Clostridiales bacterium CA62N	GQ405534	91
MILIA 2540	0	0	0.02	uncultured bacterium	FM874307	100
MILIA 2541	0	0	0.02	uncultured bacterium	HM276639	100
MILIA 2549	0	0	0.02	uncultured bacterium	AY975357	100
MILIA 2573	0	0	0.02	<i>Geobacillus thermoglucosidasius</i>	DQ298736	99
<i>Fusobacteria</i> : 18 phylotypes, 70 sequences						
MILIA 216	0.05	0	0.03	<i>Streptobacillus moniliformis</i>	AB330754	98
MILIA 758	0.07	0	0	<i>Leptotrichia</i> sp. oral clone GT018	AY349384	99
MILIA 1080	0	0.12	0	uncultured bacterium	DQ814665	97
MILIA 1150	0	0.06	0.02	uncultured bacterium	HM248078	100
MILIA 1215	0	0.01	0	uncultured bacterium	JF150517	98
MILIA 1385	0	0.01	0	uncultured bacterium	FM997008	99
MILIA 1402	0	0.03	0.08	uncultured bacterium	EU511834	100
MILIA 1432	0	0.06	0.05	uncultured <i>Fusobacterium</i> sp.	AM420105	98
MILIA 1576	0	0.07	0.11	<i>Fusobacterium</i> sp. oral clone BS011	AF432130	100
MILIA 1768	0	0.01	0	uncultured bacterium	HM248078	97
MILIA 1899	0	0	0.05	uncultured bacterium	GQ083662	100

MILIA 1920	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	DQ113683	100
MILIA 2046	0	0	0.02	<i>Leptotrichia</i> sp. oral clone IK040	AY349387	99
MILIA 2053	0	0	0.02	<i>Leptotrichia wadei</i>	FJ717336	99
MILIA 2138	0	0	0.09	<i>Fusobacteriaceae bacterium DJF_B254</i>	EU728722	100
MILIA 2396	0	0	0.06	<i>uncultured Leptotrichia</i> sp.	EU644469	100
MILIA 2478	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM321557	100
MILIA 2539	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	JF146485	100
<i>Gemmatimonadetes</i> : 21 phylotypes, 74 sequences						
MILIA 354	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ230809	95
MILIA 471	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ230809	95
MILIA 507	0.03	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ488020	98
MILIA 572	0.07	0.06	0	<i>uncultured Gemmatimonadetes bacterium</i>	AY395343	95
MILIA 748	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF429090	94
MILIA 1030	0.02	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM308066	100
MILIA 1151	0	0.12	0.12	<i>uncultured Gemmatimonadetes bacterium</i>	GQ406203	98
MILIA 1166	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ396950	94
MILIA 1183	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	AB240268	95
MILIA 1923	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	GQ396950	99
MILIA 1940	0	0	0.11	<i>uncultured Gemmatimonadetes bacterium</i>	GQ406203	99
MILIA 1955	0	0	0.09	<i>uncultured bacterium</i>	HQ190412	97
MILIA 1964	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ396950	98
MILIA 1968	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ500743	100
MILIA 2051	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FM873495	96
MILIA 2071	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HQ190412	96
MILIA 2170	0	0	0.05	<i>uncultured bacterium</i>	GQ472363	92
MILIA 2238	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	GQ263700	98
MILIA 2323	0	0	0.02	<i>uncultured Gemmatimonadetes bacterium</i>	GQ406203	99
MILIA 2362	0	0	0.02	<i>uncultured Gemmatimonadales bacterium</i>	AM935162	95
MILIA 2507	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ472363	92
<i>Nitrospira</i> : 1 phylotype, 5 sequences						
MILIA 1305	0	0.04	0.03	<i>Candidatus Nitrospira defluvii</i>	DQ059545	99
<i>OP10</i> : 2 phylotypes, 2 sequences						
MILIA 2155	0	0	0.02	<i>uncultured candidate division OP10 bacterium</i>	JF833904	94
MILIA 2271	0	0	0.02	<i>uncultured candidate division OP10 bacterium</i>	GU214136	97
<i>Planctomycetes</i> : 6 phylotypes, 7 sequences						
MILIA 853	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AB286377	92
MILIA 1001	0.02	0	0	<i>uncultured Planctomycetaceae bacterium</i>	FJ536879	95
MILIA 1605	0	0.03	0	<i>uncultured Planctomycetaceae bacterium</i>	FJ542978	99
MILIA 2144	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ228400	99
MILIA 2432	0	0	0.02	<i>uncultured Planctomycetaceae bacterium</i>	FJ543048	99
MILIA 2545	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	DQ228400	98
<i>Tenericutes</i> : 1 phylotype, 3 sequences						
MILIA 1401	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ897174	100
<i>TM7</i> : 9 phylotypes, 18 sequences						
MILIA 519	0.07	0	0	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	EU283403	92
MILIA 522	0.08	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF167719	100
MILIA 1608	0	0.01	0	<i>uncultured epsilon proteobacterium</i>	AB015558	97
MILIA 1638	0	0.01	0	<i>uncultured candidate division TM7 bacterium</i>	HQ595207	97
MILIA 1733	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM773530	99
MILIA 2017	0	0	0.05	<i>uncultured candidate division TM7 bacterium</i>	AM420132	100
MILIA 2184	0	0	0.02	<i>uncultured soil bacterium</i>	DQ378263	98
MILIA 2194	0	0	0.02	<i>uncultured candidate division TM7 bacterium</i>	JF833736	95
MILIA 2453	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HM251690	100
Unclassified phylotypes: 47 phylotypes, 104 sequences						
MILIA 65	0.03	0	0			
MILIA 122	0.02	0	0			
MILIA 151	0.38	0	0.03			
MILIA 167	0.03	0	0			
MILIA 310	0.08	0	0			
MILIA 376	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AJ306784	93
MILIA 382	0.05	0	0			
MILIA 383	0.02	0	0			
MILIA 423	0.05	0	0			
MILIA 445	0.02	0.09	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FJ479391	99
MILIA 546	0.02	0	0			
MILIA 605	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ936728	93
MILIA 643	0.02	0	0			
MILIA 661	0.02	0	0			
MILIA 752	0.02	0	0			
MILIA 764	0.03	0	0	<i>uncultured soil bacterium</i>	DQ248296	95
MILIA 781	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FN687451	91
MILIA 800	0.02	0	0			
MILIA 813	0.02	0	0			
MILIA 879	0.02	0	0			
MILIA 922	0.02	0	0			
MILIA 1031	0.02	0	0			
MILIA 1035	0.02	0	0			
MILIA 1048	0	0.01	0			
MILIA 1170	0	0.01	0			

MILIA 1207	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF232332	100
MILIA 1226	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU881155	99
MILIA 1273	0	0.03	0			
MILIA 1376	0	0.01	0			
MILIA 1459	0	0.04	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY212715	100
MILIA 1502	0	0.01	0			
MILIA 1646	0	0.01	0			
MILIA 1813	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ487942	96
MILIA 1970	0	0	0.03			
MILIA 1980	0	0	0.05			
MILIA 2055	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	FR749810	92
MILIA 2095	0	0	0.02			
MILIA 2145	0	0	0.02			
MILIA 2150	0	0	0.02	<i>uncultured Anaerolineae bacterium</i>	AM935066	100
MILIA 2172	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ487942	90
MILIA 2207	0	0	0.02	<i>uncultured endolithic bacterium</i>	AB374381	96
MILIA 2211	0	0	0.02			
MILIA 2242	0	0	0.02	<i>uncultured endolithic bacterium</i>	AB374381	95
MILIA 2278	0	0	0.02			
MILIA 2400	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	JF417817	98
MILIA 2407	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	HQ856352	97
MILIA 2566	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	JF098133	94
<i>Verrucomicrobia</i> : 12 phylotypes, 23 sequences						
MILIA 763	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY212589	98
MILIA 1122	0	0.04	0.02	<i>uncultured soil bacterium</i>	DQ297961	99
MILIA 1128	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ487997	99
MILIA 1267	0	0.04	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	GQ480097	98
MILIA 1433	0	0.07	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ710722	98
MILIA 1644	0	0.01	0	<i>uncultured Verrucomicrobiales bacterium</i>	FJ542833	100
MILIA 1710	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ612188	100
MILIA 1834	0	0.01	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ612188	99
MILIA 2388	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	FJ444758	96
MILIA 2395	0	0	0.02	<i>uncultured Verrucomicrobia bacterium</i>	FM877555	100
MILIA 2416	0	0	0.02	<i>uncultured Verrucomicrobia bacterium</i>	EU979021	99
MILIA 2435	0	0	0.02	<i>uncultured bacterium</i>	AB062814	96

IV ANNEXE D : MATERIEL SUPPLEMENTAIRE PROVENANT DE L'ARTICLE 3.

Ce tableau regroupe l'ensemble des phylotypes bactériens identifiés dans le cadre de l'article 3, alors que le tableau présenté dans l'article répertorie seulement les phylotypes dont l'abondance était supérieure à 1% pour au moins un des environnements d'étude.

Tableau 27 : Phylogenetic positioning and percentage sequence numbers for each bacterial phylotype. For each phylotype, one sequence was deposited in the GenBank database. The accession numbers of bacterial nucleotide sequences were FQ074240–FQ077207.

Phylotypes	Percentage of sequences (%)			Closest relatives	Accession number	Similarity (%)	Origin
	Museum	Office	Hospital				
Acidobacteria: 29 phylotypes, 54 sequences							
IoNA 506	0.09	0	0	uncultured Acidobacterium sp.	GQ302593	98	Water
IoNA 1010	0.05	0	0	uncultured bacterium	DQ532228	97	Clean Room
IoNA 1034	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF417823	98	OE
IoNA 1326	0.02	0	0	uncultured bacterium	FJ479063	96	Soil
IoNA 1452	0.02	0	0	uncultured bacterium	GQ396942	100	Soil
IoNA 1464	0.02	0.03	0.08	uncultured Acidobacteria bacterium	AY571792	100	Soil
IoNA 1473	0.04	0	0	uncultured Acidobacteria bacterium	FN811243	100	Soil
IoNA 1483	0.02	0	0.03	uncultured bacterium	FJ710748	98	OE
IoNA 1572	0.02	0	0	uncultured bacterium	FJ479149	97	Soil
IoNA 1646	0	0.06	0				
IoNA 1652	0	0.03	0	uncultured Acidobacteriales bacterium	EU192996	98	Soil
IoNA 1664	0	0.03	0	uncultured bacterium	EF632805	100	Sediment
IoNA 1751	0	0.12	0				
IoNA 1760	0	0.06	0				
IoNA 1918	0	0.03	0	uncultured bacterium	FJ230900	100	Water
IoNA 2005	0	0.06	0				
IoNA 2035	0	0.03	0	uncultured bacterium	FJ479535	95	Soil
IoNA 2046	0	0.06	0.06	uncultured Acidobacteria bacterium	FR749788	97	Soil
IoNA 2089	0	0.03	0				
IoNA 2204	0	0.03	0	uncultured Acidobacteria bacterium	FR749729	97	Soil
IoNA 2250	0	0	0.06	uncultured soil bacterium	DQ378245	99	Soil
IoNA 2256	0	0	0.06	uncultured bacterium	GQ264356	99	Waste
IoNA 2655	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ129639	98	Air
IoNA 2697	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU676415	100	Soil
IoNA 2733	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ444736	96	OE
IoNA 2751	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ645176	99	Soil
IoNA 2818	0	0	0.03	uncultured Acidobacteria bacterium	AY281354	99	ND
IoNA 2932	0	0	0.03	uncultured prokaryote	GU208471	99	Sediment
IoNA 2965	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ396810	100	Soil
Actinobacteria: 640 phylotypes, 8354 sequences							
IoNA 1	0.28	0.06	0.03	Nocardioides sp. LMG 20237	AJ316318	99	OE
IoNA 2	0.11	0.25	0.36	Aeromicrobium ginsengisoli (T)	AB245394	100	Soil
IoNA 3	7.94	0	0.20	uncultured bacterium	GQ111666	100	Skin
IoNA 10	0.21	0	0	uncultured bacterium	JF043216	100	ND
IoNA 12	0.07	0	0	Pseudonocardia saturnea (T)	AJ252829	98	ND
IoNA 24	0.20	0	0.20	Nocardioides sp. C157	AF253509	100	ND
IoNA 25	0.82	1.20	0.20	Kocuria carniphila (T)	AJ622907	100	ND
IoNA 28	0.02	0	0.03	actinobacterium YNPRH1P-1	AF465644	98	Soil
IoNA 31	0.20	0.28	0.03	Nocardiopsis sp. YIM 80182	AY299632	100	ND
IoNA 33	0.25	0.15	0.03	uncultured bacterium	GQ059712	100	Skin
IoNA 37	3.25	36.33	5.25	Micrococcus luteus	AB023371	100	ND
IoNA 38	0.05	0	0.06	Bifidobacterium longum subsp. longum	AY675246	100	OE
IoNA 40	0.02	0	0	Thermobifida alba	AB562477	98	Compost
IoNA 45	0.02	0.06	0	Saccharopolyspora sp. YIM 61095	EU814512	99	OE
IoNA 46	0.04	0.12	0.28	Thermobifida fusca	AB211018	100	Compost
IoNA 47	0.09	0	0	uncultured bacterium	HQ190310	100	OE
IoNA 48	0.09	0.15	0.11	uncultured bacterium	GQ040776	99	Skin
IoNA 50	0.09	0	0.42	Brevibacterium sp. SW54	HM584795	100	OE
IoNA 51	0.07	0.15	0	Streptomyces albus subsp. albus	DQ026669	98	ND
IoNA 53	0.05	0	0.03	Marmoricola sp. IR27-S3	AB544079	100	Soil
IoNA 58	0.09	0	0.22	Corynebacterium sp. NML 98-0116	GU238412	100	OE
IoNA 60	0.04	0.03	0.17	Corynebacterium glutamicum	AY794056	99	ND
IoNA 61	0.34	3.20	0.17	uncultured bacterium	FM873583	100	Dust
IoNA 69	0.23	0.34	0.53	Curtobacterium sp. VKM Ac-2061	AB042096	100	OE
IoNA 70	0.12	0	0.11	uncultured bacterium	EF632902	100	Sediment
IoNA 74	0.12	0	0.03	Dietzia sp. BBDP49	DQ337508	100	OE
IoNA 77	0.09	0.03	0	Pseudonocardia sp. CNJ888 PL04	DQ448725	98	OE
IoNA 78	0.23	0	0.06	Arthrobacter sp. SH-61B	FN377733	100	Soil

IoNA 79	0.30	0.18	0.08	<i>Pseudonocardia</i> sp. YIM 61043	FJ214340	100	OE
IoNA 80	0.16	0.03	0.08	<i>Arthrobacter agilis</i>	AF511518	100	OE
IoNA 82	0.02	0	0.03	uncultured bacterium	FM874166	100	Dust
IoNA 84	0.05	0	0	<i>Serinicoccus</i> sp. 0714S6-1	EU603762	100	Sediment
IoNA 88	0.25	0	0.08	<i>Brevibacterium</i> sp. MN-6-a	AB609748	100	Soil
IoNA 93	2.38	1.66	1.37	uncultured bacterium	FM873570	100	Dust
IoNA 95	0.14	0.12	0.14	uncultured bacterium	HM308448	100	Skin
IoNA 97	1.31	0.71	0.45	unidentified bacterium	AY345490	99	Sediment
IoNA 98	0.02	0	0	unidentified bacterium	AY345490	98	Sediment
IoNA 102	0.30	0	0.03	uncultured bacterium	GQ111666	100	Skin
IoNA 105	0.14	1.54	0.11	<i>Croceobacterium ilecola</i>	DQ826511	100	OE
IoNA 109	0.04	0	0	<i>Actinomyces</i> cf. <i>urogenitalis</i> M560/98/1	AJ243792	97	ND
IoNA 115	0.07	0	0.06	<i>Cellulomonas biazotea</i>	X79462	99	ND
IoNA 116	0.28	0.09	0.50	<i>Corynebacterium glutamicum</i>	Z46753	100	ND
IoNA 118	0.12	0	0.06	<i>Nocardioideis panaciterrae</i>	AB257719	100	Soil
IoNA 126	0.18	0.06	0	<i>Saccharomonospora azurea</i>	Z38024	100	ND
IoNA 128	0.09	0.06	0.22	uncultured bacterium	HM297516	99	Skin
IoNA 130	0.16	0	0	<i>Rhodococcus</i> sp. Y22	FJ236510	100	Soil
IoNA 131	0.27	0	0.08	uncultured bacterium	GQ046259	100	Skin
IoNA 133	0.02	0.03	0	uncultured bacterium	HQ864180	98	Soil
IoNA 141	0.27	0	0.14	<i>Corynebacterium</i> sp. IMMIB WACC-658	FN295567	100	ND
IoNA 142	0.07	0	0.06	<i>Bifidobacterium bifidum</i>	S83624	100	ND
IoNA 146	0.11	0	0	<i>Actinomyces</i> sp. oral clone CT068	AF385505	100	Human
IoNA 149	0.07	0.95	0.17	<i>Micrococcus luteus</i>	GQ260074	100	Human
IoNA 150	0.09	0	0	<i>Promicromonospora</i> sp. 82449	DQ008600	100	ND
IoNA 153	2.65	2.03	1.31	uncultured bacterium	GQ034508	100	Skin
IoNA 158	0.16	0	0	<i>Amycolatopsis thermoflava</i> (T)	AF052390	100	Soil
IoNA 159	0.37	0.09	0.64	<i>Streptomyces thermodiastaticus</i>	AB018096	100	ND
IoNA 163	0.04	0	0	<i>Streptomyces parvus</i> (T)	DQ442537	100	ND
IoNA 164	0.07	0.28	0.11	<i>Arthrobacter</i> sp. TCCC23001	EU231606	100	ND
IoNA 165	0.02	0	0.17	<i>Rothia</i> sp. CCUG 25688	AJ131122	100	OE
IoNA 168	0.16	0.15	0	<i>Brevibacterium pityocampae</i>	EU484189	100	OE
IoNA 177	0.12	0	0.03	<i>Dietzia cinnamiae</i> (T)	AJ920289	100	Human
IoNA 180	0.28	0.25	0	<i>Saccharothrix</i> sp. NRRL B-16108	AF114810	100	ND
IoNA 181	0.02	0	0	<i>Actinomadura</i> sp. CNU125 PL04	DQ448743	98	Sediment
IoNA 188	0.07	0	0	<i>Nocardioideis aquiterrae</i> (T)	AF529063	98	Water
IoNA 189	0.05	0.12	0.20	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032	BA000036	100	ND
IoNA 190	0.21	0	0.06	uncultured bacterium	FM873770	100	Dust
IoNA 191	1.35	0.65	0.50	<i>Corynebacterium</i> sp. 47081	AF227825	100	OE
IoNA 192	0.04	0.22	0.28	uncultured bacterium	HM303332	100	Skin
IoNA 194	0.67	0	0	uncultured bacterium	GQ111666	100	Skin
IoNA 199	0.18	0.18	0.08	uncultured bacterium	GQ054950	100	Skin
IoNA 201	0.02	0	0	<i>Nonomuraea roseola</i> (T)	AJ278221	95	ND
IoNA 204	0.20	0.25	0.47	<i>Nocardioideis</i> sp. C157	AF253509	100	ND
IoNA 206	0.57	0.37	0.33	<i>Marmoricola</i> sp. MK05	GQ339891	100	Soil
IoNA 207	0.30	0	0	uncultured bacterium	GQ111666	99	Skin
IoNA 212	0.11	0	0	<i>Nonomuraea roseola</i> (T)	AJ278221	100	ND
IoNA 216	0.02	0	0	uncultured <i>Actinomycetales</i> bacterium	EU812985	96	OE
IoNA 217	0.46	0	0.17	<i>Marmoricola</i> sp. BAC242	EU180564	100	OE
IoNA 218	0.16	3.79	0.25	<i>Curtobacterium herbarum</i> (T)	AJ310413	100	Soil
IoNA 220	0.43	0.18	0.17	<i>Agrococcus</i> sp. G2DM-57	DQ416789	100	Soil
IoNA 225	0.16	0.03	0.08	uncultured bacterium	AM697104	100	Dust
IoNA 226	0.02	0.06	0.06	marine actinobacterium YM26-77	AB522644	100	Soil
IoNA 228	0.34	0.89	0.06	<i>Streptomyces griseus</i>	Y15501	100	OE
IoNA 229	0.18	0	0.17	uncultured bacterium	HM305844	100	Skin
IoNA 232	0.05	0.12	0.17	uncultured bacterium	GQ059629	100	Skin
IoNA 236	0.16	0.31	0.03	<i>Nocardioideis exalbidus</i> (T)	AB273624	100	OE
IoNA 238	0.51	0.34	0.25	uncultured bacterium	GQ013730	100	Skin
IoNA 239	0.09	0.15	0.08	<i>Janibacter</i> sp. IV-75	FM179321	100	Water
IoNA 242	0.02	0	0.14	uncultured bacterium	EF558978	100	Waste
IoNA 245	0.23	0	0.25	<i>Actinomyces genomasp.</i> C2	AY278611	100	Human
IoNA 246	0.20	1.51	0.17	<i>Micrococcus antarcticus</i> (T)	AJ005932	100	OE
IoNA 247	0.32	0	0	uncultured bacterium	GQ111666	100	Skin
IoNA 253	0.04	0	0.08	<i>Corynebacterium</i> sp. 25850	AY581881	99	OE
IoNA 255	0.02	0	0	<i>Saccharothrix</i> sp. Hhs.015	GQ284639	100	OE
IoNA 257	0.27	0.15	0.14	<i>Corynebacterium</i> sp. 59614	AY581882	100	OE
IoNA 267	0.04	0	0.03	uncultured bacterium	JF066682	100	Skin
IoNA 269	0.34	0.22	0.39	<i>Janibacter corallicola</i> (T)	AB286023	100	OE
IoNA 271	0.64	0.12	0	<i>Streptomyces</i> sp. s8-203	EF012134	100	Water
IoNA 273	0.27	0	0	<i>Actinomadura</i> sp. 171712	EF546414	99	Water
IoNA 288	0.23	0	0.31	uncultured bacterium	AY959121	100	Human
IoNA 291	0.36	0.71	0.84	uncultured bacterium	HM308448	100	Skin
IoNA 294	0.87	0.31	0.45	uncultured actinobacterium	EF016798	100	Soil
IoNA 304	0.05	0.12	0	actinobacterium P6	DQ351730	100	Soil
IoNA 305	0.07	0.09	0	<i>Blastococcus</i> sp. CNJ868 PL04	DQ448697	98	Sediment
IoNA 306	0.16	0.25	0.31	<i>Nocardioideis</i> sp. S23405	D84616	100	ND
IoNA 312	0.11	0.03	0	uncultured bacterium	EU289498	97	OE
IoNA 313	0.60	0.37	0.75	<i>Arthrobacter agilis</i>	AF511518	100	OE
IoNA 315	0.02	0	0.06	<i>Citricoccus</i> sp. KGN4	AJ919996	100	Water
IoNA 321	0.16	0.06	0.06	uncultured compost bacterium	FN667041	100	Compost
IoNA 330	0.02	0	0	<i>Microbacterium flavescens</i>	EU714363	100	OE

IoNA 331	0.02	0	0	<i>Williamsia muralis</i>	AY785737	99	OE
IoNA 333	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129578	100	Air
IoNA 338	0.14	0	0	<i>Micrococcineae bacterium 4_C16_66</i>	EF540514	100	OE
IoNA 339	0.04	0	0	<i>Luteococcus japonicus</i> (T)	D85487	98	ND
IoNA 344	0.07	0.03	0.11	<i>Microbacterium esteraromaticum</i>	AB099656	100	Waste
IoNA 345	0.04	0.03	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	HM274147	100	Skin
IoNA 346	0.48	0.28	0.06	<i>Streptomyces mycarofaciens</i>	AB184483	100	ND
IoNA 349	0.11	0.06	0.14	<i>Kytococcus sedentarius</i>	AY881239	100	ND
IoNA 354	0.05	0	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	HQ857735	100	Soil
IoNA 355	0.02	0	0	<i>Bifidobacterium</i> sp. oral strain H6-M4	AF385524	100	Human
IoNA 356	0.12	0.03	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF016798	100	Soil
IoNA 359	0.07	0.06	0.17	<i>uncultured bacterium</i>	HM276376	100	Skin
IoNA 363	0.44	0.46	0.36	<i>Corynebacterium genitalium</i>	X84253	100	ND
IoNA 366	0.23	2.12	0.20	<i>Micrococcus</i> sp. TUT1210	AB188213	100	Compost
IoNA 370	0.09	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF417728	100	OE
IoNA 375	0.23	0	0.03	<i>Kribbia</i> sp. JL1069	DQ985060	96	Water
IoNA 377	0.07	0	0.08	<i>Propionimonas paludicola</i>	FR733712	99	ND
IoNA 380	0.02	0	0.03	<i>Micrococcineae bacterium 4_C16_66</i>	EF540514	100	OE
IoNA 383	0.02	0	0	<i>Mycobacterium</i> sp. JS621	AF498659	100	OE
IoNA 387	0.05	0	0	<i>uncultured Nocardioideae bacterium</i>	EF019309	97	OE
IoNA 388	0.12	0.12	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	GQ016187	100	Skin
IoNA 399	0.27	0.22	0.08	<i>Streptomycetaceae bacterium CNQ687</i>	AY464542	100	Sediment
IoNA 403	0.53	0.28	0.25	<i>uncultured bacterium</i>	HM267086	99	Skin
IoNA 407	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ189560	99	Waste
IoNA 408	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ059655	98	Skin
IoNA 412	0.09	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ396982	99	Soil
IoNA 413	0.32	0.68	0.75	<i>marine actinobacterium YM26-77</i>	AB522644	100	Soil
IoNA 418	0.05	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM269194	98	Skin
IoNA 420	0.09	0	0	<i>Leucobacter luti</i> (T)	AM072819	98	Waste
IoNA 421	0.16	0.12	0.06	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF188441	100	OE
IoNA 423	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF178115	99	Skin
IoNA 427	0.07	0.03	0.22	<i>uncultured bacterium</i>	FN421914	100	OE
IoNA 429	0.34	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ111666	100	Skin
IoNA 430	0.11	0.12	0.03	<i>Dietzia maris</i>	AB211025	100	Compost
IoNA 435	0.05	0.06	0	<i>Dermatophilus chelonae</i> (T)	AJ243919	99	ND
IoNA 437	0.23	0.22	0.47	<i>Brachybacterium alimentarium</i> (T)	X91031	100	OE
IoNA 440	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ111666	100	Skin
IoNA 443	0.83	0.55	0.75	<i>Kocuria</i> sp. SA3	AY864652	100	OE
IoNA 444	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM300396	99	Skin
IoNA 445	0.12	0.28	0	<i>Streptomyces sodiiphilus</i> (T)	AY236339	100	ND
IoNA 446	0.11	0.09	0	<i>Streptacidiphilus carbonis</i> (T)	AF074412	100	ND
IoNA 447	0.12	1.20	0.08	<i>Rhodococcus fascians</i>	Y11196	100	ND
IoNA 451	0.18	0.34	0.06	<i>Saccharopolyspora hirsuta</i> subsp. <i>hirsuta</i>	U93341	100	ND
IoNA 460	0.07	0.09	0	<i>Gordonia</i> sp. DEOB200	AY927227	100	ND
IoNA 461	0.05	0.06	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	GQ040776	100	Skin
IoNA 462	0.04	0	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF016798	99	Soil
IoNA 465	0.04	0.28	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	HM276908	100	Skin
IoNA 466	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129359	100	Air
IoNA 468	0.21	0.18	0.14	<i>Arthrobacter globiformis</i>	M23411	100	ND
IoNA 470	0.07	0.06	0	<i>Leifsonia</i> sp. enrichment culture clone Van42	HQ222274	100	OE
IoNA 476	0.37	0.95	0.14	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF016815	100	Soil
IoNA 477	0.21	0.31	0.17	<i>uncultured compost bacterium</i>	HQ912789	100	Compost
IoNA 478	0.09	0.03	0.20	<i>Microbacterium</i> sp. CNJ797 PL04	DQ448708	100	Sediment
IoNA 479	0.21	0.34	0.17	<i>uncultured bacterium</i>	JF193538	100	Skin
IoNA 483	0.02	0	0	<i>Geodermatophilus obscurus</i>	X92359	97	OE
IoNA 484	0.04	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AM697104	100	Dust
IoNA 487	0.02	0	0	<i>Rhodococcus wratislaviensis</i>	AJ786666	100	ND
IoNA 490	0.05	0.06	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FM873905	100	Dust
IoNA 491	0.16	0.34	0.06	<i>uncultured actinobacterium</i>	HM241128	100	OE
IoNA 493	0.11	0	0.22	<i>uncultured Nocardioideae bacterium</i>	EF019309	100	OE
IoNA 500	0.11	0.03	0.17	<i>Arthrobacter</i> sp. zf-IRIt5	DQ223663	100	OE
IoNA 512	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ152732	98	Soil
IoNA 514	0.05	0	0				
IoNA 515	0.14	0.80	0.22	<i>Micrococcus antarcticus</i> (T)	AJ005932	100	OE
IoNA 525	0.09	0.34	0.08	<i>Cellulomonas</i> sp. d6	AJ292035	100	OE
IoNA 535	0.04	0	0	<i>Nocardioideae alkalitolerans</i> (T)	AY633969	96	Soil
IoNA 538	0.02	0	0	<i>Corynebacterium testudinoris</i> (T)	AJ295841	100	OE
IoNA 540	0.02	0.12	0	<i>Micrococcus luteus</i>	GQ260074	98	Human
IoNA 552	0.05	0.15	0.06	<i>Rhodococcus fascians</i>	Y11196	100	ND
IoNA 555	0.11	0	0.22	<i>uncultured bacterium</i>	AY958823	100	Human
IoNA 561	0.04	0	0.03	<i>Janibacter</i> sp. IV-75	FM179321	100	Water
IoNA 564	0.25	0.65	0.47	<i>uncultured bacterium</i>	JF209464	100	Skin
IoNA 567	0.05	0	0	<i>Streptomyces armeniacus</i>	AB018094	99	ND
IoNA 573	0.11	0.03	0	<i>Nocardioideae</i> sp. ND6	AJ511294	100	Waste
IoNA 574	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ864108	97	Soil
IoNA 575	0.18	0.62	0.08	<i>bacterium K2-25</i>	AY345428	100	Water
IoNA 576	0.11	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF409841	93	OE
IoNA 577	0.04	0.06	0	<i>unidentified bacterium</i>	AY345490	99	Sediment
IoNA 580	0.05	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ157311	99	Human
IoNA 583	0.04	0	0.06	<i>Micrococcus lylae</i> (T)	X80750	100	ND
IoNA 584	0.05	0.06	0.17	<i>Streptomyces</i> sp. 042403	FJ842613	100	ND

IoNA 587	0.39	2.06	0.25	<i>Rathayibacter caricis</i> (T)	AF159364	100	OE
IoNA 594	0.04	0	0.03	<i>unidentified eubacterium K44</i>	AJ009714	100	Water
IoNA 595	0.14	0.09	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM332165	100	Skin
IoNA 596	0.07	0	0.17	<i>uncultured bacterium</i>	JF417723	99	OE
IoNA 599	0.02	0	0	<i>Corynebacterium sp. Coryn-1</i>	FJ423600	100	OE
IoNA 600	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ671058	98	OE
IoNA 601	0.04	0	0	<i>Kineococcus-like bacterium AS2978</i>	AF060676	100	ND
IoNA 606	0.16	0.15	0.03	<i>unidentified bacterium</i>	AY345490	100	Sediment
IoNA 610	0.02	0	0.06	<i>Rothia sp. LH-CAB6</i>	HQ717389	99	Air
IoNA 614	0.04	0.15	0.06	<i>Micrococcus sp. TUT1210</i>	AB188213	100	Compost
IoNA 622	0.07	0.18	0.28	<i>Modestobacter sp. 42H12-1</i>	EU181225	100	ND
IoNA 626	0.02	0	0				
IoNA 628	0.18	0.06	0	<i>Parastreptomyces abscessus</i>	DQ000673	99	Human
IoNA 631	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ034075	98	Skin
IoNA 633	0.02	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AY959171	100	Human
IoNA 647	0.14	0.09	0.03	<i>Dietzia maris</i> (T)	X79290	100	ND
IoNA 651	0.05	0	0	<i>Corynebacterium thomssenii</i> (T)	AF010474	100	Human
IoNA 653	0.16	1.88	1.65	<i>uncultured bacterium</i>	AM697552	100	Dust
IoNA 655	0.04	0	0				
IoNA 661	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF139760	96	Skin
IoNA 672	0.11	0	0.73	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129311	99	Air
IoNA 675	0.04	0.06	0	<i>Kocuria rosea</i>	EF522129	100	OE
IoNA 676	0.20	0.25	0.03	<i>bacterium Ellin6023</i>	AY234675	100	Soil
IoNA 678	0.04	0	0.06	<i>Arthrobacter sp. NJ1</i>	AY738758	100	Water
IoNA 686	0.09	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ009616	100	Skin
IoNA 687	0.12	0	0.03	<i>Nocardioides sp. JS884</i>	AF465213	99	ND
IoNA 690	0.16	0	0.03	<i>Streptomycetaceae</i>	X95470	100	ND
IoNA 692	0.44	0.09	0.22	<i>Nocardioides sp. Cr7-14</i>	GU784866	100	OE
IoNA 694	0.41	0.12	0.03	<i>Micrococcineae bacterium 4_C16_66</i>	EF540514	100	OE
IoNA 700	0.14	0.12	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ165501	99	OE
IoNA 701	0.05	0	0.06	<i>Varibaculum cambriense</i> (T)	AJ428402	100	ND
IoNA 709	0.04	0.06	0.03	<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	AJ315961	100	Human
IoNA 710	0.07	0	0.28	<i>uncultured Brevibacterium sp.</i>	EF419416	100	Skin
IoNA 711	0.32	0.15	0.17	<i>Corynebacterium thomssenii</i> (T)	AF010474	100	Human
IoNA 714	0.04	0	0	<i>Dermacoccus sp. MT1.7</i>	AY894326	100	Sediment
IoNA 720	0.07	0	0	<i>Nonomuraea roseola</i> (T)	AJ278221	95	ND
IoNA 721	0.09	0	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	AY921660	98	Soil
IoNA 722	0.02	0	0.03	<i>Geodermatophilus obscurus</i>	X92359	97	OE
IoNA 723	0.34	0.03	0.06	<i>Nocardioides sp. R-36680</i>	FR682688	99	Soil
IoNA 735	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ864127	97	Soil
IoNA 738	0.02	0.06	0.08	<i>Ornithinimicrobium sp. TUT1205</i>	AB188211	98	Compost
IoNA 748	0.02	0	0	<i>Actinomyces dentalis</i> (T)	AJ697609	100	Human
IoNA 754	0.05	0	0	<i>Actinomadura sp. 171712</i>	EF546414	100	Water
IoNA 757	0.11	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM872589	100	Dust
IoNA 766	0.02	0.03	0	<i>Kocuria sp. MT4.1</i>	AY894331	95	Sediment
IoNA 771	0.02	0	0.03	<i>Brachybacterium alimentarium</i> (T)	X91031	99	OE
IoNA 772	0.05	0.06	0	<i>Amycolatopsis sp. SA06</i>	GU294687	99	Soil
IoNA 775	0.05	0	0	<i>Streptomyces purpeofuscus</i> (T)	AJ781364	98	ND
IoNA 780	0.09	0.12	0.06	<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	AY536427	100	ND
IoNA 781	0.05	0	0	<i>Actinomadura sp. 171712</i>	EF546414	100	Water
IoNA 786	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU289461	99	OE
IoNA 787	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FN421505	98	OE
IoNA 788	0.05	0	0	<i>Microlunatus aurantiacus</i>	EU741106	97	Sediment
IoNA 792	0.14	0	0	<i>Dermatophilus chelonae</i> (T)	AJ243919	98	ND
IoNA 795	0.11	0	0	<i>Microlunatus ginsengisoli</i> (T)	AB245389	98	Soil
IoNA 796	0.18	0	0.03	<i>Cellulomonas biozotea</i>	X79462	100	ND
IoNA 807	0.05	0.03	0	<i>Patulibacter minatonensis</i> (T)	AB193261	98	ND
IoNA 813	0.14	0	0.28	<i>uncultured bacterium</i>	AM697175	100	Dust
IoNA 818	0.04	0.03	0	<i>Streptomyces sp. KS12</i>	AB373968	100	Soil
IoNA 829	0.12	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ111666	100	Skin
IoNA 834	0.12	0.22	0	<i>Pseudonocardia sp. CNJ888 PL04</i>	DQ448725	99	Sediment
IoNA 838	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF176918	96	Skin
IoNA 845	0.02	0	0	<i>Propionibacterium acnes</i>	AB108484	100	Human
IoNA 856	0.05	0	0	<i>Arsenicococcus sp. YIM KMY37</i>	DQ358660	100	Soil
IoNA 857	0.04	0.15	0	<i>Rathayibacter caricis</i> (T)	AF159364	100	OE
IoNA 859	0.07	0	0.08	<i>Agromyces neolithicus</i> (T)	AY507128	100	ND
IoNA 866	0.12	0	0.06	<i>Pseudonocardia callicarpae</i>	EU200680	100	ND
IoNA 867	0.02	0	0.03	<i>uncultured soil bacterium</i>	EF688383	100	Soil
IoNA 875	0.09	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ058690	100	Skin
IoNA 876	0.05	0.86	0.11	<i>Clavibacter michiganensis</i> (T)	X77434	100	ND
IoNA 879	0.02	0.22	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129563	100	Air
IoNA 881	0.05	0.06	0.03	<i>Ornithinimicrobium sp. TUT1205</i>	AB188211	100	Compost
IoNA 885	0.07	0	0.22	<i>Ornithinococcus hortensis</i>	AB098587	100	Compost
IoNA 888	0.12	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ111666	98	Skin
IoNA 891	0.04	0	0	<i>Actinomycetaceae</i>	X87310 X87317	100	ND
IoNA 892	0.20	0.03	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM316227	100	Skin
IoNA 897	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ796891	100	Human
IoNA 898	0.04	0	0	<i>Blastococcus saxobidensis</i>	FN600641	100	ND
IoNA 906	0.05	0.40	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129346	98	Air
IoNA 908	0.25	0.18	0.03	<i>Streptomyces sp. 042403</i>	FJ842613	98	ND
IoNA 910	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ111666	98	Skin

IoNA 916	0.14	0	0	<i>Streptomyces</i> sp. CNQ-485_SD01	EU214919	100	Sediment
IoNA 917	0.04	0	0	uncultured bacterium	HQ910280	96	Soil
IoNA 922	0.02	0.18	0	uncultured soil bacterium	EU861920	99	OE
IoNA 928	0.07	0	0.08	<i>Thermobifida cellulosilytica</i> (T)	AJ298058	97	ND
IoNA 931	0.27	0	0.06	uncultured bacterium	JF181201	100	Skin
IoNA 932	0.04	0	0.06	uncultured bacterium	DQ125819	100	Soil
IoNA 938	0.09	0.40	0.14	uncultured bacterium	HM278456	100	Skin
IoNA 940	0.07	0.06	0.14	<i>Microbacterium</i> sp. 4_C16_10	EF540500	100	OE
IoNA 945	0.05	0.09	0.42	<i>Microcella putealis</i>	AJ717387	100	Water
IoNA 952	0.07	0	0	<i>Nocardioides</i> sp. A-3	AB087724	100	OE
IoNA 957	0.05	0.12	0.11	<i>Microbacterium</i> sp. VKM Ac-2048	AB042083	100	OE
IoNA 963	0.07	0	0.03	<i>Dermacoccus</i> sp. PC IW-02	EF187228	100	Water
IoNA 965	0.04	0	0.08	<i>Marmoricola</i> sp. BAC242	EU180564	100	OE
IoNA 972	0.07	0	0	uncultured bacterium	JF177057	98	Skin
IoNA 974	0.04	0.28	0	<i>Streptomyces</i> sp. So10	AJ308575	100	ND
IoNA 979	0.04	0.06	0.03	uncultured bacterium	GQ063563	100	Skin
IoNA 985	0.02	0	0	<i>Asanoa ishihariensis</i> (T)	AJ294715	97	ND
IoNA 991	0.04	0	0.06	uncultured bacterium	EU539519	100	Skin
IoNA 995	0.04	0	0	uncultured bacterium	HM331836	100	Skin
IoNA 997	0.02	0.06	0.20	uncultured bacterium	FN396955	99	ND
IoNA 999	0.02	0	0	<i>Rhodococcus fascians</i>	Y11196	99	ND
IoNA 1022	0.02	0	0	<i>Promicromonospora</i> sp. 82449	DQ008600	98	ND
IoNA 1023	0.04	0	0	uncultured bacterium	FN421505	98	OE
IoNA 1040	0.02	0	0	uncultured bacterium	HQ864108	96	Soil
IoNA 1043	0.02	0	0	<i>Nocardia asteroides</i> (T)	AF430019	100	ND
IoNA 1047	0.05	0	0	<i>Nocardioides</i> sp. Sco-B22	FN386743	98	OE
IoNA 1055	0.04	0.15	0.08	bacterium K2-25	AY345428	100	Water
IoNA 1056	0.11	1.02	0	<i>Micrococcus</i> sp. OS6	EF491956	100	OE
IoNA 1058	0.11	0	0.28	<i>Mycobacterium chlorophenolicum</i>	X79094	100	ND
IoNA 1059	0.05	0	0	uncultured bacterium	AM982647	99	OE
IoNA 1060	0.04	0	0.06	uncultured bacterium	AB179506	99	OE
IoNA 1064	0.05	0	0	uncultured actinobacterium	EF016798	100	Soil
IoNA 1070	0.07	0.22	0	<i>Streptomyces aureofaciens</i>	AY289116	99	OE
IoNA 1077	0.02	0	0.03	<i>Dietzia maris</i>	GQ870425	100	ND
IoNA 1081	0.07	0	0.06	uncultured bacterium	AY959208	100	Human
IoNA 1083	0.02	0	0	<i>Arthrobacter agilis</i>	AF511518	99	OE
IoNA 1085	0.02	0.06	0.08	<i>Corynebacterium diphtheriae</i> (T)	X84248	100	ND
IoNA 1087	0.02	0.12	0	<i>Thermomonospora chromogena</i>	AF116562	100	ND
IoNA 1099	0.02	0	0.17	<i>Mycobacterium</i> sp.	U46146	100	ND
IoNA 1104	0.05	0.09	0	uncultured <i>Nocardioides</i> sp.	HQ183922	98	Sediment
IoNA 1134	0.02	0	0.03	<i>Ornithinimicrobium</i> sp. YIM KMY41	DQ358665	100	Soil
IoNA 1143	0.02	0	0	<i>Nocardia</i> sp. DSM 43253	AF430021	100	ND
IoNA 1144	0.11	0.28	0.08	bacterium WM06i_A11B	HM989887	100	OE
IoNA 1145	0.07	0	0	uncultured bacterium	FJ478959	95	Soil
IoNA 1156	0.09	0.34	0.06	<i>Pseudonocardia</i> sp. YIM 45506	EF053037	100	ND
IoNA 1158	0.04	0.12	0	<i>Mycetocola</i> sp. LH-CAB7	HQ717390	100	Air
IoNA 1174	0.11	0.03	0.03	uncultured actinobacterium	EU979035	99	Soil
IoNA 1178	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF139760	96	Skin
IoNA 1179	0.09	0.18	0.08	uncultured actinobacterium	DQ366003	98	Soil
IoNA 1182	0.05	0	0	<i>Propionibacterium granulosum</i> (T)	AJ003057	100	ND
IoNA 1183	0.07	0	0.08	<i>Geodermatophilus obscurus</i>	X92359	98	OE
IoNA 1184	0.05	0	0.03	uncultured bacterium	EU289511	99	OE
IoNA 1185	0.02	0.31	0.03	<i>Micrococcus luteus</i>	GQ260074	99	Human
IoNA 1190	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF417732	100	OE
IoNA 1192	0.02	0	0	<i>Amycolatopsis halotolerans</i> (T)	DQ000196	95	ND
IoNA 1193	0.02	0	0.17	uncultured bacterium	EU881340	100	Soil
IoNA 1196	0.07	0.15	0	<i>Micrococcus luteus</i>	FJ357615	100	OE
IoNA 1197	0.09	0.22	0.53	uncultured bacterium	EF558978	100	Waste
IoNA 1199	0.07	0	0	<i>Nocardioides dubius</i> (T)	AY928902	99	Soil
IoNA 1201	0.04	0.03	0.22	<i>Arthrobacter sulfureus</i>	AY392127	100	Soil
IoNA 1204	0.02	0.03	0	uncultured bacterium	DQ129383	100	Air
IoNA 1208	0.02	0.09	0	<i>Streptomyces bacillaris</i>	AY999888	99	ND
IoNA 1209	0.05	0	0	uncultured bacterium	FM872874	99	Dust
IoNA 1212	0.02	0	0	<i>Amycolatopsis lactamdurans</i>	AF214482	100	ND
IoNA 1224	0.02	0	0	<i>Streptomyces albus</i> (T)	AJ621602	98	ND
IoNA 1235	0.02	0	0	<i>Kineosporia rhamnosa</i>	AB003934	98	ND
IoNA 1238	0.05	0.22	0.17	<i>Mycobacterium coloregonium</i>	AY624367	100	Human
IoNA 1239	0.11	0	0	uncultured bacterium	FJ769434	99	Waste
IoNA 1244	0.02	0	0	uncultured actinobacterium	HM238138	100	Waste
IoNA 1247	0.02	0	0	<i>Eggerthella lenta</i> (T)	AF292375	100	Human
IoNA 1250	0.02	0.12	0.03	<i>Kocuria</i> sp. WCH21	HQ143673	100	Soil
IoNA 1267	0.04	0	0				
IoNA 1271	0.05	0	0	uncultured actinobacterium	FN811231	100	Soil
IoNA 1276	0.04	0.40	0.11	<i>Actinoalloteichus cyanogriseus</i>	AB184160	100	ND
IoNA 1277	0.04	0	0				
IoNA 1288	0.02	0	0	bacterium Ellin5133	AY234550	97	Soil
IoNA 1291	0.02	0	0.11	uncultured bacterium	HQ864075	99	Soil
IoNA 1292	0.02	0	0.03	<i>Nocardioides</i> sp. LMG 20237	AJ316318	100	OE
IoNA 1296	0.02	0	0.06	uncultured actinobacterium	EU979035	98	Soil
IoNA 1306	0.02	0.25	0.06	<i>Oerskovia turbata</i> (T)	X79454	100	ND
IoNA 1318	0.02	0.15	0.11	<i>Microbacterium aurum</i>	EU373396	100	OE

IoNA 1319	0.02	0	0	<i>Arthrobacter sulfureus</i>	AY392127	99	Soil
IoNA 1321	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU881145	98	Soil
IoNA 1322	0.02	0.03	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM263380	98	Skin
IoNA 1325	0.02	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	JF168200	99	Skin
IoNA 1327	0.02	0	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	HQ864180	99	Soil
IoNA 1334	0.02	0	0	<i>uncultured soil bacterium</i>	DQ378203	96	Soil
IoNA 1340	0.05	0.18	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ495403	99	OE
IoNA 1342	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM697175	100	Dust
IoNA 1343	0.04	0	0	<i>Thermobifida alba</i>	AB562477	100	Compost
IoNA 1347	0.02	0	0	<i>Thermobifida alba</i>	AF028247	97	ND
IoNA 1348	0.02	0	0				
IoNA 1352	0.04	0.18	0	<i>Actinoalloteichus hymeniacidonis (T)</i>	DQ144222	98	OE
IoNA 1360	0.02	0	0.03	<i>bacterium 14LN1</i>	X92156	100	Water
IoNA 1370	0.04	0	0	<i>Rhodococcus coprophilus</i>	X80626	100	ND
IoNA 1373	0.04	0.12	0	<i>Kineococcus sp. YIM 65377</i>	FJ214365	100	OE
IoNA 1375	0.04	0	0	<i>Micrococcineae bacterium 4_C16_66</i>	EF540514	100	OE
IoNA 1377	0.04	0.06	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	HQ864108	98	Soil
IoNA 1403	0.02	0	0	<i>Streptomyces sp. CNH990</i>	EF058199	100	Sediment
IoNA 1404	0.02	0.03	0.03	<i>Terrabacter sp. YK14</i>	AB070465	99	ND
IoNA 1406	0.04	0	0.17	<i>Bifidobacterium gallicum (T)</i>	D86189	100	ND
IoNA 1408	0.02	0	0				
IoNA 1415	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF190605	97	Skin
IoNA 1418	0.02	0	0.03	<i>Corynebacterium durum</i>	AF537593	100	Human
IoNA 1423	0.02	0	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	JF417743	100	OE
IoNA 1427	0.04	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF093880	100	Skin
IoNA 1428	0.05	0.03	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	FM877676	100	OE
IoNA 1432	0.02	0	0	<i>Pseudonocardia sp. RI44-RCaA106</i>	AB546273	100	Soil
IoNA 1445	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM317529	100	Skin
IoNA 1447	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM874224	100	Dust
IoNA 1460	0.04	0	0	<i>Astrosporangium hypotensionis</i>	DQ903692	100	ND
IoNA 1468	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM274147	100	Skin
IoNA 1471	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF632905	95	Sediment
IoNA 1472	0.02	0.03	0.06	<i>Rathayibacter caricis (T)</i>	AF159364	100	OE
IoNA 1474	0.02	0	0.06	<i>Corynebacterium matruchotii</i>	AF543287	100	Human
IoNA 1479	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ479246	98	Soil
IoNA 1485	0.11	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ111666	100	Skin
IoNA 1486	0.02	0	0	<i>Streptomyces purpeofuscus (T)</i>	AJ781364	98	ND
IoNA 1494	0.02	0	0	<i>Arthrobacter sp. AG1</i>	AY651317	100	ND
IoNA 1499	0.02	0	0	<i>Kocuria palustris (T)</i>	Y16263	100	OE
IoNA 1503	0.04	0.18	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FM875388	99	Skin
IoNA 1506	0.02	0.03	0.08	<i>Actinomycetospora sp. TT071-57</i>	AB514519	100	ND
IoNA 1512	0.02	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FJ478577	98	Soil
IoNA 1517	0.02	0.03	0.08	<i>Williamsia muralis</i>	AY785737	100	OE
IoNA 1518	0.04	0	0	<i>Catellatospora bangladeshensis (T)</i>	AB200233	97	ND
IoNA 1524	0.02	0	0	<i>Saccharopolyspora gloriosa</i>	EU005371	98	OE
IoNA 1532	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ051868	100	Skin
IoNA 1541	0.02	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	HM306092	99	Skin
IoNA 1543	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ054911	100	Skin
IoNA 1545	0.02	0	0	<i>Actinomycetales bacterium C14</i>	AY944260	98	OE
IoNA 1546	0.02	0.40	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM270777	100	Skin
IoNA 1551	0.02	0	0	<i>Mycobacterium sp. Sco-B08</i>	FN386730	100	OE
IoNA 1565	0.02	0	0	<i>uncultured actinobacterium</i>	EF016798	100	Soil
IoNA 1566	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FN563163	98	Waste
IoNA 1573	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ495408	97	OE
IoNA 1576	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM277692	100	Skin
IoNA 1581	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ111666	99	Skin
IoNA 1588	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ025674	100	Skin
IoNA 1590	0	0.03	0	<i>Clavibacter michiganensis (T)</i>	X77434	100	ND
IoNA 1591	0	0.03	0	<i>Brooklawnia massiliensis</i>	EF558366	99	ND
IoNA 1598	0	0.06	0.03	<i>Sanguibacter keddiei (T)</i>	X79450	98	ND
IoNA 1600	0	0.06	0	<i>Asanoa ishihariensis (T)</i>	AJ294715	100	ND
IoNA 1601	0	0.22	0.06	<i>Curtobacterium sp. VKM Ac-1811</i>	AB042089	100	OE
IoNA 1603	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM873756	100	Dust
IoNA 1605	0	0.12	0	<i>Thermomonospora chromogena</i>	AF116559	100	ND
IoNA 1608	0	0.03	0.08	<i>Tessaracoccus sp. R-36529</i>	FR682695	100	Soil
IoNA 1615	0	0.09	0	<i>uncultured bacterium</i>	FN421505	98	OE
IoNA 1617	0	0.40	0.28	<i>uncultured bacterium</i>	AM697552	100	Dust
IoNA 1620	0	0.22	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM273602	98	Skin
IoNA 1623	0	0.03	0.08	<i>Arthrobacter sulfureus</i>	AY392127	100	Soil
IoNA 1625	0	0.34	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM930281	100	Compost
IoNA 1628	0	0.12	0	<i>Micrococcus luteus</i>	GQ260074	100	Human
IoNA 1631	0	0.22	0	<i>Actinobaculum sp. oral clone EL030</i>	AY008311	100	Human
IoNA 1635	0	0.03	0	<i>Phycoccus sp. S23409</i>	D84618	100	ND
IoNA 1638	0	0.03	0	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667041	100	Compost
IoNA 1639	0	0.28	0	<i>Plantibacter flavus (T)</i>	AJ310417	100	Soil
IoNA 1643	0	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ478579	96	Soil
IoNA 1644	0	0.31	0	<i>Kineosporia rhamnosa (T)</i>	AB003935	100	ND
IoNA 1645	0	0.03	0	<i>Janibacter sp. IV-75</i>	FM179321	100	Water
IoNA 1647	0	0.31	0	<i>Arthrobacter sp. AD33</i>	EU636656	100	Waste
IoNA 1653	0	0.18	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	JF225036	99	Skin
IoNA 1665	0	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM334494	100	Skin

IoNA 1671	0	0.15	0.03	<i>Micrococcus antarcticus</i> (T)	AJ005932	100	OE
IoNA 1672	0	0.06	0	<i>Micrococcus luteus</i>	GQ260074	98	Human
IoNA 1673	0	0.12	0	uncultured Actinomycetales bacterium	EU812985	98	OE
IoNA 1677	0	0.12	0.03	uncultured bacterium	HM341104	100	Skin
IoNA 1688	0	0.09	0	<i>Patulibacter minatonensis</i> (T)	AB193261	96	ND
IoNA 1700	0	0.22	0	<i>Croceobacterium ilecola</i>	DQ826511	100	OE
IoNA 1701	0	0.12	0	<i>Aeromicrobium kwangyangensis</i>	EU834249	99	Soil
IoNA 1703	0	0.31	0	<i>Thermomonospora curvata</i> DSM 43183	CP001738	99	ND
IoNA 1705	0	0.06	0	uncultured bacterium	AJ316319	98	OE
IoNA 1707	0	0.03	0	uncultured <i>Corynebacterium</i> sp.	EU071498	98	OE
IoNA 1709	0	0.03	0	uncultured actinobacterium	EF016798	100	Soil
IoNA 1714	0	0.12	0	<i>Rhodococcus rhodochrous</i>	AF439261	97	ND
IoNA 1735	0	0.15	0	<i>Okibacterium fritillariae</i> (T)	AB042094	100	OE
IoNA 1740	0	0.09	0	<i>Streptomyces</i> sp. M4042	EU876693	96	Soil
IoNA 1745	0	0.03	0	bacterium WAT#1	DQ311012	96	Soil
IoNA 1758	0	0.06	0	uncultured bacterium	GQ263371	99	Waste
IoNA 1764	0	0.03	0	<i>Janibacter</i> sp. IV-75	FM179321	100	Water
IoNA 1770	0	0.15	0	<i>Kutzneria kofuensis</i> (T)	AF114801	98	ND
IoNA 1774	0	0.03	0	uncultured <i>Pseudonocardia</i> sp.	HQ674849	99	OE
IoNA 1777	0	0.03	0	<i>Kytococcus sedentarius</i> DSM 20547	CP001686	99	ND
IoNA 1781	0	0.09	0.03	uncultured bacterium	GQ396902	100	Soil
IoNA 1783	0	0.06	0	<i>Nocardioides halotolerans</i> (T)	EF466122	100	Soil
IoNA 1786	0	0.12	0	<i>Quadrisphaera granulorum</i> (T)	AY831385	99	OE
IoNA 1792	0	0.09	0.20	uncultured bacterium	EF632946	98	Sediment
IoNA 1796	0	0.12	0.03	<i>Phycoccus</i> sp. S23409	D84618	100	ND
IoNA 1808	0	0.06	0	uncultured compost bacterium	HQ912789	100	Compost
IoNA 1810	0	0.03	0.03	<i>Kocuria rosea</i>	Y11330	99	ND
IoNA 1814	0	0.09	0.03	uncultured bacterium	GQ016522	99	Skin
IoNA 1824	0	0.12	0	uncultured bacterium	HM445436	98	OE
IoNA 1825	0	0.15	0	<i>Clavibacter michiganensis</i> (T)	X77434	100	ND
IoNA 1826	0	0.03	0	<i>Streptomyces turgidiscabies</i>	EU828535	98	OE
IoNA 1828	0	0.09	0	<i>Kineococcus</i> -like bacterium AS3138	AF060686	98	ND
IoNA 1831	0	0.03	0	uncultured actinobacterium	EF016798	100	Soil
IoNA 1835	0	0.15	0.11	unidentified bacterium	X87133	100	ND
IoNA 1837	0	0.06	0	<i>Streptomyces</i> sp. A33	HQ537082	98	ND
IoNA 1855	0	0.03	0	<i>Micrococcus luteus</i>	AB023371	99	ND
IoNA 1857	0	0.03	0	<i>Actinobaculum</i> sp. oral clone EL030	AY008311	100	Human
IoNA 1858	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF166588	99	Skin
IoNA 1859	0	0.03	0	<i>Corynebacterium</i> cf. <i>aquaticum</i> V4.BO.26	AJ244681	99	Water
IoNA 1863	0	0.12	0	uncultured Frankineae bacterium	HQ674869	99	OE
IoNA 1869	0	0.03	0.25	<i>Leucobacter aridicollis</i> (T)	AJ781047	100	ND
IoNA 1872	0	0.03	0	uncultured Actinomycetales bacterium	EU812985	98	OE
IoNA 1879	0	0.06	0	uncultured bacterium	JF175509	99	Skin
IoNA 1881	0	0.06	0	uncultured bacterium	GQ063088	100	Skin
IoNA 1883	0	0.12	0.03	<i>Micrococcus luteus</i> NCTC 2665	CP001628	100	ND
IoNA 1887	0	0.12	0	<i>Streptomyces</i> sp. C203	DQ304561	99	Water
IoNA 1891	0	0.06	0.03	uncultured bacterium	FJ478762	100	Soil
IoNA 1894	0	0.06	0	uncultured soil bacterium	EU861899	100	OE
IoNA 1895	0	0.18	0	<i>Streptomyces amakusaensis</i> (T)	AY999781	99	ND
IoNA 1898	0	0.03	0	uncultured actinobacterium	HQ183925	98	Sediment
IoNA 1904	0	0.03	0	<i>Micrococcus luteus</i>	GQ260074	99	Human
IoNA 1906	0	0.03	0	<i>Kocuria rhizophila</i> (T)	Y16264	99	OE
IoNA 1907	0	0.06	0	uncultured bacterium	HM270777	100	Skin
IoNA 1921	0	0.09	0	<i>Lentzea waywayandensis</i>	AF114813	100	ND
IoNA 1925	0	0.12	0	<i>Croceobacterium ilecola</i>	DQ826511	100	OE
IoNA 1935	0	0.03	0	uncultured Rubrobacteridae bacterium	FM209078	100	Soil
IoNA 1937	0	0.09	0	uncultured bacterium	FM875388	100	Skin
IoNA 1945	0	0.03	0	<i>Clavibacter michiganensis</i> (T)	X77434	100	ND
IoNA 1954	0	0.03	0.03	<i>Croceobacterium ilecola</i>	DQ826511	99	OE
IoNA 1955	0	0.03	0.08	uncultured bacterium	AY958966	100	Human
IoNA 1963	0	0.03	0	uncultured bacterium	EF632946	98	Sediment
IoNA 1965	0	0.12	0	<i>Mycobacterium heidelbergense</i> (T)	AJ000684	97	Human
IoNA 1981	0	0.12	0.03	uncultured bacterium	EU133100	100	Soil
IoNA 1982	0	0.06	0.06	uncultured bacterium	JF219332	100	Skin
IoNA 1987	0	0.03	0.08	<i>Salana multivorans</i>	EU221376	99	OE
IoNA 1994	0	0.06	0	<i>Jiangella gansuensis</i> (T)	AY631071	97	Soil
IoNA 2011	0	0.03	0	uncultured bacterium	HQ910318	96	Soil
IoNA 2020	0	0.03	0	<i>Friedmanniella lacustris</i> (T)	AJ132943	100	Water
IoNA 2037	0	0.03	0	<i>Curtobacterium herbarum</i> (T)	AJ310413	100	Soil
IoNA 2041	0	0.09	0	<i>Corynebacterium mucifaciens</i>	AF537600	99	Human
IoNA 2043	0	0.03	0	<i>Curtobacterium flaccumfaciens</i>	AJ310414	99	Soil
IoNA 2045	0	0.03	0	<i>Streptomyces</i> sp. 3162	DQ663191	98	ND
IoNA 2054	0	0.06	0	<i>Rhodococcus</i> sp.	X85242	100	Waste
IoNA 2079	0	0.15	0	uncultured bacterium	FJ478579	97	Soil
IoNA 2097	0	0.03	0	uncultured bacterium	FJ479549	100	Soil
IoNA 2104	0	0.03	0.08	uncultured bacterium	JF168539	98	Skin
IoNA 2105	0	0.03	0	uncultured bacterium	EF399657	99	Human
IoNA 2138	0	0.03	0	<i>Kineosporia rhizophila</i>	FR749988	97	ND
IoNA 2167	0	0.03	0	bacterium GFCr-3	DQ154279	98	Soil
IoNA 2168	0	0.03	0	<i>Micrococcus</i> sp. LBRF-6	EF061936	98	ND
IoNA 2169	0	0.03	0	<i>Marmoricola</i> sp. BAC242	EU180564	96	OE

IoNA 2183	0	0.06	0	<i>Rhodococcus sp. LS134</i>	FJ937918	100	Water
IoNA 2192	0	0.03	0	<i>Kocuria palustris (T)</i>	Y16263	99	OE
IoNA 2197	0	0.03	0.06	<i>Knoellia sp. O-008</i>	DQ812538	100	OE
IoNA 2198	0	0.03	0	<i>Catenuloplanes nepalensis</i>	AB523882	97	ND
IoNA 2207	0	0.03	0	<i>Patulibacter minatonensis (T)</i>	AB193261	96	ND
IoNA 2210	0	0	0.20	<i>Corynebacterium urealyticum DSM 7109</i>	AM942444	100	ND
IoNA 2211	0	0	0.03	<i>Dermacoccus sp. BSi20643</i>	EU330343	96	OE
IoNA 2219	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	EF632946	99	Sediment
IoNA 2222	0	0	0.03	<i>Actinotelluria brasiliensis</i>	DQ029102	96	ND
IoNA 2232	0	0	0.14	<i>Brevibacterium sp. TUT1201</i>	AB188208	100	Compost
IoNA 2239	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ054950	99	Skin
IoNA 2245	0	0	0.03	<i>Frigoribacterium faeni</i>	JF496400	96	Soil
IoNA 2252	0	0	0.08	<i>Agromyces ulmi</i>	AY427831	98	OE
IoNA 2253	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AM697435	100	Dust
IoNA 2264	0	0	0.06	<i>uncultured endolithic bacterium</i>	AB374376	100	Water
IoNA 2268	0	0	0.08	<i>Corynebacterium glucuronolyticum (T)</i>	X86688	98	Human
IoNA 2277	0	0	0.03	<i>Actinomadura rubrobrunea</i>	AJ293711	100	ND
IoNA 2281	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FJ671058	96	OE
IoNA 2283	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	JF174568	100	Skin
IoNA 2285	0	0	0.03	<i>uncultured actinobacterium</i>	EU979046	100	Soil
IoNA 2287	0	0	0.28	<i>Arthrobacter albus</i>	EU086786	100	ND
IoNA 2300	0	0	0.03	<i>Rothia sp. CMG M10</i>	EU081515	96	OE
IoNA 2311	0	0	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	FJ479096	100	Soil
IoNA 2325	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	JF188891	99	Skin
IoNA 2331	0	0	0.08	<i>Rothia dentocariosa</i>	AY594189	100	Human
IoNA 2336	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	EU335248	100	Soil
IoNA 2346	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AJ576385	99	OE
IoNA 2353	0	0	0.03	<i>Mycobacterium vanbaalenii</i> PYR-1	CP000511	99	ND
IoNA 2355	0	0	0.06				
IoNA 2362	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AY958869	100	Human
IoNA 2364	0	0	0.06	<i>Corynebacterium xerosis</i>	X84446	100	ND
IoNA 2365	0	0	0.17	<i>uncultured bacterium</i>	JF135820	99	Skin
IoNA 2373	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	JF417743	99	OE
IoNA 2378	0	0	0.08				
IoNA 2382	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	JF174825	100	Skin
IoNA 2394	0	0	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	GU444100	100	Soil
IoNA 2396	0	0	0.03	<i>Solirubrobacter soli (T)</i>	AB245334	99	Soil
IoNA 2401	0	0	0.17	<i>uncultured bacterium</i>	FM873458	99	Dust
IoNA 2408	0	0	0.11	<i>uncultured endolithic bacterium</i>	AB374386	98	Water
IoNA 2412	0	0	0.28	<i>uncultured bacterium</i>	EU644169	100	OE
IoNA 2413	0	0	0.08	<i>Kocuria rhizophila (T)</i>	Y16264	98	OE
IoNA 2416	0	0	0.08	<i>Candidatus Microthrix parvicella</i>	DQ147282	100	Waste
IoNA 2419	0	0	0.03	<i>Aeromicrobium sp. DM4</i>	FJ464979	98	Water
IoNA 2425	0	0	0.14	<i>Nocardiopsis composta</i>	AB562492	100	Compost
IoNA 2426	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ397071	99	Soil
IoNA 2429	0	0	0.11	<i>Kribbia dieselivorans</i>	DQ062659	99	Soil
IoNA 2430	0	0	0.03	<i>uncultured Micrococcus sp.</i>	EU071518	99	OE
IoNA 2436	0	0	0.03	<i>Aeromicrobium sp. CNJ889 PL04</i>	DQ448719	97	Sediment
IoNA 2445	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM845830	100	Skin
IoNA 2457	0	0	0.22	<i>uncultured bacterium</i>	AM404803	99	Human
IoNA 2461	0	0	0.03	<i>Gram-positive bacterium YT0045</i>	AB376085	98	ND
IoNA 2463	0	0	0.03	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667041	96	Compost
IoNA 2465	0	0	0.03	<i>Streptomyces sp. M1082</i>	EU876690	92	Soil
IoNA 2469	0	0	0.03	<i>marine actinobacterium YM26-77</i>	AB522644	100	Soil
IoNA 2479	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ058690	98	Skin
IoNA 2499	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	JF217748	98	Skin
IoNA 2500	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM337412	100	Skin
IoNA 2502	0	0	0.20	<i>Actinomadura rubrobrunea</i>	AJ293711	100	ND
IoNA 2503	0	0	0.06	<i>Actinobaculum massiliense</i>	FJ711191	100	Human
IoNA 2514	0	0	0.03	<i>Atopobium rimae (T)</i>	AF292371	100	Human
IoNA 2518	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	JF174568	99	Skin
IoNA 2520	0	0	0.11	<i>uncultured Rhodococcus sp.</i>	EU669182	100	ND
IoNA 2523	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FM874521	97	Dust
IoNA 2524	0	0	0.08	<i>Nesterenkonia sp. AC84</i>	AJ717365	100	Water
IoNA 2547	0	0	0.03	<i>Marmoricola sp. BAC242</i>	EU180564	100	OE
IoNA 2551	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	EF688208	99	Waste
IoNA 2554	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM306092	100	Skin
IoNA 2564	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM332071	99	Skin
IoNA 2566	0	0	0.06	<i>Microbacterium sp. VKM Ac-2048</i>	AB042083	99	OE
IoNA 2573	0	0	0.08	<i>Devriesea agamarum (T)</i>	EU009865	97	ND
IoNA 2589	0	0	0.03	<i>Nocardioides sp.</i>	X90830	100	ND
IoNA 2595	0	0	0.11	<i>Streptosporangium vulgare</i>	X89955	100	ND
IoNA 2599	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	HM241127	98	OE
IoNA 2602	0	0	0.06	<i>Bifidobacterium gallicum (T)</i>	D86189	98	ND
IoNA 2611	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM263160	95	Skin
IoNA 2612	0	0	0.08	<i>Aeromicrobium sp. CNJ889 PL04</i>	DQ448719	99	Sediment
IoNA 2622	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EU289455	98	OE
IoNA 2627	0	0	0.06	<i>Micromonospora sp. CNS-636_SD06</i>	EU214964	100	Sediment
IoNA 2629	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532189	98	Clean Room
IoNA 2640	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	EF516859	98	Soil
IoNA 2649	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EU132518	98	Soil

IoNA 2656	0	0	0.03	uncultured bacterium	AM697552	98	Dust
IoNA 2657	0	0	0.22	uncultured <i>Corynebacterium</i> sp.	EF419421	100	Skin
IoNA 2669	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ479267	99	Soil
IoNA 2711	0	0	0.03	<i>Leucobacter alluvii</i> (T)	AM072820	100	Sediment
IoNA 2721	0	0	0.03	<i>Curtobacterium herbarum</i> (T)	AJ310413	97	Soil
IoNA 2723	0	0	0.03	<i>Solirubrobacter soli</i> (T)	AB245334	97	Soil
IoNA 2725	0	0	0.03	<i>Kribbella</i> sp. enrichment culture clone VanCtr42	HQ222289	100	OE
IoNA 2754	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ478617	99	Soil
IoNA 2758	0	0	0.06	<i>Rubrobacter xylanophilus</i> (T)	CP000386	99	ND
IoNA 2771	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ910283	99	Soil
IoNA 2777	0	0	0.06	uncultured actinobacterium	DQ450797	98	Soil
IoNA 2783	0	0	0.11	uncultured bacterium	FJ478794	99	Soil
IoNA 2785	0	0	0.03	unidentified bacterium	X87133	99	ND
IoNA 2800	0	0	0.06	<i>Phytoplasma</i> sp. RYL-GD	EU093079	100	OE
IoNA 2805	0	0	0.03	uncultured soil bacterium	EU861909	97	OE
IoNA 2821	0	0	0.03	uncultured actinobacterium	EF016798	99	Soil
IoNA 2834	0	0	0.06	uncultured actinobacterium	EU979046	98	Soil
IoNA 2854	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM872874	99	Dust
IoNA 2855	0	0	0.06	uncultured <i>Rubrobacteraceae</i> bacterium	EF018727	100	OE
IoNA 2858	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ077618	100	Skin
IoNA 2863	0	0	0.03	<i>Ornithinococcus hortensis</i>	AB098587	100	Compost
IoNA 2868	0	0	0.03	<i>Terracoccus</i> sp. S23303	D84599	100	ND
IoNA 2870	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF129091	99	Skin
IoNA 2875	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ478592	98	Soil
IoNA 2878	0	0	0.03	<i>Nocardioides</i> sp. V4.BE.17	AJ244657	100	Water
IoNA 2884	0	0	0.03	<i>Microbacterium</i> sp. YT0620	AB376082	98	ND
IoNA 2886	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ500882	97	OE
IoNA 2887	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM316227	99	Skin
IoNA 2889	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ478592	98	Soil
IoNA 2892	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ478579	97	Soil
IoNA 2893	0	0	0.03	<i>Blastococcus</i> sp. BC521	AJ316573	100	ND
IoNA 2894	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF107268	99	Skin
IoNA 2905	0	0	0.03	<i>Atopobium minutum</i> (T)	X67148	100	ND
IoNA 2909	0	0	0.03	<i>Brevibacterium</i> sp. EP11	AM398220	100	Sediment
IoNA 2917	0	0	0.03	<i>Brachybacterium alimentarium</i> (T)	X91031	100	OE
IoNA 2934	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM269827	100	Skin
IoNA 2938	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU458449	100	OE
IoNA 2942	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM773480	100	OE
IoNA 2945	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ262977	99	Waste
IoNA 2946	0	0	0.03	uncultured actinobacterium	JF776903	99	Soil
IoNA 2951	0	0	0.03	uncultured bacterium	AB240334	98	OE
IoNA 2956	0	0	0.03	<i>Saccharomonospora xinjiangensis</i> (T)	AJ306300	100	ND
IoNA 2958	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ015862	99	Skin
IoNA 2963	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF417743	100	OE
IoNA 2967	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM875541	100	Skin
<i>Alphaproteobacteria</i> : (469 phylotypes, 4197 sequences)							
IoNA 8	0.59	0	0.03	<i>Methylobacterium podarium</i>	AY468363	99	Human
IoNA 17	0.04	0.06	0.03	<i>Paracoccus</i> sp. KKL-A6	AB185958	98	Water
IoNA 22	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF227118	98	Skin
IoNA 30	4.21	1.14	1.62	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	100	OE
IoNA 43	0.12	0.18	0.17	<i>Sphingomonas</i> sp. PA223	AM900786	100	Dust
IoNA 55	0.09	0.12	0	uncultured bacterium	AM697590	98	Dust
IoNA 59	0.60	1.60	0.47	uncultured <i>alpha</i> proteobacterium	GQ850582	100	Water
IoNA 64	0.30	0.03	0.28	<i>Paracoccus marcusii</i> (T)	Y12703	100	ND
IoNA 65	0.28	0	0	uncultured bacterium	FJ801191	100	Water
IoNA 68	0.48	0.03	0.33	<i>Azospirillum</i> sp. enrichment culture clone Pn2_1.2	GQ181133	96	OE
IoNA 71	0.02	0.06	0	<i>Sphingomonas</i> sp. oral clone AV069	AF385529	100	ND
IoNA 76	0.12	0.31	0.03	uncultured bacterium	AM697069	100	Dust
IoNA 85	0.27	0.03	0.22	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	100	OE
IoNA 92	0.04	0	0	uncultured bacterium	AM697385	100	Dust
IoNA 106	0.66	0.37	0.14	uncultured bacterium	FM873293	100	Dust
IoNA 108	0.02	0	0.17	uncultured bacterium	DQ088797	100	OE
IoNA 110	0.32	0.37	0.31	uncultured bacterium	AM697069	100	Dust
IoNA 114	0.82	0.03	0.22	uncultured bacterium	AM697385	100	Dust
IoNA 117	2.45	6.31	2.26	<i>Sphingomonas aurantiaca</i>	AJ429237	100	Air
IoNA 119	0.07	0	0	uncultured bacterium	JF207161	98	Skin
IoNA 125	0.21	0.03	0	uncultured bacterium	HM273511	99	Skin
IoNA 127	0.51	0.52	0.17	<i>Paracoccus</i> sp. PA216	AM900779	100	Dust
IoNA 140	0.02	0	0	<i>alpha</i> proteobacterium P73	FM211705	99	ND
IoNA 154	0.28	0.03	0.28	uncultured bacterium	HM249000	99	Skin
IoNA 162	0.14	0.18	0.03	uncultured bacterium	DQ856552	99	OE
IoNA 167	0.83	0.62	0.31	uncultured bacterium	HM333404	100	Skin
IoNA 179	1.90	1.14	1.37	<i>Paracoccus carotinifaciens</i> (T)	AB006899	100	ND
IoNA 182	0.18	0	0.08	<i>Sphingomonas</i> sp. SKJH-30	AY749436	100	ND
IoNA 185	0.30	0	0.11	uncultured bacterium	JF207161	100	Skin
IoNA 198	0.02	0	0	uncultured bacterium	FJ417774	98	OE
IoNA 202	0.12	0	0	<i>Bosea vestrisii</i> (T)	AF288306	99	Water
IoNA 227	0.05	0	0	uncultured soil bacterium	EF688392	99	Soil
IoNA 243	0.04	0	0	uncultured bacterium	HM316587	96	Skin
IoNA 248	0.02	0	0	uncultured bacterium	AB255092	97	OE
IoNA 249	0.02	0.03	0	<i>Methylobacterium</i> sp. GSL-1	AB500945	100	OE

IoNA 260	0.18	0.18	0.11	<i>Paracoccus</i> sp. PA216	AM900779	98	Dust
IoNA 266	0.18	0	0	uncultured bacterium	HM128975	97	Water
IoNA 268	1.17	1.57	0.64	<i>Paracoccus</i> sp. PA216	AM900779	100	Dust
IoNA 270	0.04	0	0.03	<i>Paracoccus marcusii</i>	AF139992	99	Sediment
IoNA 274	0.07	0.06	0.03	<i>Azospirillum</i> sp. AP-500	AM743175	100	Water
IoNA 275	0.20	0.15	0.28	<i>Rhodobacter</i> sp. 2002-65602	AY244771	100	Human
IoNA 289	0.02	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. KKL-A6	AB185958	97	Water
IoNA 292	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF072424	99	Skin
IoNA 299	0.21	0.15	0	uncultured alpha proteobacterium	AF509580	100	OE
IoNA 316	0.21	0	0.22	<i>Paracoccus</i> sp. Ol18	AY312056	100	Soil
IoNA 317	0.05	0	0	uncultured bacterium	HM273125	99	Skin
IoNA 318	0.02	0	0	<i>Bradyrhizobium</i> sp. SEMIA 6187	FJ390923	99	ND
IoNA 320	0.11	0.28	0	uncultured bacterium	FM874399	97	Dust
IoNA 326	0.04	0	0	uncultured bacterium	JF207161	98	Skin
IoNA 342	0.05	0.18	0	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	100	OE
IoNA 353	0.12	0	0.03	uncultured bacterium	HM256403	100	Skin
IoNA 357	0.05	0.03	0	<i>Methylobacterium fujisawaense</i>	HQ220127	99	OE
IoNA 358	0.04	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	99	OE
IoNA 367	0.05	0	0	uncultured alpha proteobacterium	HQ595206	98	OE
IoNA 376	0.23	0	0.14	<i>Novosphingobium</i> sp. NIY3	AB360760	100	Soil
IoNA 381	0.09	0.92	0.28	uncultured soil bacterium	DQ297948	100	Soil
IoNA 382	0.04	0	0	<i>Sphingomonas phyllosphaerae</i>	AY563441	100	OE
IoNA 384	0.30	0.28	0.14	uncultured bacterium	FJ801202	100	Water
IoNA 386	0.05	0.06	0	uncultured bacterium	GU272287	97	OE
IoNA 400	0.07	0.03	0.11	<i>Sphingomonas</i> sp. BAC318	EU131002	98	Water
IoNA 401	0.05	0	0.03	uncultured bacterium	FM874513	100	Dust
IoNA 405	0.04	0	0.03	uncultured bacterium	HM314622	100	Skin
IoNA 410	0.05	0	0.17	uncultured bacterium	FJ479013	99	Soil
IoNA 414	0.07	0	0.06	uncultured bacterium	AJ315073	98	OE
IoNA 422	0.09	0.18	0.14	uncultured bacterium	DQ532296	100	Clean Room
IoNA 424	0.02	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. Ol18	AY312056	100	Soil
IoNA 425	0.02	0	0	uncultured bacterium	GU444069	95	Soil
IoNA 436	0.30	1.08	0.33	<i>Methylobacterium</i> sp. OS-16.b	AM237344	99	Dust
IoNA 438	0.11	0	0	alpha proteobacterium R-36935	FR691417	100	OE
IoNA 439	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM316587	98	Skin
IoNA 441	0.09	0.03	0.06	uncultured bacterium	DQ532236	98	Clean Room
IoNA 453	0.07	0.06	0	uncultured bacterium	GU272287	98	OE
IoNA 457	0.04	0	0	uncultured bacterium	GU272287	98	OE
IoNA 464	0.21	0	0	uncultured bacterium	AM697385	98	Dust
IoNA 467	0.18	0.83	0	<i>Methylobacterium</i> sp. 711	FN868958	100	OE
IoNA 472	0.16	0.28	0.14	<i>Paracoccus</i> sp. KKL-A6	AB185958	99	Water
IoNA 482	0.11	0	0	uncultured bacterium	GQ059294	99	Skin
IoNA 486	0.02	0	0	<i>Rickettsia prowazekii</i> (T)	M21789	97	ND
IoNA 499	0.18	0	0.03	uncultured bacterium	JF223124	98	Skin
IoNA 502	0.14	0.40	0.08	uncultured bacterium	DQ856552	99	OE
IoNA 507	0.07	0	0	uncultured <i>Paracoccus</i> sp.	HQ184347	98	Waste
IoNA 508	1.67	2.49	0.78	<i>Paracoccus</i> sp. MBIC4036	AB025192	100	Water
IoNA 511	0.02	0	0	uncultured bacterium	GQ480013	98	Waste
IoNA 516	0.02	0.25	0.03	<i>Aurantimonas</i> sp. FB13	AM933504	100	Soil
IoNA 518	0.05	0	0	<i>Sphingobium amiense</i> (T)	AB047364	100	Sediment
IoNA 520	0.09	0	0.06	uncultured bacterium	HM304108	100	Skin
IoNA 522	0.02	0	0	<i>Methylobacterium</i> sp. I1	AY177351	97	Soil
IoNA 524	0.02	0.03	0.06	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	100	OE
IoNA 526	0.05	0.03	0.03	<i>Azospirillum</i> sp. enrichment culture clone Pn2_1.2	GQ181133	97	OE
IoNA 537	0.07	0.74	0.08	<i>Sphingomonas</i> sp. PBI 163	HM204923	100	Soil
IoNA 545	0.02	0	0.03	uncultured <i>Rhodobacteraceae</i> bacterium	FJ543071	98	OE
IoNA 551	0.05	0	0.08	<i>Sphingosinicella</i> sp. Dd16	HQ449390	100	OE
IoNA 559	0.11	0.92	0.06	uncultured alpha proteobacterium	AB257646	99	Water
IoNA 568	0.11	0	0	uncultured bacterium	JF129021	100	Skin
IoNA 569	0.02	0	0	uncultured bacterium	AM697237	95	Dust
IoNA 578	0.02	0.03	0	<i>Paracoccus</i> sp. KKL-A6	AB185958	98	Water
IoNA 593	0.14	0.09	0.06	<i>Roseomonas</i> sp. T104-41	HM204475	100	Soil
IoNA 597	0.02	0	0	<i>Roseomonas genomospecies</i> 5	AY150049	97	ND
IoNA 605	0.07	0.09	0.03	uncultured bacterium	DQ532218	99	Clean Room
IoNA 609	0.02	0	0				
IoNA 617	0.05	0	0	<i>Rhodobacter</i> sp. LW4	FM956479	98	Water
IoNA 618	0.02	0	0	<i>Sphingomonas dokdonensis</i> (T)	DQ178975	96	Soil
IoNA 621	0.20	0.09	0.22	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	99	OE
IoNA 627	0.07	0	0	uncultured bacterium	GQ396969	100	Soil
IoNA 630	0.02	0	0	blackwater bioreactor bacterium BW23	AF394174	98	Waste
IoNA 637	0.04	0	0	uncultured bacterium	AF407723	99	OE
IoNA 641	0.25	0.12	0.25	uncultured bacterium	AM697086	100	Dust
IoNA 643	0.05	0	0.03	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	100	OE
IoNA 644	0.02	0	0	uncultured bacterium	AM500747	99	Compost
IoNA 646	0.02	0	0	<i>Brevundimonas</i> sp. EK-20	EU910240	95	Soil
IoNA 650	0.12	0.09	0.53	<i>Agrobacterium</i> sp. MSMC211	AJ004859	100	ND
IoNA 652	0.02	0	0.06	uncultured bacterium	DQ351924	99	Soil
IoNA 657	0.02	0.03	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	98	OE
IoNA 658	0.04	0	0	<i>Roseomonas</i> sp. BZ31r	HQ588841	96	Soil
IoNA 683	0.25	0.18	0.53	<i>Rhodobacter</i> sp. oral taxon C30	HM099648	99	OE
IoNA 684	0.11	0.06	0	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	100	OE

IoNA 685	0.14	0.06	0.11	<i>Paracoccus</i> sp. PA216	AM900779	99	Dust
IoNA 688	0.04	0	0	<i>Rubellimicrobium mesophilum</i> (T)	EF547368	98	Soil
IoNA 689	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM273501	98	Skin
IoNA 693	0.11	0.12	0	uncultured bacterium	DQ532236	100	Clean Room
IoNA 697	0.02	0	0	<i>Roseomonas genomospecies 4</i>	AY150048	100	ND
IoNA 698	0.07	0.06	0	<i>Paracoccus</i> sp. mdw-1	AY819696	100	ND
IoNA 707	0.02	0.18	0.03	<i>Sphingomonas</i> sp. DhA-95	AF177917	99	Soil
IoNA 713	0.12	0	0	<i>Sphingomonas</i> sp. BAC151	EU131005	97	Water
IoNA 719	0.32	0.34	0.59	<i>Brevundimonas vesicularis</i>	AJ007801	100	ND
IoNA 724	0.02	0	0	uncultured bacterium	FM874399	96	Dust
IoNA 727	0.27	0	0.31	uncultured alpha proteobacterium	EU979061	100	Soil
IoNA 733	0.48	0	0	<i>Bosea vestrisii</i> (T)	AF288306	100	Water
IoNA 741	0.05	0	0.03	uncultured bacterium	AM697239	100	Dust
IoNA 746	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF166617	90	Skin
IoNA 758	0.09	0	0	uncultured bacterium	DQ116009	99	OE
IoNA 764	0.02	0	0	alpha proteobacterium A40	AB302355	100	Water
IoNA 767	0.04	0.12	0.03	uncultured bacterium	DQ129295	99	Air
IoNA 769	0.05	0	0	alpha proteobacterium P73	FM211705	99	ND
IoNA 773	0.04	0	0	uncultured bacterium	GU444069	96	Soil
IoNA 777	0.18	0	0.03	<i>Oligotropha carboxidovorans</i>	AB099659	100	Waste
IoNA 778	0.02	0	0	uncultured bacterium	DQ532218	98	Clean Room
IoNA 779	0.12	0.25	0.14	uncultured soil bacterium	DQ248246	99	Soil
IoNA 784	0.14	0.28	0.06	uncultured bacterium	FM874513	100	Dust
IoNA 799	0.02	0	0	<i>Rhodobacter</i> sp. LW4	FM956479	98	Water
IoNA 800	0.09	0	0	<i>Gluconobacter cerinus</i>	X80775	100	ND
IoNA 810	0.04	0	0	uncultured sludge bacterium A10	AF234758	98	Waste
IoNA 817	0.09	0	0.03	uncultured alpha proteobacterium	AY792285	99	Water
IoNA 827	0.02	0	0.03	uncultured bacterium	HM273125	100	Skin
IoNA 830	0.07	0.28	0.14	<i>Methylobacterium</i> sp. 475	FN868955	100	Air
IoNA 831	0.02	0	0	uncultured bacterium	AM697385	98	Dust
IoNA 832	0.09	0	0	uncultured bacterium	JF072424	100	Skin
IoNA 839	0.07	0.03	0.03	uncultured bacterium	DQ823178	98	OE
IoNA 840	0.02	0	0	uncultured bacterium	GQ396945	96	Soil
IoNA 843	0.14	0	0	<i>Roseomonas genomospecies 5</i>	AY150049	98	ND
IoNA 844	0.09	0	0.17	uncultured bacterium	EF632862	100	Water
IoNA 854	0.20	0.22	0.14	uncultured bacterium	HM811126	97	Skin
IoNA 865	0.14	0.12	0	uncultured bacterium	HM366527	99	Air
IoNA 872	0.09	0.03	0.03	<i>Paracoccus</i> sp. T231	AF376134	98	ND
IoNA 874	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM304108	97	Skin
IoNA 882	0.16	0	0.06	uncultured soil bacterium	DQ248302	100	Soil
IoNA 887	0.30	0.09	0	uncultured bacterium	GQ012850	100	Skin
IoNA 895	0.02	0	0	uncultured <i>Rubellimicrobium</i> sp.	JF833733	98	Soil
IoNA 907	0.07	0.03	0.06	uncultured bacterium	FM209345	99	Soil
IoNA 911	0.07	0.09	0	uncultured alpha proteobacterium	FM866280	99	OE
IoNA 918	0.07	0	0	uncultured <i>Rhodobacteraceae</i> bacterium	FJ543071	99	OE
IoNA 923	0.02	0	0	uncultured <i>Sphingomonadaceae</i> bacterium	AM935076	100	Soil
IoNA 935	0.02	0	0	uncultured bacterium	FM874399	96	Dust
IoNA 937	0.12	0	0.39	uncultured bacterium	GQ097313	100	Skin
IoNA 942	0.02	0	0	<i>Roseomonas</i> sp. BZ31r	HQ588841	97	Soil
IoNA 946	0.04	0.25	0	uncultured bacterium	FM874399	96	Dust
IoNA 947	0.07	0.06	0.03	uncultured bacterium	HM332615	100	Skin
IoNA 948	0.02	0	0	<i>Bradyrhizobium yuanmingense</i>	AB601626	99	OE
IoNA 971	0.02	0.06	0	uncultured alpha proteobacterium	HQ132433	98	Soil
IoNA 978	0.02	0.03	0	uncultured bacterium	HM273125	100	Skin
IoNA 981	0.05	0	0	uncultured bacterium	FJ595614	99	OE
IoNA 983	0.02	0	0	<i>Azospirillum</i> sp. enrichment culture clone Pn2_1.2	GQ181133	95	OE
IoNA 989	0.05	0.46	0.20	<i>Amaricoccus kaplicensis</i> (T)	U88041	99	Waste
IoNA 993	0.07	0	0	<i>Sphingomonas</i> sp. Alpha1-2	AY771794	100	Soil
IoNA 994	0.04	0.09	0.11	uncultured eubacterium	AJ224989	99	Water
IoNA 1003	0.14	0.22	0.31	<i>Brevundimonas variabilis</i> (T)	AJ227783	100	ND
IoNA 1006	0.04	0	0	uncultured bacterium	DQ129305	100	Air
IoNA 1009	0.02	0	0	<i>Paracoccus alcaliphilus</i>	D32238	98	ND
IoNA 1012	0.05	0.12	0.06	uncultured endolithic bacterium	AB473915	100	Water
IoNA 1014	0.09	0.03	0	<i>Sphingobium yanoikuyae</i>	X85023	100	ND
IoNA 1018	0.02	0.18	0.14	<i>Rhizobium</i> sp. rob18	AJ271901	100	ND
IoNA 1020	0.05	0	0	Gram-negative bacterium DM 2	AJ440750	100	ND
IoNA 1026	0.04	0.15	0	<i>Sphingomonas</i> sp. BR12195	DQ340858	100	OE
IoNA 1030	0.14	0	0	uncultured bacterium	FJ477326	100	Sediment
IoNA 1035	0.04	0	0	<i>Roseomonas frigidaquae</i> (T)	EU290160	97	Water
IoNA 1038	0.04	0	0	uncultured bacterium	HM128975	100	Water
IoNA 1039	0.11	0.09	0.03	<i>Roseomonas frigidaquae</i> (T)	EU290160	98	Water
IoNA 1046	0.11	0.43	0	uncultured bacterium	GQ263439	99	Waste
IoNA 1051	0.02	0.74	0	uncultured bacterium	AM697467	100	Dust
IoNA 1052	0.04	0	0	uncultured bacterium	HM333404	98	Skin
IoNA 1053	0.02	0	0	<i>Sphingomonas</i> sp. 1P06PA	EU977746	98	Clean Room
IoNA 1054	0.05	0	0.08	uncultured <i>Rubellimicrobium</i> sp.	JF833733	100	Soil
IoNA 1061	0.11	0.12	0.11	uncultured bacterium	DQ532256	99	Clean Room
IoNA 1068	0.11	0	0	uncultured bacterium	GU444069	96	Soil
IoNA 1074	0.02	0	0	uncultured bacterium	DQ532236	98	Clean Room
IoNA 1084	0.23	0.22	0.08	uncultured bacterium	EU676399	100	Soil
IoNA 1086	0.07	0	0.03	<i>Aurantimonas altamirensis</i>	EU442517	100	Human

IoNA 1088	0.04	0	0	<i>Paracoccus yeei</i>	AY014169	100	OE
IoNA 1100	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532236	98	Clean Room
IoNA 1103	0.05	0	0	<i>Sphingomonas</i> sp. MD-1	AB110635	100	Water
IoNA 1119	0.02	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. KKL-A6	AB185958	98	Water
IoNA 1120	0.02	0	0.03	<i>Sphingomonas</i> sp. BAC151	EU131005	96	Water
IoNA 1122	0.11	0	0.08	<i>Mesorhizobium chacoense</i> (T)	AJ278249	98	ND
IoNA 1123	0.02	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AY662027	100	Water
IoNA 1124	0.07	0	0	<i>uncultured Sphingomonas</i> sp.	HM438605	100	Soil
IoNA 1125	0.09	0.03	0.03	<i>uncultured Sphingomonas</i> sp.	AF408323	100	Clean Room
IoNA 1130	0.02	0.03	0.03	<i>Methylobacterium</i> sp. OS-16.b	AM237344	100	Dust
IoNA 1140	0.04	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM697325	100	Dust
IoNA 1141	0.04	0	0	<i>Sphingomonas</i> sp. SKJH-30	AY749436	100	ND
IoNA 1142	0.04	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. R-24342	AM231051	98	Waste
IoNA 1151	0.05	0.18	0	<i>uncultured alpha proteobacterium</i> UP3	AF200697	97	ND
IoNA 1153	0.02	0.09	0	<i>Methylobacterium aquaticum</i> (T)	AJ635303	100	Water
IoNA 1163	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GU444076	99	Soil
IoNA 1165	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM333404	100	Skin
IoNA 1169	0.02	0	0	<i>uncultured endolithic bacterium</i>	AB473919	95	Water
IoNA 1180	0.05	0	0	<i>Sphingomonas aurantiaca</i>	AJ429237	99	Air
IoNA 1195	0.05	0.25	0.03	<i>Paracoccus</i> sp.	AJ012067	100	OE
IoNA 1202	0.04	0.03	0.06	<i>Methylobacterium</i> sp. OS-16.b	AM237344	98	Dust
IoNA 1210	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF207161	100	Skin
IoNA 1216	0.07	0	0	<i>Rhodobacter</i> sp. DQ12-45T	EF186075	99	ND
IoNA 1222	0.04	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM468014	98	OE
IoNA 1225	0.07	0	0	<i>Methylobacterium variabile</i>	AB302931	100	ND
IoNA 1226	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AF407723	98	OE
IoNA 1229	0.02	0	0				
IoNA 1232	0.02	0	0	<i>alpha proteobacterium</i> CRIB-03	DQ123620	95	Water
IoNA 1233	0.04	0	0				
IoNA 1234	0.02	0	0	<i>Rhizobium</i> sp. Alm-6	EF364377	97	OE
IoNA 1245	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ263439	99	Waste
IoNA 1251	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM209345	96	Soil
IoNA 1260	0.02	0	0				
IoNA 1264	0.02	0.22	0	<i>Roseomonas</i> sp. BZ31r	HQ588841	96	Soil
IoNA 1265	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532166	96	Clean Room
IoNA 1268	0.04	0.12	0.06	<i>Brevundimonas</i> sp. MCS17	AJ227799	99	ND
IoNA 1269	0.05	0	0	<i>Rhizobium</i> sp. J34	AJ864848	98	OE
IoNA 1278	0.02	0	0	<i>Rubellimicrobium aerolatum</i> (T)	EU338486	96	Air
IoNA 1290	0.02	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF178895	100	Skin
IoNA 1297	0.02	0	0.03	<i>Paracoccus carotinifaciens</i> (T)	AB006899	100	ND
IoNA 1299	0.02	0.03	0	<i>uncultured proteobacterium</i>	EF682989	98	Air
IoNA 1302	0.02	0	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	EU580507	99	Water
IoNA 1307	0.05	0.06	0.06	<i>Microvirga aerophilus</i>	GQ421848	100	ND
IoNA 1308	0.04	0.18	0	<i>uncultured bacterium</i>	GU225974	100	OE
IoNA 1310	0.05	0.15	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532236	99	Clean Room
IoNA 1312	0.05	0.28	0.22	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	FN811203	100	Soil
IoNA 1316	0.11	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532166	96	Clean Room
IoNA 1320	0.04	0.12	0.06	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU861849	100	Soil
IoNA 1328	0.02	0	0.03	<i>Caulobacter vibrioides</i> (T)	AJ009957	99	ND
IoNA 1337	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU803336	95	Water
IoNA 1341	0.04	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ152838	98	Soil
IoNA 1351	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF207161	100	Skin
IoNA 1365	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF157121	98	OE
IoNA 1366	0.02	0	0	<i>Methylobacterium</i> sp. RB978	AB252210	98	Water
IoNA 1371	0.09	0	0.06	<i>Sphingomonadaceae bacterium</i> PB59	AB220107	100	Water
IoNA 1376	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF166617	97	Skin
IoNA 1380	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ397050	100	Soil
IoNA 1383	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ697793	98	Soil
IoNA 1385	0.02	0.18	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FN421544	100	OE
IoNA 1389	0.02	0	0	<i>Sphingomonas</i> sp. p31(2011)	HQ652570	96	OE
IoNA 1392	0.02	0	0	<i>Aurantimonas</i> sp. FB13	AM933504	100	Soil
IoNA 1395	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU344943	100	OE
IoNA 1397	0.12	0.09	0	<i>Paracoccus</i> sp. MJ17	GQ250442	100	Waste
IoNA 1401	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ856552	100	OE
IoNA 1402	0.02	0	0	<i>Paracoccus</i> sp. KKL-A6	AB185958	98	Water
IoNA 1407	0.04	0.09	0.03	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	100	OE
IoNA 1409	0.02	0.06	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	GQ396909	99	Soil
IoNA 1421	0.02	0.12	0.06	<i>Phenylobacterium</i> sp. G26	AY035307	100	ND
IoNA 1437	0.02	0	0.03	<i>Rhodobacter</i> sp. TCRI 5	AB017797	99	ND
IoNA 1439	0.04	0	0	<i>uncultured proteobacterium</i>	EF682988	98	Air
IoNA 1446	0.02	0	0	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU861940	100	OE
IoNA 1451	0.02	0	0	<i>Erythrobacter litoralis</i> HTCC2594	CP000157	100	ND
IoNA 1457	0.02	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FJ479361	100	Soil
IoNA 1462	0.02	0	0	<i>uncultured Sphingosinicella</i> sp.	HM438641	98	Soil
IoNA 1469	0.02	0.12	0.08	<i>Caulobacter henricii</i> (T)	AJ227758	100	ND
IoNA 1476	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU835408	100	OE
IoNA 1482	0.04	0.12	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM316587	98	Skin
IoNA 1484	0.02	0	0	<i>Paracoccus solventivorans</i> (T)	AY014175	98	OE
IoNA 1498	0.02	0.09	0.03	<i>Sphingomonas kaistensis</i> (T)	AY769083	99	ND
IoNA 1502	0.02	0.09	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM697005	100	Dust
IoNA 1505	0.02	0	0.14	<i>uncultured alpha proteobacterium</i>	AF445680	100	OE

IoNA 1511	0.02	0	0.06	<i>Amaricoccus kaplicensis</i> (T)	U88041	96	Waste
IoNA 1514	0.02	0.03	0	uncultured bacterium	GU272287	100	OE
IoNA 1526	0.02	0.03	0	<i>alpha proteobacterium</i> AMI-WT	AB269687	99	Sediment
IoNA 1534	0.02	0	0	<i>Paracraurococcus</i> sp. ORS 1473	AJ968702	98	OE
IoNA 1537	0.02	0	0.03	<i>Paracoccus marcusii</i>	EF491972	100	OE
IoNA 1538	0.02	0.06	0	<i>Methylobacterium</i> sp. BF15	Z23160	100	Air
IoNA 1539	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF207161	98	Skin
IoNA 1547	0.02	0	0	uncultured bacterium	AM697086	99	Dust
IoNA 1548	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM811126	98	Skin
IoNA 1556	0.04	0	0	uncultured bacterium	HM273659	100	Skin
IoNA 1557	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM316587	100	Skin
IoNA 1575	0.02	0	0	<i>Methylobacterium podarium</i>	AY468363	100	Human
IoNA 1586	0.02	0	0.06	uncultured bacterium	HM124389	98	Sediment
IoNA 1587	0.02	0.03	0	<i>Paracoccus</i> sp. R-25058	AM084019	99	ND
IoNA 1607	0	0.03	0	uncultured bacterium	HQ864147	98	Soil
IoNA 1614	0	0.03	0	uncultured <i>alpha proteobacterium</i>	HQ622721	95	OE
IoNA 1619	0	0.28	0.06	<i>Afipia</i> genosp. 7	U87773	99	ND
IoNA 1632	0	0.03	0	uncultured <i>alpha proteobacterium</i> UP3	AF200697	98	ND
IoNA 1648	0	0.03	0	uncultured bacterium	FM874399	97	Dust
IoNA 1666	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	FN421590	100	OE
IoNA 1675	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF223124	96	Skin
IoNA 1697	0	0.03	0	uncultured bacterium	FN421910	100	OE
IoNA 1723	0	0.06	0.06	uncultured soil bacterium	DQ297948	99	Soil
IoNA 1725	0	0.25	0	uncultured bacterium	FM872748	100	Dust
IoNA 1731	0	0.12	0.11	<i>Sphingomonas</i> sp. C16y	GQ253122	100	Soil
IoNA 1737	0	0.03	0	blackwater bioreactor bacterium BW23	AF394174	99	Waste
IoNA 1743	0	0.12	0	uncultured bacterium	DQ532166	95	Clean Room
IoNA 1748	0	0.06	0	uncultured <i>alpha proteobacterium</i>	FN811203	98	Soil
IoNA 1762	0	0.06	0	uncultured bacterium	FJ152906	95	Soil
IoNA 1765	0	0.03	0	<i>Amaricoccus kaplicensis</i> (T)	U88041	100	Waste
IoNA 1769	0	0.03	0	bacterium WM06i_B6A	HM989890	98	OE
IoNA 1772	0	0.09	0	<i>Methylobacterium</i> sp. SKJH-1	AY741724	99	ND
IoNA 1785	0	0.06	0	uncultured bacterium	AB237664	98	Water
IoNA 1790	0	0.03	0	uncultured bacterium	AB552908	97	Water
IoNA 1793	0	0.06	0	uncultured endolithic bacterium	AB473899	97	Water
IoNA 1798	0	0.06	0	uncultured bacterium	GQ059294	98	Skin
IoNA 1801	0	0.03	0	uncultured bacterium	HQ190547	99	OE
IoNA 1809	0	0.03	0	uncultured <i>Sphingomonas</i> sp.	JF833710	98	Soil
IoNA 1819	0	0.03	0	uncultured bacterium	HM468014	97	OE
IoNA 1820	0	0.06	0	<i>Paracoccus</i> sp. KD58-7	GU721028	98	ND
IoNA 1822	0	0.03	0	uncultured bacterium	AM697590	98	Dust
IoNA 1842	0	0.12	0	uncultured <i>alpha proteobacterium</i>	HQ622721	96	OE
IoNA 1852	0	0.22	0	uncultured bacterium	AM697235	100	Dust
IoNA 1870	0	0.03	0	uncultured bacterium	AM696849	99	Dust
IoNA 1875	0	0.03	0.03	<i>Aurantimonas</i> sp. FB13	AM933504	99	Soil
IoNA 1893	0	0.09	0	uncultured bacterium	EU289439	100	OE
IoNA 1899	0	0.12	0.11	uncultured bacterium	DQ088797	99	OE
IoNA 1901	0	0.03	0	<i>Methylobacterium</i> sp. 475	FN868955	97	Air
IoNA 1905	0	0.03	0	<i>Sphingomonas</i> sp. CHNTR37	DQ337575	99	Soil
IoNA 1910	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF180892	99	Skin
IoNA 1913	0	0.03	0	<i>Methylobacteriaceae bacterium</i> KVD-1921-03	DQ490352	100	OE
IoNA 1924	0	0.09	0.08	<i>Novosphingobium</i> sp. N8	GU086416	100	OE
IoNA 1929	0	0.06	0	uncultured bacterium	AM697239	98	Dust
IoNA 1944	0	0.06	0	<i>Sphingopyxis</i> sp. C-1	AB161684	100	Water
IoNA 1947	0	0.09	0	uncultured <i>Xanthobacter</i> sp.	FJ542831	100	OE
IoNA 1949	0	0.03	0	<i>Methylobacterium extorquens</i>	AF267912	99	OE
IoNA 1950	0	0.06	0				
IoNA 1957	0	0.09	0	uncultured <i>alpha proteobacterium</i>	FM242426	96	Sediment
IoNA 1960	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	EU465066	100	OE
IoNA 1962	0	0.03	0.06	<i>Brevundimonas diminuta</i>	X87274	100	ND
IoNA 1964	0	0.09	0				
IoNA 1971	0	0.03	0	uncultured bacterium	EU881311	99	Soil
IoNA 1973	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ263418	99	Waste
IoNA 1974	0	0.03	0	uncultured <i>alpha proteobacterium</i>	FM242426	95	Sediment
IoNA 1975	0	0.03	0.20	uncultured bacterium	HQ645197	99	Soil
IoNA 1979	0	0.03	0	uncultured bacterium	AM697237	96	Dust
IoNA 1990	0	0.12	0	uncultured bacterium	EU676401	96	Soil
IoNA 1993	0	0.03	0	<i>Paracoccus</i> sp. SA5	AY864654	100	OE
IoNA 1999	0	0.03	0	uncultured bacterium	EU133429	99	Soil
IoNA 2000	0	0.03	0	<i>Paracoccus marcusii</i> (T)	Y12703	100	ND
IoNA 2008	0	0.03	0	<i>Aliihoeflea aestuarii</i>	EF660756	100	ND
IoNA 2010	0	0.18	0.11	uncultured bacterium	AM696849	98	Dust
IoNA 2014	0	0.06	0	uncultured <i>alpha proteobacterium</i>	HM241098	97	OE
IoNA 2016	0	0.03	0	<i>Paracoccus</i> sp. KKL-A6	AB185958	97	Water
IoNA 2017	0	0.09	0	uncultured bacterium	GU061852	100	Water
IoNA 2018	0	0.09	0	uncultured <i>Amaricoccus</i> sp.	EU071538	98	OE
IoNA 2024	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	GQ263418	98	Waste
IoNA 2026	0	0.03	0	<i>Sphingomonas</i> sp. DR1	FJ464980	100	Water
IoNA 2033	0	0.06	0	<i>Rhodopila globiformis</i> (T)	D86513	97	ND
IoNA 2048	0	0.03	0	<i>Rhodobacter</i> sp. CCBAU 10883	HQ437162	100	OE
IoNA 2049	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ263418	98	Waste

IoNA 2050	0	0.03	0				
IoNA 2070	0	0.15	0.06	<i>Rhizobium</i> sp. PF-M	DQ202284	100	OE
IoNA 2071	0	0.03	0	uncultured bacterium	DQ532236	99	Clean Room
IoNA 2075	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ263439	98	Waste
IoNA 2078	0	0.06	0	uncultured bacterium	JF176136	99	Skin
IoNA 2082	0	0.03	0	uncultured bacterium	FM874383	100	Dust
IoNA 2086	0	0.06	0	<i>Rhodobacter sphaeroides</i> (T)	X53853	99	ND
IoNA 2090	0	0.09	0	uncultured alpha proteobacterium	HQ595211	97	OE
IoNA 2091	0	0.03	0	uncultured bacterium	DQ532236	97	Clean Room
IoNA 2095	0	0.12	0	uncultured Acetobacteraceae bacterium	FJ228277	98	Sediment
IoNA 2096	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF175276	98	Skin
IoNA 2117	0	0.06	0.17	uncultured bacterium	FM873182	99	Dust
IoNA 2128	0	0.03	0	<i>Amaricoccus kaplicensis</i> (T)	U88041	100	Waste
IoNA 2129	0	0.03	0	uncultured bacterium	FM873182	95	Dust
IoNA 2132	0	0.15	0	uncultured bacterium	HQ910258	95	Soil
IoNA 2148	0	0.03	0	uncultured <i>Amaricoccus</i> sp.	EU071538	98	OE
IoNA 2156	0	0.03	0	uncultured alpha proteobacterium	EF612401	98	Soil
IoNA 2157	0	0.03	0.03	<i>Altererythrobacter</i> sp. AMV9	FN397680	98	Soil
IoNA 2160	0	0.03	0	uncultured bacterium	FM874399	96	Dust
IoNA 2194	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ263439	99	Waste
IoNA 2199	0	0.03	0	<i>Amaricoccus kaplicensis</i> (T)	U88041	100	Waste
IoNA 2206	0	0.03	0	<i>Sphingomonas</i> sp. KHI 67	HM204924	100	Soil
IoNA 2214	0	0	0.03	uncultured <i>Rhodobacter</i> sp.	EU073791	99	OE
IoNA 2218	0	0	0.03	uncultured marine bacterium	FJ825793	95	Water
IoNA 2223	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ864147	97	Soil
IoNA 2234	0	0	0.03	uncultured organism	EU332800	98	OE
IoNA 2243	0	0	0.17	uncultured bacterium	DQ129611	97	Air
IoNA 2246	0	0	0.03	uncultured bacterium	AY957924	100	Water
IoNA 2254	0	0	0.08	<i>Rhodobacter</i> sp. M2T8B7	GQ246710	100	OE
IoNA 2260	0	0	0.20	<i>Paracoccus denitrificans</i>	Y17511	98	ND
IoNA 2265	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ088797	99	OE
IoNA 2284	0	0	0.03	uncultured bacterium	FR667304	98	Water
IoNA 2335	0	0	0.20	<i>Sphingomonadaceae</i> bacterium ZC8	FJ263045	100	OE
IoNA 2339	0	0	0.06	uncultured alpha proteobacterium	AB257635	98	Water
IoNA 2340	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ670980	99	OE
IoNA 2359	0	0	0.14	<i>Rhodobacter</i> sp. B-7005	AY172658	99	ND
IoNA 2384	0	0	0.08	uncultured bacterium	EU881092	99	Soil
IoNA 2397	0	0	0.06	uncultured bacterium	FM872919	98	Dust
IoNA 2400	0	0	0.08	<i>Mesorhizobium</i> sp. HL56	AF041445	98	Soil
IoNA 2403	0	0	0.39	uncultured bacterium	EU386082	97	Sediment
IoNA 2420	0	0	0.06	uncultured bacterium	GQ500881	100	OE
IoNA 2422	0	0	0.08	uncultured bacterium	DQ532166	95	Clean Room
IoNA 2433	0	0	0.14	uncultured bacterium	DQ814240	100	OE
IoNA 2437	0	0	0.03	uncultured <i>Amaricoccus</i> sp.	EU071538	96	OE
IoNA 2458	0	0	0.03	<i>Azorhizobium caulinodans</i> ORS 571	AP009384	98	ND
IoNA 2460	0	0	0.06	uncultured endolithic bacterium	AB473899	95	Water
IoNA 2474	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF574984	98	Water
IoNA 2488	0	0	0.08	uncultured alpha proteobacterium	FJ535114	100	Water
IoNA 2497	0	0	0.14	<i>Erythrobacter</i> sp. SD-21	AF325445	100	ND
IoNA 2505	0	0	0.17	<i>Brevundimonas intermedia</i> (T)	AJ227786	100	ND
IoNA 2521	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ088797	98	OE
IoNA 2525	0	0	0.11	uncultured bacterium	FJ478521	99	Soil
IoNA 2528	0	0	0.03	<i>Oceanicola granulosus</i>	AY424897	99	ND
IoNA 2538	0	0	0.06	uncultured bacterium	FM872519	98	Dust
IoNA 2546	0	0	0.20	uncultured alpha proteobacterium	AB257635	99	Water
IoNA 2549	0	0	0.06	uncultured bacterium	AY212689	100	Water
IoNA 2557	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ478730	100	Soil
IoNA 2561	0	0	0.08	uncultured bacterium	FJ152890	95	Soil
IoNA 2568	0	0	0.11	<i>Acetobacter indonesiensis</i>	AB032353	100	ND
IoNA 2571	0	0	0.08	<i>Ancylobacter</i> sp. DSM 1107	AY211514	100	ND
IoNA 2575	0	0	0.17	uncultured bacterium	EF516482	100	Soil
IoNA 2578	0	0	0.06	<i>Brevundimonas vesicularis</i> (T)	AJ227780	99	ND
IoNA 2584	0	0	0.08				
IoNA 2590	0	0	0.06	uncultured bacterium	AM696849	100	Dust
IoNA 2596	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ479209	99	Soil
IoNA 2601	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF177004	98	Skin
IoNA 2623	0	0	0.08	uncultured organism	EU332800	100	OE
IoNA 2625	0	0	0.03	<i>Mesorhizobium tianshanense</i> (T)	AF041447	99	Soil
IoNA 2634	0	0	0.08	uncultured alpha proteobacterium	EF188427	98	OE
IoNA 2638	0	0	0.03	<i>Roseococcus</i> sp. LW5	FM956480	96	Water
IoNA 2668	0	0	0.11	uncultured bacterium	GQ396915	100	Soil
IoNA 2681	0	0	0.11	uncultured bacterium	HM277020	100	Skin
IoNA 2684	0	0	0.03	<i>Mesorhizobium</i> sp. N39	AF282927	100	OE
IoNA 2685	0	0	0.03	<i>Ochrobactrum</i> sp. TK14	AJ550273	97	Soil
IoNA 2691	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU234186	98	Waste
IoNA 2712	0	0	0.03	uncultured <i>Sphingomonadaceae</i> bacterium	AB478689	99	OE
IoNA 2715	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF033420	100	ND
IoNA 2718	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ984595	99	OE
IoNA 2719	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM874399	97	Dust
IoNA 2722	0	0	0.03				
IoNA 2739	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ823178	97	OE

IoNA 2744	0	0	0.06	<i>bacterium TP-Snow-C39</i>	HQ327148	100	OE
IoNA 2767	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	HM366488	100	Air
IoNA 2768	0	0	0.03	<i>Azospirillum sp. enrichment culture clone Pn2_1.2</i>	GQ181133	96	OE
IoNA 2775	0	0	0.03	<i>Caulobacter fusiformis (T)</i>	AJ227759	99	ND
IoNA 2782	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM333411	98	Skin
IoNA 2796	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AM697239	99	Dust
IoNA 2801	0	0	0.11	<i>uncultured Rhodobacter sp.</i>	EU073791	99	OE
IoNA 2802	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ500881	99	OE
IoNA 2809	0	0	0.03	<i>Paracoccus sp. JL1080</i>	DQ985061	98	Water
IoNA 2810	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AM696938	99	Dust
IoNA 2828	0	0	0.06	<i>Bosea thiooxidans (T)</i>	AJ250796	96	OE
IoNA 2840	0	0	0.06	<i>Ochrobactrum sp. Azn6.1</i>	EF587906	99	ND
IoNA 2841	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HQ645164	98	Soil
IoNA 2843	0	0	0.06	<i>alpha proteobacterium Kaza-27</i>	AF441726	100	Soil
IoNA 2849	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FM872995	100	Dust
IoNA 2853	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EU234186	98	Waste
IoNA 2864	0	0	0.03	<i>Roseomonas sp. BZ31r</i>	HQ588841	99	Soil
IoNA 2866	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532236	97	Clean Room
IoNA 2891	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	DQ115997	98	OE
IoNA 2915	0	0	0.03	<i>Roseomonas stagni (T)</i>	AB369258	95	Water
IoNA 2919	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AM697086	96	Dust
IoNA 2929	0	0	0.03	<i>Rhizobium sp. PF-M</i>	DQ202284	100	OE
IoNA 2931	0	0	0.03	<i>uncultured Kaistobacter sp.</i>	EU440723	94	Soil
IoNA 2933	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FN421693	99	OE
IoNA 2952	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129295	98	Air
IoNA 2953	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM066415	100	ND
IoNA 2960	0	0	0.03	<i>Mesorhizobium sp. HL56</i>	AF041445	99	Soil
IoNA 2969	0	0	0.03	<i>Paracoccus sp. YT0095</i>	AB362825	98	ND
IoNA 2970	0	0	0.03	<i>Methylobacterium sp. GSL-1</i>	AB500945	100	OE
<i>Betaproteobacteria</i> : 145 phylotypes, 1735 séquences							
IoNA 23	0.02	0	0	<i>Cupriavidus necator H16</i>	AM260479	99	ND
IoNA 35	0.76	0.77	0.25	<i>bacterium enrichment culture clone SBIa29</i>	GU134919	100	ND
IoNA 41	1.94	1.42	1.34	<i>uncultured eubacterium WD285</i>	AJ292644	100	Soil
IoNA 62	0.21	0.18	0.06	<i>Burkholderia sp.</i>	U37344	100	Soil
IoNA 91	0.18	0.09	0	<i>Janthinobacterium sp. IC161</i>	AB196254	99	ND
IoNA 107	0.62	0.31	0.36	<i>Herbaspirillum huttiense (T)</i>	AB021366	100	ND
IoNA 135	0.55	0.52	0.67	<i>uncultured bacterium</i>	AM697098	100	dust
IoNA 144	0.02	0.09	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	AM697098	100	Dust
IoNA 161	0.09	0	0	<i>Polynucleobacter necessarius subsp. asymbioticus</i>	AM110088	100	Water
IoNA 175	1.42	0	0	<i>uncultured Bacillus sp.</i>	EU567044	99	Soil
IoNA 186	0.28	0.62	0.87	<i>uncultured bacterium</i>	AM696992	100	Dust
IoNA 203	0.12	0.15	0.28	<i>uncultured bacterium</i>	EU431681	100	OE
IoNA 209	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532247	100	Clean Room
IoNA 213	0.11	0.15	0.06	<i>Wautersia numazuensis (T)</i>	AB104447	99	ND
IoNA 215	0.05	0	0.03	<i>Tetrathlobacter mimigardefordensis (T)</i>	AY880023	99	Compost
IoNA 222	0.07	0.06	0.17	<i>Burkholderia fungorum</i>	AB091182	99	ND
IoNA 231	0.18	0	0.20	<i>uncultured beta proteobacterium</i>	AM849440	100	ND
IoNA 244	0.11	0.34	0.39	<i>uncultured soil bacterium</i>	DQ248255	100	Soil
IoNA 250	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ839497	97	ND
IoNA 284	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium S23</i>	AF072921	98	OE
IoNA 286	0.30	1.11	0.22	<i>uncultured proteobacterium OCS7</i>	AF001645	100	OE
IoNA 295	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU104263	99	Waste
IoNA 297	0.34	1.75	0.75	<i>uncultured proteobacterium OCS7</i>	AF001645	100	OE
IoNA 303	0.41	0	0.39	<i>Zoogloea ramigera</i>	X74914	99	ND
IoNA 307	0.11	0.09	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ396932	100	Soil
IoNA 314	0.34	0.09	0.31	<i>uncultured bacterium</i>	JF198190	100	Skin
IoNA 340	0.21	0.25	0.08	<i>Burkholderia sp.</i>	U37344	100	Soil
IoNA 348	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM873876	100	Dust
IoNA 352	0.37	0.43	1.12	<i>uncultured bacterium</i>	EU431681	100	OE
IoNA 378	0.09	0.40	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FM209303	99	Soil
IoNA 389	0.11	0.37	0.11	<i>Diaphorobacter nitroreducens (T)</i>	AB064317	100	Waste
IoNA 390	0.25	0.03	0.20	<i>Neisseria polysaccharea</i>	AJ239298	100	ND
IoNA 395	0.07	0	0	<i>uncultured Aquabacterium sp.</i>	AF523027	99	Water
IoNA 397	0.23	0	0.70	<i>uncultured bacterium</i>	FJ716905	100	Sediment
IoNA 402	0.07	0	0	<i>Variovorax sp. 2C1-b</i>	HQ385753	100	OE
IoNA 416	0.04	0.15	0	<i>beta proteobacterium ASRB1</i>	AY612302	100	OE
IoNA 431	0.12	0	0.20	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU861944	100	OE
IoNA 449	0.02	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	AM697098	99	Dust
IoNA 456	0.12	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	AM991168	100	Water
IoNA 498	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU835430	98	OE
IoNA 509	0.14	1.23	0.89	<i>uncultured hydrocarbon seep bacterium BPC087</i>	AF154097	100	Sediment
IoNA 513	0.02	0	0.17	<i>uncultured bacterium</i>	JF429377	100	Water
IoNA 536	0.04	0	0.03	<i>uncultured proteobacterium OCS7</i>	AF001645	98	OE
IoNA 539	0.09	0	0.08	<i>uncultured Kingella sp.</i>	AM420233	100	Human
IoNA 543	0.02	0.06	0.03	<i>Alcaligenes faecalis subsp. faecalis</i>	AJ508999	100	OE
IoNA 548	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF632936	97	Sediment
IoNA 556	0.14	0	0	<i>Schlegelella thermodepolymerans</i>	AY538709	100	Water
IoNA 604	0.16	0.15	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HQ327181	98	OE
IoNA 611	0.02	0	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	FM873692	100	Dust
IoNA 623	0.23	0.03	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AY250101	100	Sediment
IoNA 645	0.16	0.06	0	<i>Kartchner Caverns bacterium MI-10a</i>	DQ180953	100	OE

IoNA 662	0.04	0.06	0	uncultured bacterium	AY662011	98	Water
IoNA 665	0.27	0.09	0	uncultured bacterium	DQ532247	100	Clean Room
IoNA 674	0.23	0	0	uncultured Comamonas sp.	AF408328	100	Clean Room
IoNA 717	0.02	0.06	0.20	uncultured bacterium	FM209323	100	Soil
IoNA 726	0.11	0.12	0.36	uncultured bacterium	AM697182	100	Dust
IoNA 732	0.04	0.03	0.08	<i>Tetrathlobacter mimigardefordensis</i> (T)	AY880023	99	Compost
IoNA 761	0.04	0	0	uncultured bacterium	AY212683	100	Water
IoNA 793	0.02	0	0	<i>Nitrosospira</i> sp. R3c5	AF386756	100	OE
IoNA 801	0.09	0	0.14	uncultured <i>Hydrogenophaga</i> sp.	AF523010	100	Water
IoNA 804	0.27	0.03	0.06	<i>Variovorax</i> sp. RKS7-5	EU934231	100	Soil
IoNA 806	0.02	0	0	<i>beta</i> proteobacterium pCyN2	Y17285	99	ND
IoNA 821	0.02	0	0.08	uncultured <i>beta</i> proteobacterium	FJ517015	99	Water
IoNA 836	0.12	0	0.08	<i>beta</i> proteobacterium BAC28	EU180526	100	OE
IoNA 849	0.12	0	0.08	uncultured <i>beta</i> proteobacterium	FJ358861	100	Sediment
IoNA 855	0.02	0	0	<i>Herbaspirillum</i> sp. B601	AY953141	98	OE
IoNA 862	0.05	0.15	0.25	<i>Acidovorax</i> sp. 98-63833	AY258065	100	Human
IoNA 880	0.04	0	0.03	uncultured <i>Comamonas</i> sp.	DQ234174	100	Water
IoNA 883	0.04	0.25	0.17	<i>Achromobacter xylosoxidans</i> subsp. <i>xylosoxidans</i>	AJ491845	100	Soil
IoNA 893	0.02	0	0	uncultured <i>Burkholderia</i> sp.	JF833513	95	Soil
IoNA 904	0.04	0	0	uncultured bacterium	AY676493	100	OE
IoNA 969	0.02	0.06	0	uncultured bacterium	AY491563	100	OE
IoNA 973	0.02	0	0	uncultured bacterium	EF632936	100	Sediment
IoNA 980	0.14	0	0.39	<i>Acidovorax</i> sp. G8B1	AJ012071	100	OE
IoNA 1017	0.11	0	0	uncultured <i>Vitreoscilla</i> sp.	GQ249355	100	OE
IoNA 1029	0.11	0	0	<i>beta</i> proteobacterium pCyN2	Y17285	100	ND
IoNA 1067	0.12	0.18	0.08	uncultured <i>Burkholderia</i>	EF632936	99	Sediment
IoNA 1101	0.02	0.03	0	uncultured <i>Burkholderiales</i> bacterium	EF667927	99	Skin
IoNA 1106	0.05	0	0				
IoNA 1108	0.02	0	0	<i>Herbaspirillum huttiense</i> (T)	AB021366	100	ND
IoNA 1116	0.02	0	0	uncultured bacterium	AY212615	100	Water
IoNA 1137	0.02	0	0	uncultured bacterium	AY328574	100	Water
IoNA 1248	0.05	0.12	0	uncultured bacterium	FR675948	99	Soil
IoNA 1273	0.02	0	0	uncultured bacterium	DQ532247	98	Clean Room
IoNA 1335	0.04	0	0.17	<i>Methylophilus</i> sp. EHg7	AY436797	100	ND
IoNA 1386	0.02	0	0	uncultured bacterium	AY662012	100	Water
IoNA 1393	0.02	0	0	uncultured <i>Vitreoscilla</i> sp.	GQ249355	99	OE
IoNA 1400	0.02	0	0	uncultured bacterium	EU150276	95	Soil
IoNA 1434	0.02	0	0.03	uncultured proteobacterium OCS7	AF001645	99	OE
IoNA 1513	0.02	0	0	uncultured bacterium	EF659434	98	Water
IoNA 1558	0.02	0	0.06	uncultured bacterium	EU431681	99	OE
IoNA 1561	0.02	0	0	uncultured <i>beta</i> proteobacterium	FJ535160	99	Water
IoNA 1578	0.02	0	0.03	<i>Burkholderia phenazinium</i> (T)	U96936	100	ND
IoNA 1584	0.02	0	0	uncultured <i>beta</i> proteobacterium	AB491968	100	ND
IoNA 1599	0	0.12	0	uncultured bacterium	FR675948	97	Soil
IoNA 1602	0	0.22	0	<i>beta</i> proteobacterium R-38301	FR691426	100	OE
IoNA 1604	0	0.03	0	uncultured <i>Cupriavidus</i> sp.	GQ417900	98	OE
IoNA 1618	0	0.03	0.03	uncultured soil bacterium	DQ248265	98	Soil
IoNA 1626	0	0.03	0	uncultured bacterium	AY177773	97	Soil
IoNA 1633	0	0.06	0	<i>beta</i> proteobacterium R-38301	FR691426	99	OE
IoNA 1676	0	0.03	0	uncultured prokaryote	GU208268	99	Sediment
IoNA 1679	0	0.06	0	<i>Kartchner Caverns</i> bacterium MI-10a	DQ180953	100	OE
IoNA 1736	0	0.03	0	<i>Wautersia numazuensis</i> (T)	AB104447	97	ND
IoNA 1778	0	0.03	0.06	uncultured bacterium	DQ376558	100	OE
IoNA 1805	0	0.03	0				
IoNA 1811	0	0.09	0	uncultured bacterium	HM332336	100	Skin
IoNA 1813	0	0.06	0	freshwater bacterium LH6-8	EU626190	100	Water
IoNA 1817	0	0.06	0.06	uncultured bacterium	EU431681	100	OE
IoNA 1888	0	0.06	0.03	uncultured soil bacterium	DQ297980	100	Soil
IoNA 1912	0	0.03	0				
IoNA 1934	0	0.03	0	<i>Advenella</i> sp. R-18191	AY569459	98	ND
IoNA 1942	0	0.03	0	<i>Variovorax</i> sp. RKS7-5	EU934231	98	Soil
IoNA 1972	0	0.03	0.03	uncultured proteobacterium OCS7	AF001645	98	OE
IoNA 1992	0	0.06	0.08	uncultured <i>beta</i> proteobacterium	EF205491	100	OE
IoNA 2099	0	0.03	0.08	<i>Burkholderia cepacia</i>	X87275	100	ND
IoNA 2102	0	0.03	0	uncultured bacterium	EF565162	95	Waste
IoNA 2220	0	0	0.08	<i>Acidovorax</i> sp. enrichment culture clone Van62	HQ222278	99	OE
IoNA 2238	0	0	0.03	uncultured bacterium	AM697098	100	Dust
IoNA 2249	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU835430	99	OE
IoNA 2262	0	0	0.03	<i>Herbaspirillum huttiense</i> (T)	AB021366	96	ND
IoNA 2263	0	0	0.08	uncultured <i>Tepidimonas</i> sp.	EF648092	100	Waste
IoNA 2269	0	0	0.03	uncultured <i>Comamonadaceae</i> bacterium	FJ516873	100	Sediment
IoNA 2302	0	0	0.03	<i>Alcaligenes</i> sp. SV/09-02	FJ654476	99	OE
IoNA 2317	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ389180	100	Water
IoNA 2366	0	0	0.08	uncultured bacterium	JF223769	100	Skin
IoNA 2383	0	0	0.03				
IoNA 2392	0	0	0.03	uncultured bacterium	AB255074	99	OE
IoNA 2440	0	0	0.11	uncultured bacterium	FM872611	100	Dust
IoNA 2471	0	0	0.08	uncultured compost bacterium	DQ346463	99	Compost
IoNA 2484	0	0	0.08	uncultured bacterium	GQ472318	100	Sediment
IoNA 2487	0	0	0.08	<i>Brachymonas petroleovorans</i>	AY275432	100	ND
IoNA 2495	0	0	0.06	<i>Oligella urethralis</i>	AJ251911	100	ND

IoNA 2512	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ796994	100	Human
IoNA 2544	0	0	0.14	<i>Brachymonas denitrificans</i>	DQ836253	100	Waste
IoNA 2556	0	0	0.06	uncultured bacterium	EF565154	99	Waste
IoNA 2565	0	0	0.03				
IoNA 2631	0	0	0.03	<i>Aminomonas aminovor</i>	AY027801	98	ND
IoNA 2653	0	0	0.03	uncultured proteobacterium	EF682972	95	Air
IoNA 2675	0	0	0.03	<i>Methylibium</i> sp. BAC199	EU130974	98	Water
IoNA 2688	0	0	0.06	uncultured beta proteobacterium	AJ318113	98	Waste
IoNA 2708	0	0	0.03	uncultured Delftia sp.	FJ192961	99	Clean Room
IoNA 2734	0	0	0.20	uncultured <i>Alcaligenes</i> sp.	DQ168833	100	Waste
IoNA 2812	0	0	0.03				
IoNA 2848	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU535768	99	Skin
IoNA 2959	0	0	0.03	uncultured <i>Janthinobacterium</i> sp.	HQ327186	99	OE
<i>Gammaproteobacteria</i> : 279 phylotypes, 4677 sequences							
IoNA 6	0.09	0.06	0.14	<i>Rheinheimera</i> sp. THWCSN2	AM888197	100	Sediment
IoNA 7	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF166791	100	Skin
IoNA 9	0.14	0.09	0	<i>Escherichia coli</i> str. K-12 substr. MG1655	U00096	100	ND
IoNA 14	0.18	0.03	0.17	uncultured bacterium	HM840751	100	Skin
IoNA 16	4.88	1.94	2.76	uncultured <i>Pseudomonas</i> sp.	DQ234206	98	Water
IoNA 18	0.11	0.34	0.36	<i>Acinetobacter</i> sp. AU1523	AY043369	100	Human
IoNA 26	0.05	0	0	<i>Dokdonella</i> sp. CC-YHH031	GQ281768	100	Soil
IoNA 27	1.53	3.11	6.61	unidentified bacterium	Z93992	100	Waste
IoNA 39	3.34	3.20	3.85	uncultured gamma proteobacterium	AJ619051	100	OE
IoNA 56	0.02	0	0	uncultured gamma proteobacterium	HM238165	96	Waste
IoNA 63	0.41	0	0	<i>Pseudomonas alcaligenes</i>	Z76653	100	ND
IoNA 75	0.02	0	0				
IoNA 90	0.04	0	0.03	uncultured bacterium	JF218093	100	Skin
IoNA 94	1.51	2.06	10.66	<i>Acinetobacter lwoffii</i>	AF188302	100	Water
IoNA 99	0.44	0.15	0.73	unidentified bacterium	Z93987	100	Waste
IoNA 113	0.71	0.34	0.59	uncultured bacterium	FM875350	100	Skin
IoNA 122	0.43	1.85	0.75	<i>Pseudomonas</i> sp. K15	AB088755	100	ND
IoNA 124	0.09	0	0.17	uncultured bacterium	AY907718	100	Water
IoNA 129	0.82	1.02	2.26	uncultured bacterium	AY907718	100	Water
IoNA 136	0.07	0.09	0.25	<i>Serratia marcescens</i> subsp. <i>marcescens</i>	EF102862	100	OE
IoNA 137	0.23	0	0.31	<i>Pseudomonas tolaasii</i>	AF348507	100	ND
IoNA 138	0.04	0	0	<i>Xanthomonadaceae</i> bacterium NML 03-0222	EU313791	97	OE
IoNA 148	0.02	0	0	unidentified bacterium	Z93992	100	Waste
IoNA 166	0.32	0.15	0.75	<i>Pseudomonas pseudoalcaligenes</i> (T)	Z76666	100	ND
IoNA 171	0.23	0.55	0.22	uncultured bacterium	HM310473	100	Skin
IoNA 178	0.04	0.03	0.06	<i>Acinetobacter</i> sp. An17	AJ551155	100	Sediment
IoNA 193	0.23	0.06	0.11	uncultured bacterium	EU539376	100	Skin
IoNA 200	0.14	0	0.14	uncultured bacterium	EU538916	98	Skin
IoNA 205	0.11	0.09	0	<i>Pseudoxanthomonas</i> sp. L-bf-R2A-1.1.1	FR774558	100	OE
IoNA 210	0.76	0	0.36	<i>Pseudomonas</i> sp. LAB-20	AB051697	100	ND
IoNA 211	0.04	0	0.03	uncultured bacterium	EU538916	98	Skin
IoNA 214	0.36	0.15	1.17	<i>Pantoea</i> sp. NCCP-116	AB574400	100	OE
IoNA 221	0.02	0.06	0.06	<i>Pantoea agglomerans</i>	AY941841	99	ND
IoNA 230	0.55	0.22	1.84	<i>Pseudomonas</i> sp.	AJ387903	100	ND
IoNA 241	0.37	0.06	0.67	<i>Acinetobacter</i> sp. An17	AJ551155	100	Sediment
IoNA 254	0.02	0.06	0.03	bacterium 1-4	DQ163939	99	OE
IoNA 256	0.05	0	0.53	<i>Acinetobacter baumannii</i>	AB109775	100	ND
IoNA 263	0.04	0.06	0.14	<i>Pseudomonas poae</i> (T)	AJ492829	100	OE
IoNA 264	0.07	0.31	0.14	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	AM157426	100	Human
IoNA 281	0.16	0.25	0.14	<i>Halomonas venusta</i> (T)	AJ306894	100	ND
IoNA 296	0.96	3.26	0.81	uncultured bacterium	FJ152954	100	Soil
IoNA 300	0.07	0	0	gamma proteobacterium E-034	FJ764787	98	OE
IoNA 319	0.37	0.25	0.70	<i>Pseudomonas syringae</i>	Z76669	100	ND
IoNA 323	0.20	0.03	0.11	uncultured bacterium	EU537106	100	Skin
IoNA 372	0.16	0	0.25	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	AJ312161	100	Soil
IoNA 374	0.09	0.28	0.03	uncultured bacterium	HQ143327	100	OE
IoNA 434	0.05	0	0.11	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	FR667894	100	OE
IoNA 442	0.11	0	0	<i>Legionella drozanskii</i> (T)	X97355	97	ND
IoNA 450	0.11	0.37	0.22	<i>Raoultella planticola</i>	X93216	100	ND
IoNA 469	0.04	0	0	gamma proteobacterium JAM-GA1201	AB362308	100	Sediment
IoNA 473	0.02	0	0	uncultured bacterium	AB487517	98	Soil
IoNA 489	0.02	0	0.03	gamma proteobacterium A14	EF599309	99	Waste
IoNA 492	0.07	0.28	0.11	<i>Pseudomonas</i> sp. 7064	AM111044	99	Sediment
IoNA 494	0.04	0	0.03	<i>Pseudomonas</i> sp. BLH-8D5	JF694803	98	Water
IoNA 504	0.12	0.46	0.78	uncultured <i>Aeromonas</i> sp.	HM159964	100	Soil
IoNA 505	0.09	0	0.64	<i>Pseudomonas psychrophila</i> (T)	AB041885	100	ND
IoNA 519	0.07	0.06	0.73	<i>Psychrobacter glacicola</i> (T)	AJ312213	100	Water
IoNA 521	0.18	0.62	0.39	<i>Klebsiella</i> sp. PAMU-1.2	AB118219	100	ND
IoNA 547	0.11	0.25	0.56	unidentified bacterium	Z93992	100	Waste
IoNA 553	0.07	0.09	0	uncultured bacterium	DQ833341	98	ND
IoNA 558	0.39	0.43	0.95	uncultured bacterium	EF174236	100	Waste
IoNA 560	0.16	0	0.39	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	AJ312165	100	Soil
IoNA 570	0.04	0	1.28	uncultured bacterium	EU842126	100	OE
IoNA 598	0.43	0.18	0.95	uncultured bacterium	GQ158014	100	Human
IoNA 603	0.02	0	0	uncultured gamma proteobacterium	FJ535204	99	Water
IoNA 607	0.02	0	0	<i>Idiomarina</i> sp. G-Suc63	EF554900	96	ND
IoNA 629	0.04	0.12	0.33	<i>Acinetobacter johnsonii</i>	GU188943	100	OE

IoNA 635	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ883933	99	Soil
IoNA 642	0.02	0	0				
IoNA 656	0.28	0	0	<i>Pseudoxanthomonas mexicana (T)</i>	AF273082	100	Waste
IoNA 660	0.02	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY661988	100	Water
IoNA 671	0.27	0	0.81	<i>uncultured bacterium</i>	EU864458	100	Water
IoNA 679	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ856515	99	OE
IoNA 681	0.05	0	0.06	<i>Haemophilus haemolyticus</i>	EU185407	100	Human
IoNA 702	0.05	0	0.03	<i>Rheinheimera perlucida (T)</i>	AM183347	100	Water
IoNA 705	0.02	0	0	<i>Pseudomonas putida</i>	DQ192174	99	ND
IoNA 708	0.02	0	0	<i>Lysobacter sp. KC-EP-S10</i>	FJ711225	100	OE
IoNA 715	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF166791	100	Skin
IoNA 728	0.02	0	0	<i>Aeromonas schubertii</i>	GQ844300	99	OE
IoNA 745	0.02	0	0.03	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	AM905315	99	Sediment
IoNA 749	0.05	0	0	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	HM238165	96	Waste
IoNA 750	0.04	0.03	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FJ660569	100	Waste
IoNA 752	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ469204	99	Water
IoNA 759	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY212607	100	Water
IoNA 790	0.37	0.49	1.70	<i>Pantoea sp. NIIST-167</i>	FJ445213	100	Soil
IoNA 798	0.09	0.09	0.06	<i>uncultured Lysobacter sp.</i>	EU449639	100	Soil
IoNA 802	0.02	0.22	0.17	<i>Stenotrophomonas sp. D2</i>	DQ839619	99	ND
IoNA 819	0.02	0.03	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AY907718	100	Water
IoNA 820	0.05	0.15	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FM872891	100	Dust
IoNA 828	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ003601	100	Skin
IoNA 846	0.05	0.03	0.06	<i>Pseudomonas pseudoalcaligenes</i>	AB021379	100	ND
IoNA 851	0.02	0	0				
IoNA 903	0.02	0.09	0	<i>Rheinheimera baltica</i>	AJ002006	99	OE
IoNA 905	0.16	0.52	0.17	<i>Stenotrophomonas sp. QS-B23</i>	FN178380	100	Soil
IoNA 909	0.04	0	0	<i>Stenotrophomonas sp. Toyama-1</i>	AB180662	100	Sediment
IoNA 920	0.04	0.22	0.08	<i>Pantoea agglomerans</i>	AY395010	99	OE
IoNA 925	0.02	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FJ230896	98	Water
IoNA 929	0.02	0	0	<i>Marinomonas sp. JL-55</i>	AY745826	100	Water
IoNA 930	0.02	0	0				
IoNA 943	0.07	0	0.17	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	AJ249451	100	ND
IoNA 984	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ469204	100	Water
IoNA 1007	0.02	0	0	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	FJ535204	100	Water
IoNA 1013	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GU222221	99	OE
IoNA 1024	0.04	0	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	JF200678	100	Skin
IoNA 1073	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ015807	100	Water
IoNA 1082	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM294774	100	Skin
IoNA 1089	0.05	0.12	0.73	<i>Psychrobacter faecalis (T)</i>	AJ421528	100	Air
IoNA 1092	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY957925	97	Water
IoNA 1094	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF511133	98	OE
IoNA 1107	0.18	0.34	0.47	<i>uncultured bacterium</i>	HM282274	100	Skin
IoNA 1109	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY218686	100	Sediment
IoNA 1113	0.02	0.09	0.03	<i>Pseudomonas sp. WB4.4-99</i>	AM934698	100	Water
IoNA 1160	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ500726	100	Water
IoNA 1181	0.02	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	JF049031	100	ND
IoNA 1188	0.02	0	0.03	<i>Klebsiella sp. enrichment culture clone SRC_DSBS5</i>	GU374020	100	Human
IoNA 1217	0.09	0.09	0.08	<i>uncultured sheep mite bacterium Welshpool 13</i>	AF290489	99	OE
IoNA 1254	0.02	0	0				
IoNA 1263	0.02	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM251764	100	Skin
IoNA 1280	0.04	0	0.25	<i>Pseudoalteromonas sp. p36</i>	EU864271	100	OE
IoNA 1323	0.04	0.12	0.42	<i>Acinetobacter lwoffii</i>	AF188302	100	Water
IoNA 1324	0.02	0.03	0.06	<i>uncultured proteobacterium</i>	AJ310688	100	OE
IoNA 1349	0.04	0	0.42	<i>Pseudomonas cf. monteilii</i>	AF181576	100	OE
IoNA 1356	0.02	0	0				
IoNA 1359	0.02	0.06	0.22	<i>Xanthomonas sp. P2-12-1</i>	AM490086	100	Sediment
IoNA 1382	0.02	0	0				
IoNA 1384	0.05	0.06	0.06	<i>unidentified bacterium</i>	Z93992	100	Waste
IoNA 1387	0.02	0.22	0.03	<i>Alkanindiges illinoisensis (T)</i>	AF513979	100	ND
IoNA 1420	0.02	0	0.03	<i>Pseudomonas mandelii (T)</i>	AF058286	99	Water
IoNA 1426	0.02	0	0.06	<i>Acinetobacter lwoffii</i>	AF188302	100	Water
IoNA 1430	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY958915	100	Human
IoNA 1435	0.02	0	0	<i>Panacagrimonas persica</i>	AB257720	100	Soil
IoNA 1438	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ671719	99	OE
IoNA 1442	0.04	0.46	0.50	<i>Pseudomonas fulva</i>	D84015	100	ND
IoNA 1477	0.02	0.03	0.33	<i>uncultured beta proteobacterium</i>	FJ975864	100	OE
IoNA 1478	0.02	0	0	<i>Azotobacter chroococcum (T)</i>	AB175653	99	ND
IoNA 1489	0.02	0.06	0.22	<i>Acinetobacter sp. 4 JDE-2009</i>	FN435915	100	ND
IoNA 1495	0.02	0.03	0	<i>uncultured Enterobacteriaceae bacterium</i>	EU530472	100	Human
IoNA 1509	0.02	0.03	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	DQ226081	100	Water
IoNA 1520	0.02	0.09	0.06	<i>Acinetobacter schindleri (T)</i>	AJ278311	100	ND
IoNA 1525	0.02	0	0.31	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	GQ850554	100	Water
IoNA 1550	0.02	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EF174236	99	Waste
IoNA 1555	0.02	0	0.06	<i>Pseudomonas taetrolens (T)</i>	D84027	99	ND
IoNA 1564	0.04	0.06	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	DQ088790	100	OE
IoNA 1571	0.02	0	0	<i>Acinetobacter sp. PAMU-1.11</i>	AB118222	100	ND
IoNA 1577	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ441207	100	OE
IoNA 1585	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY959003	100	Human
IoNA 1611	0	0.09	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF417849	100	OE
IoNA 1651	0	0.06	0.03	<i>Pseudomonas graminis</i>	AF511514	100	OE

IoNA 1698	0	0.22	0.03	<i>Pseudomonas putida</i>	AY622320	99	ND
IoNA 1708	0	0.03	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM278585	100	Skin
IoNA 1713	0	0.12	0	<i>Xanthomonadaceae bacterium L-bf-PMW-15.1</i>	FR774560	100	OE
IoNA 1720	0	0.12	0	<i>uncultured soil bacterium</i>	EF688347	100	Soil
IoNA 1726	0	0.18	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ404694	100	Sediment
IoNA 1752	0	0.15	0	<i>Buchnera aphidicola (Eriosoma lanigerum)</i>	DQ418492	96	ND
IoNA 1754	0	0.09	0.08	<i>Xanthomonadaceae bacterium NML 03-0222</i>	EU313791	100	OE
IoNA 1773	0	0.09	0	<i>gamma proteobacterium Ivo10 red</i>	EU672847	100	Sediment
IoNA 1788	0	0.06	0.61	<i>uncultured bacterium</i>	EU030492	100	Sediment
IoNA 1797	0	0.06	0.33	<i>uncultured Xanthomonas sp.</i>	AF467297	100	OE
IoNA 1812	0	0.03	0	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	AY921990	100	Soil
IoNA 1823	0	0.03	0.03	<i>uncultured soil bacterium</i>	AY699598	100	Soil
IoNA 1839	0	0.03	0				
IoNA 1841	0	0.12	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	EF174266	100	OE
IoNA 1854	0	0.31	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ397038	100	Soil
IoNA 1864	0	0.03	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FJ456354	100	OE
IoNA 1876	0	0.03	0	<i>Buchnera aphidicola str. JF99 (Acyrthosiphon pisum)</i>	CP002302	100	ND
IoNA 1884	0	0.03	0				
IoNA 1892	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ152717	100	Soil
IoNA 1931	0	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY491591	98	OE
IoNA 1933	0	0.03	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	JF216872	100	Skin
IoNA 1938	0	0.18	0				
IoNA 1980	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	AB506442	98	OE
IoNA 1996	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ178717	100	Sediment
IoNA 2003	0	0.03	0.03				
IoNA 2023	0	0.03	0	<i>Serratia marcescens subsp. marcescens</i>	EF102862	99	OE
IoNA 2030	0	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ113703	100	OE
IoNA 2032	0	0.03	0				
IoNA 2044	0	0.03	0	<i>uncultured soil bacterium</i>	AY493941	100	Soil
IoNA 2060	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU535884	100	Skin
IoNA 2092	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ154733	100	OE
IoNA 2107	0	0.03	0.03	<i>Proteus vulgaris</i>	X07652	100	ND
IoNA 2118	0	0.03	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM303325	100	Skin
IoNA 2136	0	0.03	0	<i>Pantoea agglomerans</i>	AF130951	98	OE
IoNA 2142	0	0.03	0	<i>Buchnera aphidicola (Eriosoma lanigerum)</i>	DQ418492	95	ND
IoNA 2172	0	0.03	0	<i>Pseudomonas rhizosphaerae (T)</i>	AY152673	100	Soil
IoNA 2189	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	FR853507	100	ND
IoNA 2200	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ152717	99	Soil
IoNA 2201	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ033273	99	Skin
IoNA 2202	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY959003	99	Human
IoNA 2203	0	0.03	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EF174238	100	Waste
IoNA 2205	0	0.03	0	<i>Erwinia malotivora (T)</i>	AJ233414	99	ND
IoNA 2208	0	0.03	0	<i>Pseudomonas sp. OK-5</i>	EF157292	100	Soil
IoNA 2213	0	0	0.36	<i>uncultured bacterium</i>	HQ538706	100	OE
IoNA 2216	0	0	0.11	<i>Aeromonas caviae</i>	FJ940800	100	Sediment
IoNA 2228	0	0	0.36	<i>uncultured bacterium</i>	AF371858	99	OE
IoNA 2240	0	0	0.08				
IoNA 2247	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	GQ129942	100	Clean Room
IoNA 2248	0	0	0.14	<i>uncultured gamma proteobacterium</i>	FJ535199	98	Water
IoNA 2275	0	0	0.03	<i>uncultured proteobacterium</i>	EF682961	99	Air
IoNA 2276	0	0	0.03	<i>uncultured Xanthomonadales bacterium</i>	GQ926873	100	Water
IoNA 2288	0	0	0.70	<i>Shewanella sp. W3-18-1</i>	CP000503	100	ND
IoNA 2293	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	JF104936	99	Skin
IoNA 2295	0	0	0.03	<i>Pseudoalteromonas haloplanktis TAC125</i>	CR954246	100	Water
IoNA 2308	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FM874454	99	Dust
IoNA 2310	0	0	0.11	<i>Psychromonas sp. gape-82</i>	DQ530480	100	Water
IoNA 2313	0	0	0.03	<i>Haemophilus sp. oral clone JM053</i>	AY349380	98	Human
IoNA 2322	0	0	0.06	<i>Pseudomonas syringae</i>	Z76669	98	ND
IoNA 2324	0	0	0.03	<i>uncultured Xanthomonadales bacterium</i>	GQ926873	100	Water
IoNA 2334	0	0	0.17	<i>uncultured Xanthomonadales bacterium</i>	GQ926873	100	Water
IoNA 2354	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EF174236	99	Waste
IoNA 2357	0	0	0.06	<i>Pantoea sp. NIIST-167</i>	FJ445213	99	Soil
IoNA 2358	0	0	0.33	<i>Psychrobacter sp. ARCTIC-P41</i>	AY573041	100	ND
IoNA 2368	0	0	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	JF417767	99	OE
IoNA 2381	0	0	0.06	<i>Pseudomonas stutzeri</i>	GU434689	100	ND
IoNA 2385	0	0	0.08	<i>Pseudomonas sp. PGNR1</i>	AJ417071	100	ND
IoNA 2387	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	DQ814497	99	OE
IoNA 2398	0	0	0.03	<i>Acinetobacter sp. 4087</i>	FJ405317	98	ND
IoNA 2399	0	0	0.03	<i>Pseudomonas sp. OK-5</i>	EF157292	98	Soil
IoNA 2428	0	0	0.03	<i>Pseudomonas sp. enrichment culture clone Guo7</i>	FJ005061	98	OE
IoNA 2431	0	0	0.06	<i>Shewanella sp. CL256/73</i>	AF387346	99	ND
IoNA 2446	0	0	0.03	<i>Psychrobacter sp. ARCTIC-P41</i>	AY573041	100	ND
IoNA 2448	0	0	0.08	<i>Legionella lytica (T)</i>	X97364	98	ND
IoNA 2456	0	0	0.03	<i>Cellvibrio sp. KY-YJ-1</i>	EF692634	99	ND
IoNA 2475	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ156952	99	Human
IoNA 2477	0	0	0.06	<i>Aliivibrio logei</i>	AF323992	100	Water
IoNA 2478	0	0	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	HM269823	100	Skin
IoNA 2485	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FM873471	91	Dust
IoNA 2489	0	0	0.11	<i>uncultured Thermomonas sp.</i>	EU193115	100	Soil
IoNA 2493	0	0	0.11	<i>Xanthomonas-like sp. V4.BO.41</i>	AJ244722	99	Water
IoNA 2504	0	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	AY328622	100	Water

IoNA 2506	0	0	0.08	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	AB294556	100	ND
IoNA 2507	0	0	0.22	<i>Haemophilus</i> sp. oral clone JM053	AY349380	100	Human
IoNA 2511	0	0	0.11	<i>Pseudoxanthomonas dokdonensis</i> (T)	DQ178977	100	Soil
IoNA 2519	0	0	0.11	<i>Pasteurella aerogenes</i> MCCM 01551	AF224290	99	ND
IoNA 2531	0	0	0.11	uncultured bacterium	EF445277	100	OE
IoNA 2533	0	0	0.11	<i>Luteibacter rhizovicius</i> (T)	AJ580498	100	OE
IoNA 2540	0	0	0.20	<i>Psychrobacter</i> sp. DY11-4	AY383042	100	ND
IoNA 2548	0	0	0.14	uncultured bacterium	JF239845	100	Skin
IoNA 2550	0	0	0.28	<i>Shewanella</i> sp. BSi20571	DQ060404	100	OE
IoNA 2559	0	0	0.03	<i>Pseudomonas</i> sp. BSs20169	EU330344	100	Sediment
IoNA 2574	0	0	0.03	<i>Lysobacter defluvii</i> (T)	AM283465	100	Soil
IoNA 2579	0	0	0.03	<i>Pseudomonas</i> sp. 7193	AM111049	100	Sediment
IoNA 2583	0	0	0.06	<i>Luteimonas</i> sp. BZ92r	FJ948107	99	Soil
IoNA 2588	0	0	0.06	<i>Pantoea</i> sp. NCCP-116	AB574400	100	OE
IoNA 2597	0	0	0.20	<i>Psychrobacter</i> sp. Nj-69	AM491470	100	OE
IoNA 2628	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ823219	98	OE
IoNA 2645	0	0	0.06	<i>gamma proteobacterium</i> F8	AY077611	98	ND
IoNA 2654	0	0	0.06	<i>Dyella ginsengisoli</i>	GU809978	97	Soil
IoNA 2670	0	0	0.03	<i>Pseudomonas filiscindens</i>	AY259924	100	ND
IoNA 2679	0	0	0.03	<i>Pantoea</i> sp. NCCP-116	AB574400	98	OE
IoNA 2680	0	0	0.03	uncultured <i>Thermomonas</i> sp.	FJ889350	100	Soil
IoNA 2687	0	0	0.06	<i>Alteromonadaceae</i> bacterium LD86	AM913910	100	ND
IoNA 2696	0	0	0.06	<i>Psychrobacter arcticus</i> 273-4	CP000082	100	ND
IoNA 2724	0	0	0.03	<i>Acinetobacter</i> sp. endosymbiont of <i>Nilaparvata lugens</i>	GU124494	98	ND
IoNA 2736	0	0	0.06	<i>Pseudomonas boreopolis</i>	AB246809	99	ND
IoNA 2737	0	0	0.03	uncultured soil bacterium	DQ248253	99	Soil
IoNA 2749	0	0	0.06	<i>Pasteurella aerogenes</i> MCCM 01550	AF224288	98	ND
IoNA 2752	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ152557	100	Soil
IoNA 2757	0	0	0.03	<i>Rheinheimera</i> sp. BZ19	GQ240227	100	Soil
IoNA 2760	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM317443	100	Skin
IoNA 2763	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU834776	99	Waste
IoNA 2772	0	0	0.11	uncultured bacterium	DQ675077	95	Water
IoNA 2795	0	0	0.03	<i>Pseudomonas</i> sp. HS5322	AY443041	100	ND
IoNA 2815	0	0	0.03	<i>Xanthomonadaceae</i> bacterium L-bf-PMW-15.1	FR774560	98	OE
IoNA 2820	0	0	0.06	<i>Nevskia ramosa</i>	AJ001343	100	ND
IoNA 2825	0	0	0.08	<i>Shewanella livingstonensis</i>	AY771751	99	ND
IoNA 2830	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ318877	98	OE
IoNA 2852	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU652534	98	Sediment
IoNA 2880	0	0	0.03	<i>Pseudomonas lundensis</i>	EU434368	99	OE
IoNA 2908	0	0	0.08	<i>Pseudomonas putida</i>	AY456706	100	ND
IoNA 2911	0	0	0.03	<i>Acinetobacter baumannii</i> AB0057	CP001182	99	ND
IoNA 2912	0	0	0.03				
IoNA 2914	0	0	0.03	<i>Psychrobacter</i> sp. ARCTIC-P6	AY573042	98	ND
IoNA 2925	0	0	0.03	uncultured bacterium	AY212757	98	OE
IoNA 2947	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ190510	100	OE
IoNA 2954	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ321554	100	OE
IoNA 2955	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF096127	100	Skin
IoNA 2957	0	0	0.11	uncultured bacterium	FJ671719	99	OE
IoNA 2961	0	0	0.03	uncultured bacterium	AY907718	98	Water
IoNA 2962	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU802058	100	Water
<i>Deltaproteobacteria</i> : 16 phylotypes, 34 sequences							
IoNA 278	0.04	0	0	uncultured bacterium	AY452006	100	Human
IoNA 360	0.07	0	0	<i>Olavius ilvae</i> associated proteobacterium Delta 8	AM233527	88	Sediment
IoNA 625	0.04	0	0	uncultured bacterium	HM270596	100	Skin
IoNA 670	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM057610	92	Water
IoNA 1136	0.02	0	0	uncultured delta proteobacterium	EF188429	98	OE
IoNA 1246	0.02	0	0.14	<i>Bilophila wadsworthia</i>	AB117562	100	Human
IoNA 1305	0.02	0	0	uncultured delta proteobacterium	EF188429	95	OE
IoNA 1398	0.05	0.03	0	uncultured bacterium	AB176231	96	OE
IoNA 1466	0.04	0	0	uncultured bacterium	AB176175	95	OE
IoNA 1727	0	0.09	0	uncultured bacterium	EF404160	99	Human
IoNA 2077	0	0.03	0				
IoNA 2124	0	0.03	0				
IoNA 2307	0	0	0.06	<i>Geobacter bremsensis</i> (T)	U96917	100	ND
IoNA 2615	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU431813	99	OE
IoNA 2636	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ538646	99	OE
IoNA 2899	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ728221	94	OE
<i>Epsilonproteobacteria</i> : 10 phylotypes, 12 sequences							
IoNA 104	0.02	0	0				
IoNA 328	0.02	0	0				
IoNA 1552	0.02	0	0				
IoNA 1659	0	0.09	0				
IoNA 1920	0	0.03	0				
IoNA 2001	0	0.03	0				
IoNA 2062	0	0.03	0				
IoNA 2141	0	0.03	0				
IoNA 2152	0	0.03	0				
IoNA 2928	0	0	0.03	uncultured <i>Bacteroides</i> sp.	EU644452	100	Human
Other <i>Proteobacteria</i> : 152 phylotypes, 393 sequences							
IoNA 29	0.04	0	0	uncultured bacterium	GQ262847	99	Waste

IoNA 87	0.04	0	0	uncultured bacterium	EU937870	100	OE
IoNA 100	0.11	0.09	0	uncultured <i>Lautropia</i> sp.	DQ016725	100	Human
IoNA 112	0.04	0	0	uncultured bacterium	AY820722	96	OE
IoNA 132	0.05	0	0	uncultured bacterium	AY212575	96	Water
IoNA 134	0.11	0	0	uncultured bacterium	AB240477	98	OE
IoNA 143	0.02	0	0.06	uncultured bacterium	JF228351	100	Skin
IoNA 197	0.14	0	0	uncultured soil bacterium	DQ378269	100	Soil
IoNA 208	0.02	0.03	0.08	uncultured bacterium	FM873365	100	Dust
IoNA 219	0.07	0	0				
IoNA 234	0.02	0	0				
IoNA 341	0.12	0.18	0				
IoNA 404	0.02	0	0	uncultured gamma proteobacterium	AJ581598	100	Soil
IoNA 417	0.05	0	0	uncultured bacterium	EU104244	96	Waste
IoNA 432	0.02	0	0	uncultured <i>Comamonas</i> sp.	GQ249370	100	OE
IoNA 485	0.04	0	0				
IoNA 517	0.04	0	0	uncultured bacterium	HQ592573	99	Waste
IoNA 532	0.05	0.03	0.06	uncultured bacterium	EU289463	100	OE
IoNA 554	0.09	0.15	0	<i>Rickettsiella melolonthae</i>	EF408231	100	ND
IoNA 566	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF128290	100	Skin
IoNA 608	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF198487	97	Skin
IoNA 636	0.12	0	0	uncultured bacterium	GQ009435	98	Skin
IoNA 669	0.04	0	0	uncultured bacterium	GQ102566	98	Skin
IoNA 736	0.04	0	0	uncultured bacterium	EU037328	99	Soil
IoNA 774	0.04	0	0	uncultured bacterium	EU881232	100	Soil
IoNA 782	0.02	0	0				
IoNA 805	0.07	0	0	<i>Candidatus Alysiosphaera europeae</i>	AY428766	97	Waste
IoNA 815	0.09	0	0	uncultured bacterium	HQ166661	96	Soil
IoNA 823	0.04	0	0	uncultured soil bacterium	EU861852	96	Soil
IoNA 852	0.07	0.03	0	uncultured bacterium	JF136894	97	Skin
IoNA 853	0.11	0	0.06	uncultured bacterium	HM315825	100	Skin
IoNA 864	0.04	0.03	0.08	uncultured bacterium	HM298753	100	Skin
IoNA 877	0.07	0	0				
IoNA 890	0.04	0	0	uncultured bacterium	JF219844	98	Skin
IoNA 919	0.02	0	0	uncultured bacterium	AY328755	99	Water
IoNA 934	0.02	0	0	uncultured beta proteobacterium	AB475021	99	Water
IoNA 953	0.04	0	0.14	uncultured eubacterium	AJ412674	100	Waste
IoNA 987	0.07	0	0.03	<i>Corallococcus coralloides</i> (T)	AJ811588	99	ND
IoNA 1002	0.02	0	0				
IoNA 1004	0.04	0	0	uncultured bacterium	FM872981	98	Dust
IoNA 1005	0.07	0	0	uncultured eubacterium WD2107	AJ292610	98	Soil
IoNA 1016	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF429373	98	Water
IoNA 1062	0.02	0	0	uncultured proteobacterium	FJ542822	95	OE
IoNA 1076	0.02	0.09	0	uncultured bacterium	DQ129631	99	Air
IoNA 1091	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM243895	95	Sediment
IoNA 1117	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM445318	99	OE
IoNA 1118	0.04	0	0				
IoNA 1138	0.11	0	0.25	uncultured bacterium	JF228236	100	Skin
IoNA 1187	0.02	0	0	uncultured bacterium	DQ129588	95	Air
IoNA 1243	0.04	0	0	uncultured delta proteobacterium	JF319226	95	Soil
IoNA 1286	0.04	0	0	uncultured bacterium	FM872736	98	Dust
IoNA 1289	0.02	0	0				
IoNA 1294	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF198385	100	Skin
IoNA 1304	0.04	0.09	0	uncultured proteobacterium	FJ542822	95	OE
IoNA 1440	0.02	0	0	alpha proteobacterium A0839	AF236002	98	ND
IoNA 1448	0.04	0	0	uncultured bacterium	AB128887	99	Sediment
IoNA 1449	0.02	0.06	0	uncultured bacterium	JF183815	98	Skin
IoNA 1455	0.02	0	0	uncultured bacterium	FM872949	96	Dust
IoNA 1475	0.02	0	0				
IoNA 1490	0.02	0	0	uncultured delta proteobacterium	HQ622755	91	OE
IoNA 1515	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM362471	95	OE
IoNA 1516	0.02	0.03	0	uncultured delta proteobacterium	JF833751	99	Soil
IoNA 1528	0.02	0	0	uncultured endolithic bacterium	AB374390	98	Water
IoNA 1609	0	0.03	0				
IoNA 1640	0	0.03	0				
IoNA 1678	0	0.18	0				
IoNA 1680	0	0.12	0	uncultured delta proteobacterium	GU567808	95	OE
IoNA 1689	0	0.15	0	uncultured soil bacterium	EU589314	90	Soil
IoNA 1702	0	0.34	0	uncultured bacterium	HQ864188	100	Soil
IoNA 1711	0	0.06	0	<i>Nannocystis pusilla</i>	GU207878	99	ND
IoNA 1724	0	0.18	0	uncultured bacterium	HQ697853	95	Soil
IoNA 1756	0	0.03	0				
IoNA 1767	0	0.09	0				
IoNA 1776	0	0.12	0	uncultured bacterium	HQ682040	99	OE
IoNA 1782	0	0.09	0	uncultured bacterium	EU800706	92	Water
IoNA 1784	0	0.09	0				
IoNA 1806	0	0.12	0.03	uncultured bacterium	FM873493	100	Dust
IoNA 1807	0	0.03	0				
IoNA 1829	0	0.06	0	uncultured alpha proteobacterium	HM111849	98	OE
IoNA 1849	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF116935	98	Skin
IoNA 1867	0	0.03	0				
IoNA 1873	0	0.03	0				

IoNA 1890	0	0.03	0				
IoNA 1896	0	0.09	0				
IoNA 1919	0	0.03	0				
IoNA 1928	0	0.09	0	uncultured bacterium	EU881305	98	Soil
IoNA 1940	0	0.03	0	uncultured bacterium	HQ682040	99	OE
IoNA 1948	0	0.06	0	uncultured bacterium	HQ166697	97	Soil
IoNA 1951	0	0.03	0	<i>Cystobacter ferrugineus</i>	AJ233900	100	ND
IoNA 1966	0	0.03	0				
IoNA 1969	0	0.03	0				
IoNA 1983	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ263085	99	Waste
IoNA 1984	0	0.03	0				
IoNA 2009	0	0.03	0				
IoNA 2019	0	0.06	0	uncultured bacterium	HQ166661	97	Soil
IoNA 2029	0	0.15	0				
IoNA 2087	0	0.03	0				
IoNA 2093	0	0.03	0.22	uncultured bacterium	HQ728213	100	OE
IoNA 2119	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF184468	100	Skin
IoNA 2125	0	0.03	0				
IoNA 2139	0	0.03	0	uncultured bacterium	HQ682040	99	OE
IoNA 2140	0	0.03	0				
IoNA 2144	0	0.03	0				
IoNA 2149	0	0.03	0				
IoNA 2159	0	0.06	0				
IoNA 2166	0	0.06	0	uncultured bacterium	FM873493	100	Dust
IoNA 2177	0	0.03	0	uncultured bacterium	DQ906821	99	Soil
IoNA 2181	0	0.03	0				
IoNA 2191	0	0.03	0				
IoNA 2212	0	0	0.08	uncultured delta proteobacterium	HQ595219	96	OE
IoNA 2242	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ697853	86	Soil
IoNA 2244	0	0	0.14	uncultured bacterium	HQ190321	100	OE
IoNA 2258	0	0	0.03	uncultured delta proteobacterium	HM438023	98	Soil
IoNA 2261	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU234280	96	OE
IoNA 2272	0	0	0.08	uncultured sludge bacterium A9	AF234747	96	Waste
IoNA 2299	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM445318	100	OE
IoNA 2320	0	0	0.14	uncultured bacterium	GQ263743	100	Waste
IoNA 2393	0	0	0.08	uncultured Hyphomicrobiaceae bacterium	EU266804	99	Sediment
IoNA 2415	0	0	0.11	uncultured bacterium	GQ500745	98	OE
IoNA 2423	0	0	0.06	uncultured bacterium	EF632938	100	Sediment
IoNA 2444	0	0	0.06	alpha proteobacterium CN37	FN554393	100	OE
IoNA 2509	0	0	0.03	alpha proteobacterium A0839	AF236002	98	ND
IoNA 2510	0	0	0.11	uncultured bacterium	FJ624432	100	Sediment
IoNA 2527	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU734976	96	Sediment
IoNA 2537	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ152795	98	Soil
IoNA 2563	0	0	0.11	uncultured bacterium	AY212658	99	Water
IoNA 2580	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU458489	95	OE
IoNA 2619	0	0	0.06				
IoNA 2647	0	0	0.06				
IoNA 2674	0	0	0.03				
IoNA 2678	0	0	0.06	uncultured Myxococcales bacterium	HM438054	100	Soil
IoNA 2689	0	0	0.06	uncultured alpha proteobacterium	AY622245	98	Soil
IoNA 2702	0	0	0.06	uncultured bacterium	HQ697734	98	Soil
IoNA 2706	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF429003	97	Soil
IoNA 2714	0	0	0.03	uncultured Sphingomonadaceae bacterium	HM438361	97	Soil
IoNA 2729	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ612272	90	Water
IoNA 2735	0	0	0.08	uncultured bacterium	EF516709	98	Soil
IoNA 2766	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ479444	98	Soil
IoNA 2769	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ824542	100	Human
IoNA 2773	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU289463	99	OE
IoNA 2774	0	0	0.03	uncultured Balneimonas sp.	HQ397217	100	Soil
IoNA 2780	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF235751	99	Skin
IoNA 2781	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ152795	97	Soil
IoNA 2787	0	0	0.03	uncultured delta proteobacterium	AY921809	100	Soil
IoNA 2807	0	0	0.03	<i>Methylocella</i> sp. 24-25	HM124378	100	Sediment
IoNA 2816	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF116659	100	Skin
IoNA 2823	0	0	0.03	<i>Rasbo</i> bacterium	AF007948	95	ND
IoNA 2882	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ444747	98	OE
IoNA 2883	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM873365	99	Dust
IoNA 2885	0	0	0.03				
IoNA 2949	0	0	0.03	uncultured bacterium	AB294331	99	OE
IoNA 2968	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU289463	97	OE
<i>Aquificae</i> : 1 phylotype, 9 sequences							
IoNA 620	0.16	0	0	<i>Hydrogenobacter subterraneus</i> (T)	AB026268	100	ND
<i>Bacteroidetes</i> : 417 phylotypes, 2048 sequences							
IoNA 32	0.05	0.03	0.06	<i>Pedobacter</i> sp. PBI 166	HM204919	100	Soil
IoNA 54	0.25	0	0	uncultured bacterium	AY212601	100	Water
IoNA 66	0.02	0	0	uncultured bacterium	EU461603	99	OE
IoNA 83	0.14	0.12	0	uncultured Flavobacterium sp.	EU703375	98	Water
IoNA 111	0.25	0.28	0	uncultured bacterium	JF028196	99	ND
IoNA 121	0.12	0	0.03	uncultured bacterium	AY212665	100	Water
IoNA 123	0.02	0	0	uncultured bacterium	GQ396830	96	Soil
IoNA 151	0.99	0.03	1.00	<i>Cytophaga</i> sp. An36	AJ551174	100	Sediment

IoNA 169	0.09	0	0	<i>Chryseobacterium</i> sp. FR2	AF217562	100	OE
IoNA 170	0.04	0	0	uncultured bacterium	JF228161	99	Skin
IoNA 174	0.12	0	0	uncultured bacterium	JF181758	99	Skin
IoNA 233	0.55	0.12	0.20	<i>Pedobacter</i> sp. TPD41	HM224489	100	Water
IoNA 237	0.05	0.22	0.73	<i>Wautersiella falsenii</i> genomovar 2	AM238671	100	ND
IoNA 258	0.05	0	0				
IoNA 259	0.09	0	0	<i>Flavobacterium</i> sp. WB 2.1-78	AM167559	99	Water
IoNA 276	0.04	0.09	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	EU979034	99	Soil
IoNA 290	0.18	0	0.14	<i>Flavobacterium</i> sp. WB 4.3-19	AM177629	100	Water
IoNA 293	0.09	0	0	uncultured bacterium	HQ609682	99	OE
IoNA 301	0.04	0.12	0.03	uncultured bacterium	GQ003915	99	Skin
IoNA 302	0.11	0	0				
IoNA 310	0.23	0	0.20	<i>Flavobacterium</i> sp. WB 2.1-78	AM167559	100	Water
IoNA 325	0.07	0.06	0	uncultured <i>Chryseobacterium</i> sp.	AY569302	99	OE
IoNA 329	0.04	0	0	<i>Prevotella</i> sp. oral clone IK062	AY349402	100	Human
IoNA 334	0.02	0	0				
IoNA 335	0.04	0	0	uncultured bacterium	AB240229	97	Soil
IoNA 347	0.04	0	0	uncultured bacterium	AB240357	100	OE
IoNA 362	0.07	0	0	uncultured bacterium	FM209327	100	Soil
IoNA 369	0.05	0	0	uncultured bacterium	GU305839	99	Water
IoNA 394	0.04	0	0	uncultured bacterium	DQ125639	100	Soil
IoNA 398	0.20	0	0.17	<i>Pedobacter</i> sp. PBI 166	HM204919	100	Soil
IoNA 409	0.43	0	0.06	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	FN811264	95	Soil
IoNA 426	0.28	0	0	uncultured bacterium	EU431802	100	OE
IoNA 428	0.05	0	0.08	uncultured <i>Sphingobacteriales</i> bacterium	HM856483	100	Water
IoNA 454	0.04	0	0.08	<i>Flavobacteriaceae</i> bacterium XJ109	GQ383925	100	Water
IoNA 455	0.16	0	0.22	<i>Flavobacterium</i> sp. 3039	AM110992	100	Sediment
IoNA 471	0.05	0	0	uncultured bacterium	FM872619	95	Dust
IoNA 474	0.07	0	0				
IoNA 480	0.32	0.31	0.06	uncultured <i>Chryseobacterium</i> sp.	AY569302	100	OE
IoNA 497	0.02	0	0	uncultured bacterium	FJ628305		Water
IoNA 523	0.02	0	0.06	uncultured <i>Sphingobacteria</i> bacterium	HM238175	98	Waste
IoNA 527	0.05	0	0	uncultured bacterium	FJ192729	100	Clean Room
IoNA 528	0.05	0	0	<i>Haliscomenobacter hydrossis</i> DSM 1100	CP002691	99	ND
IoNA 531	0.11	0	0.06	<i>Pedobacter</i> sp. W48	DQ778037	100	Soil
IoNA 533	0.04	0	0				
IoNA 549	0.12	0	0.22	<i>Pedobacter cryoconitis</i>	AM237384	100	Dust
IoNA 563	0.04	0	0.36	uncultured bacterium	JF232026	100	Skin
IoNA 572	0.21	0.12	0.06	<i>Pedobacter</i> sp. W48	DQ778037	100	Soil
IoNA 589	0.02	0	0	uncultured <i>Chryseobacterium</i> sp.	AY569302	98	OE
IoNA 612	0.05	0	0	uncultured <i>Sphingobacteriales</i> bacterium	HQ674889	98	OE
IoNA 613	0.05	0	0				
IoNA 616	0.11	0	0	<i>Hymenobacter</i> sp. R-42743	FR682732	100	Soil
IoNA 624	0.02	0.12	0				
IoNA 632	0.18	0.06	0	uncultured bacterium	JF417835	99	OE
IoNA 640	0.09	0.12	0	uncultured bacterium	HM278350	100	Skin
IoNA 663	0.02	0	0.45	<i>Hymenobacter rigui</i>	HM032896	100	OE
IoNA 668	0.16	0.03	0	uncultured bacterium	JF202958	100	Skin
IoNA 696	0.07	0	0	uncultured bacterium	FJ595620	95	OE
IoNA 725	0.02	0	0	endosymbiont of <i>Nilaparvata lugens</i>	GU124499	100	ND
IoNA 734	0.02	0.12	0.39	<i>Sphingobacterium multivorum</i>	AB020205	100	ND
IoNA 742	0.04	0.06	0.03	uncultured bacterium	JF176383	100	Skin
IoNA 743	0.04	0	0	uncultured bacterium	JF417835	98	OE
IoNA 756	0.05	0.06	0	uncultured bacterium	HM278372	96	Skin
IoNA 760	0.16	0.09	0	uncultured <i>Sphingobacteriales</i> cum 'Crenotrichaceae' bacterium	EF019007	100	OE
IoNA 762	0.04	0.09	0.17	uncultured bacterium	FM209336	100	Soil
IoNA 776	0.02	0	0				
IoNA 783	0.02	0	0	<i>Flavobacterium</i> sp. H7	EU109724	100	Sediment
IoNA 816	0.12	0.03	0.06	<i>Flavobacteriaceae</i> bacterium TSBY-39	DQ173003	100	Soil
IoNA 822	0.07	0	0	uncultured bacterium	FJ801177	99	Water
IoNA 825	0.02	0.34	0				
IoNA 842	0.04	0	0.11	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	AY792301	100	Water
IoNA 860	0.12	0.12	0	uncultured <i>Bacteroidetes</i> bacterium	FN811248	99	Soil
IoNA 868	0.02	0.12	0.03	uncultured bacterium	FJ657758	100	Air
IoNA 884	0.09	0.06	0	uncultured bacterium	JF135878	100	Skin
IoNA 886	0.09	0	0				
IoNA 896	0.05	0.06	0	<i>Flavobacterium</i> sp. 'Smarlab BioMol-2300973'	AY230767	100	Human
IoNA 899	0.02	0	0.06	uncultured bacterium	JF220437	99	Skin
IoNA 900	0.04	0	0.03	<i>Spirosoma rigui</i> (T)	EF507900	100	Water
IoNA 913	0.07	0.06	0.31	<i>Chryseobacterium hominis</i> (T)	AM261868	100	Human
IoNA 936	0.02	0	0.03	uncultured bacterium	DQ797155	100	Human
IoNA 949	0.02	0	0	uncultured bacterium	FM996974	100	OE
IoNA 951	0.02	0	0	uncultured bacterium	GQ018814	99	Skin
IoNA 956	0.07	0.12	0	<i>Hymenobacter soli</i> (T)	AB251884	100	Soil
IoNA 960	0.02	0	0	uncultured bacterium	EF515588	97	Waste
IoNA 968	0.04	0	0.06	uncultured bacterium	FJ478511	100	Soil
IoNA 977	0.14	0	0.11	<i>Flavobacterium subsaxonicum</i>	AM934666	100	Water
IoNA 982	0.04	0.12	0				
IoNA 988	0.16	0.06	0.22	<i>Flavobacteriaceae</i> genomosp. C1	AY278614	100	Human
IoNA 990	0.04	0	0	uncultured bacterium	AY218749	99	Sediment
IoNA 998	0.09	0	0	<i>Flavobacterium</i> sp. BF.107	FM173271	99	OE

IoNA 1028	0.02	0.22	0.08	<i>Adhaeribacter sp. KS35</i>	EF647593	99	Soil
IoNA 1036	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ609652	100	OE
IoNA 1050	0.04	0	0	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	FR749745	98	Soil
IoNA 1075	0.05	0	0.73	<i>uncultured Cytophagales bacterium</i>	AF289167	100	Water
IoNA 1093	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF516475	97	Soil
IoNA 1110	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU461653	100	OE
IoNA 1112	0.04	0	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	AY959133	100	Human
IoNA 1139	0.04	0.06	0.33	<i>uncultured bacterium</i>	GQ159396	100	Human
IoNA 1149	0.02	0	0	<i>Fluviicola taffensis DSM 16823</i>	CP002542	100	ND
IoNA 1152	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF602762	98	OE
IoNA 1154	0.04	0	0	<i>Flavobacterium suncheonense (T)</i>	DQ222428	97	ND
IoNA 1157	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ114183	99	OE
IoNA 1170	0.04	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	HQ190309	98	OE
IoNA 1171	0.07	0	0	<i>Hymenobacter sp. R-42743</i>	FR682732	98	Soil
IoNA 1172	0.11	0	0.11	<i>Flavobacterium subsaxonicum</i>	AM934666	99	Water
IoNA 1191	0.02	0	0				
IoNA 1194	0.04	0.22	0.03	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	FN811235	99	Soil
IoNA 1203	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium FukuN36</i>	AJ289998	100	OE
IoNA 1207	0.05	0.09	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF515562	100	Waste
IoNA 1211	0.02	0.12	0	<i>Hymenobacter sp. A2-91</i>	HM032898	99	OE
IoNA 1220	0.04	0	0	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU861966	100	OE
IoNA 1236	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ801177	98	Water
IoNA 1255	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ327196	98	OE
IoNA 1266	0.07	0	0	<i>Weeksella virosa DSM 16922</i>	CP002455	100	ND
IoNA 1272	0.04	0	0	<i>Flavobacterium sp. R-38295</i>	FR772227	100	Water
IoNA 1279	0.02	0.18	0				
IoNA 1287	0.02	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	JF177901	99	Skin
IoNA 1295	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM277555	98	Skin
IoNA 1331	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ101427	100	Skin
IoNA 1338	0.04	0	0	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	FJ444670	96	OE
IoNA 1346	0.04	0	0	<i>Hymenobacter rigui (T)</i>	DQ089669	99	Water
IoNA 1354	0.04	0.15	0.08	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	AY792300	100	Water
IoNA 1362	0.04	0	0				
IoNA 1363	0.05	0.18	0.17	<i>uncultured Hymenobacter sp.</i>	AF408274	100	Clean Room
IoNA 1364	0.02	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AJ315483	100	Human
IoNA 1368	0.02	0.22	0				
IoNA 1374	0.02	0	0.03	<i>Dyadobacter sp. BZ26</i>	GQ131577	100	ND
IoNA 1378	0.02	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM839113	98	Skin
IoNA 1388	0.05	0.22	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM270840	99	Skin
IoNA 1390	0.02	0	0	<i>Mucilaginibacter oryzae (T)</i>	EU109722	99	Soil
IoNA 1410	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU800510	100	Water
IoNA 1416	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF219528	95	Skin
IoNA 1425	0.02	0	0.31	<i>uncultured bacterium</i>	HM278031	100	Skin
IoNA 1436	0.02	0	0				
IoNA 1443	0.04	0	0	<i>Flavobacterium swingsii</i>	AM934651	96	Water
IoNA 1444	0.02	0	0.03	<i>uncultured soil bacterium</i>	EF688340	100	Soil
IoNA 1481	0.02	0.03	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	JF417835	100	OE
IoNA 1487	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ978490	99	OE
IoNA 1497	0.02	0	0				
IoNA 1504	0.04	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF189126	100	Skin
IoNA 1530	0.02	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129648	95	Air
IoNA 1531	0.02	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	JF119935	99	Skin
IoNA 1535	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ010622	100	Skin
IoNA 1542	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF174261	100	OE
IoNA 1554	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ880652	100	OE
IoNA 1559	0.02	0	0	<i>Flavobacterium sp. R-36233</i>	FR682719	99	Soil
IoNA 1570	0.02	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM303781	100	Skin
IoNA 1574	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ327273	100	OE
IoNA 1595	0	2.43	0				
IoNA 1622	0	0.03	0	<i>Pedobacter sp. TPD38</i>	HM224486	99	Water
IoNA 1624	0	0.34	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM274450	100	Skin
IoNA 1629	0	0.31	0.03	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	AF445698	98	OE
IoNA 1630	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ011603	98	Skin
IoNA 1634	0	0.28	0				
IoNA 1637	0	0.18	0	<i>Rhodocytophaga aerolata</i>	EU004198	100	Air
IoNA 1642	0	0.18	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF240482	100	Skin
IoNA 1662	0	0.03	0				
IoNA 1667	0	0.09	0	<i>Spirosoma linguale DSM 74</i>	CP001769	96	ND
IoNA 1668	0	0.06	0	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	AF445698	98	OE
IoNA 1669	0	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF175892	100	Skin
IoNA 1670	0	0.25	0	<i>uncultured soil bacterium</i>	DQ378256	97	Soil
IoNA 1684	0	0.09	0				
IoNA 1685	0	0.28	0	<i>Hymenobacter sp. R-36359</i>	FR682728	100	Soil
IoNA 1690	0	0.09	0	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	EF683042	98	Air
IoNA 1691	0	0.40	0.25	<i>Kaistella flava</i>	AM421015	100	Soil
IoNA 1693	0	0.15	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ396989	96	Soil
IoNA 1696	0	0.03	0				
IoNA 1704	0	0.06	0				
IoNA 1710	0	0.86	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	FN421499	100	OE
IoNA 1712	0	0.28	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ396989	100	Soil
IoNA 1715	0	0.06	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FM872922	100	Dust

IoNA 1716	0	0.03	0				
IoNA 1718	0	0.09	0				
IoNA 1719	0	0.28	0.06	uncultured bacterium	HM282179	99	Skin
IoNA 1721	0	0.22	0	uncultured bacterium	HM839113	100	Skin
IoNA 1722	0	0.22	0	uncultured bacterium	GQ011559	99	Skin
IoNA 1728	0	0.25	0.17	uncultured bacterium	AY838458	100	OE
IoNA 1729	0	0.03	0	uncultured bacterium	FN421837	100	OE
IoNA 1730	0	0.03	0.03	uncultured <i>Bacteroidetes bacterium</i>	EU283373	99	Waste
IoNA 1733	0	0.03	0				
IoNA 1739	0	0.34	0	<i>Bergeyella sp. h1971d</i>	AY398698	96	OE
IoNA 1744	0	0.15	0	uncultured bacterium	JF134251	99	Skin
IoNA 1746	0	0.25	0	uncultured bacterium	FM209336	98	Soil
IoNA 1747	0	0.46	0.03				
IoNA 1749	0	0.28	0.75				
IoNA 1750	0	0.03	0				
IoNA 1755	0	0.03	0	uncultured bacterium	EF516581	97	Soil
IoNA 1763	0	0.06	0	uncultured bacterium	HM315772	100	Skin
IoNA 1766	0	0.55	0	uncultured bacterium	GQ097291	100	Skin
IoNA 1768	0	0.25	0.11	uncultured bacterium	FN421632	100	OE
IoNA 1771	0	0.18	0.22	uncultured bacterium	JF176732	100	Skin
IoNA 1789	0	0.06	0				
IoNA 1791	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ396828	99	Soil
IoNA 1794	0	0.03	0.08	uncultured soil bacterium	EU861847	99	Soil
IoNA 1799	0	0.22	0.06	uncultured soil bacterium	DQ248290	100	Soil
IoNA 1802	0	0.03	0	uncultured bacterium	DQ990929	100	OE
IoNA 1818	0	0.03	0	<i>Spirosoma linguale DSM 74</i>	CP001769	95	ND
IoNA 1836	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF219865	98	Skin
IoNA 1845	0	0.09	0				
IoNA 1851	0	0.03	0				
IoNA 1856	0	0.09	0	uncultured soil bacterium	DQ378256	98	Soil
IoNA 1862	0	0.03	0	uncultured <i>Segetibacter sp.</i>	HQ674883	98	OE
IoNA 1866	0	0.03	0				
IoNA 1868	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	HQ190297	98	OE
IoNA 1878	0	0.03	0				
IoNA 1885	0	0.09	0				
IoNA 1886	0	0.03	0	uncultured rumen bacterium	AB185729	98	OE
IoNA 1908	0	0.15	0	uncultured soil bacterium	EF688348	99	Soil
IoNA 1909	0	0.03	0.08	uncultured bacterium	JF228061	100	Skin
IoNA 1916	0	0.03	0				
IoNA 1939	0	0.03	0				
IoNA 1946	0	0.09	0	uncultured bacterium	GQ157971	100	Human
IoNA 1961	0	0.03	0				
IoNA 1967	0	0.12	0	<i>Capnocytophaga canimorsus</i>	EU796886	99	Human
IoNA 1968	0	0.06	0				
IoNA 1970	0	0.03	0				
IoNA 1976	0	0.03	0				
IoNA 1978	0	0.03	0				
IoNA 1998	0	0.03	0	uncultured <i>Bergeyella sp.</i>	EU644465	100	Human
IoNA 2002	0	0.09	0	uncultured bacterium	JF219888	99	Skin
IoNA 2004	0	0.09	0	uncultured <i>Bacteroidetes bacterium</i>	EF683048	100	Air
IoNA 2015	0	0.03	0	uncultured bacterium	HM274598	100	Skin
IoNA 2021	0	0.03	0				
IoNA 2028	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF218177	99	Skin
IoNA 2031	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF116336	100	Skin
IoNA 2036	0	0.03	0				
IoNA 2038	0	0.03	0	uncultured bacterium	HM312761	98	Skin
IoNA 2040	0	0.03	0.06	uncultured bacterium	EU765264	100	OE
IoNA 2042	0	0.03	0				
IoNA 2047	0	0.03	0				
IoNA 2061	0	0.03	0.20	uncultured bacterium	GQ091833	100	Skin
IoNA 2065	0	0.06	0				
IoNA 2066	0	0.09	0.03	<i>Sphingobacterium sp. CH13</i>	GU353116	100	OE
IoNA 2068	0	0.09	0.11	uncultured <i>Bacteroidetes bacterium</i>	FR749714	96	Soil
IoNA 2072	0	0.03	0	<i>Segetibacter koreensis (T)</i>	AB267478	99	Soil
IoNA 2073	0	0.06	0	uncultured <i>Bacteroidetes bacterium</i>	EU753659	100	OE
IoNA 2081	0	0.03	0				
IoNA 2085	0	0.06	0				
IoNA 2110	0	0.03	0				
IoNA 2116	0	0.03	0				
IoNA 2121	0	0.06	0				
IoNA 2126	0	0.03	0	uncultured bacterium	GU174032	95	OE
IoNA 2127	0	0.06	0	uncultured bacterium	FN421864	100	OE
IoNA 2146	0	0.06	0	<i>cf. Chryseobacterium sp. UOF CM895</i>	AY468453	99	OE
IoNA 2150	0	0.03	0				
IoNA 2165	0	0.06	0				
IoNA 2170	0	0.03	0	<i>Hymenobacter gelipurpurascens (T)</i>	Y18836	100	Soil
IoNA 2174	0	0.06	0	uncultured <i>Bacteroidetes bacterium</i>	FN811265	98	Soil
IoNA 2184	0	0.03	0.03	uncultured bacterium	DQ456032	99	OE
IoNA 2186	0	0.03	0				
IoNA 2196	0	0.03	0				
IoNA 2215	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF559095	100	Waste

IoNA 2217	0	0	0.08	<i>Flavobacterium</i> sp. PDD-32b-56	HQ256854	99	Water
IoNA 2221	0	0	0.14				
IoNA 2225	0	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	FJ660565	98	Waste
IoNA 2226	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	EU509142	100	OE
IoNA 2230	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	EF632858	98	Water
IoNA 2235	0	0	0.42	<i>Pedobacter</i> sp. BG5	EU637886	100	Soil
IoNA 2237	0	0	0.31	<i>Gillisia</i> sp. R-36928	FR691444	98	OE
IoNA 2241	0	0	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	HQ114183	98	OE
IoNA 2251	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM129343	96	Water
IoNA 2257	0	0	0.03	<i>Dyadobacter</i> sp. DR5	FJ447543	98	Water
IoNA 2259	0	0	0.11	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	HQ397115	98	Soil
IoNA 2266	0	0	0.17	<i>Prevotella</i> sp. oral clone GI030	AY349395	100	Human
IoNA 2270	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	JF232026	98	Skin
IoNA 2271	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	EU244053	100	Sediment
IoNA 2282	0	0	0.25	<i>uncultured Sphingobacterium</i> sp.	EU409855	100	OE
IoNA 2286	0	0	0.17	<i>Porphyromonas gingivalis</i> W83	AE015924	99	Human
IoNA 2289	0	0	0.11	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	EU753658	100	OE
IoNA 2290	0	0	0.14	<i>Porphyromonas bennonis</i> (T)	EU414673	100	Human
IoNA 2292	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM273574	100	Skin
IoNA 2298	0	0	0.14	<i>uncultured soil bacterium</i>	DQ378273	100	Soil
IoNA 2301	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FN421870	97	OE
IoNA 2306	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FN421743	95	OE
IoNA 2309	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM336232	100	Skin
IoNA 2315	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HQ716263	98	OE
IoNA 2316	0	0	0.11	<i>Chryseobacterium</i> sp. IMMIB L-1519	FN297836	100	Human
IoNA 2319	0	0	0.11	<i>Hymenobacter</i> sp. BZ33r	GQ131579	99	ND
IoNA 2321	0	0	0.03				
IoNA 2327	0	0	0.06	<i>Cytophaga</i> sp. An36	AJ551174	99	Sediment
IoNA 2328	0	0	0.17	<i>uncultured bacterium</i>	JF219865	99	Skin
IoNA 2333	0	0	0.03	<i>uncultured Bacteroidetes bacterium</i>	DQ640662	99	Waste
IoNA 2337	0	0	0.20	<i>Taxeobacter ocellatus</i>	Y18838	97	Soil
IoNA 2338	0	0	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	GQ264158	99	Waste
IoNA 2343	0	0	0.03	<i>Taxeobacter ocellatus</i>	Y18838	96	Soil
IoNA 2348	0	0	0.03	<i>uncultured Flavobacterium</i> sp.	EU703375	96	Water
IoNA 2351	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM274528	100	Skin
IoNA 2352	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AY958926	98	Human
IoNA 2356	0	0	0.03	<i>Chryseobacterium</i> sp. VTT E-052908	EF093133	99	OE
IoNA 2360	0	0	0.06				
IoNA 2367	0	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	JF232026	99	Skin
IoNA 2369	0	0	0.06	<i>Prevotella oris</i>	GQ131410	100	Human
IoNA 2371	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	GQ102110	100	Skin
IoNA 2375	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	AF371901	99	OE
IoNA 2376	0	0	0.08	<i>Hymenobacter</i> sp. 1018	EF423328	99	OE
IoNA 2380	0	0	0.03	<i>Flavobacterium</i> sp. WB 2.1-78	AM167559	97	Water
IoNA 2388	0	0	0.03	<i>uncultured Sphingobacterium</i> sp.	FM958444	98	Human
IoNA 2389	0	0	0.25	<i>Bacteroides fragilis</i>	X83944	100	ND
IoNA 2395	0	0	0.17	<i>uncultured Prevotella</i> sp.	GQ179740	100	Human
IoNA 2406	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ477880	98	ND
IoNA 2407	0	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	AB286498	100	Waste
IoNA 2409	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	GQ396956	100	Soil
IoNA 2411	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	JF116525	100	Skin
IoNA 2417	0	0	0.03	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU861961	97	OE
IoNA 2421	0	0	0.03	<i>Chryseobacterium</i> sp. M2T8B9	GQ246712	98	OE
IoNA 2424	0	0	0.03	<i>uncultured soil bacterium</i>	EU861847	98	Soil
IoNA 2427	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EF405084	97	Human
IoNA 2432	0	0	0.06	<i>Porphyromonas</i> sp. oral clone DP023	AF385516	99	Human
IoNA 2434	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	AY975983	100	Human
IoNA 2438	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	JF041088	100	ND
IoNA 2441	0	0	0.11	<i>Prevotella intermedia</i>	AF414824	100	Human
IoNA 2442	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ010438	100	Skin
IoNA 2443	0	0	0.33	<i>Bacteroidetes bacterium</i> 7-11	AB578876	99	OE
IoNA 2447	0	0	0.03	<i>uncultured Sphingobacteriales bacterium</i>	AM935103	100	Soil
IoNA 2449	0	0	0.36	<i>uncultured bacterium</i>	DQ796159	100	Human
IoNA 2451	0	0	0.25	<i>Hymenobacter elongatus</i>	GQ454797	100	OE
IoNA 2455	0	0	0.31	<i>Flavobacterium frigoris</i> (T)	AJ557887	100	Water
IoNA 2462	0	0	0.14	<i>uncultured bacterium</i>	HM278707	100	Skin
IoNA 2467	0	0	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	DQ797605	100	Human
IoNA 2468	0	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	JF169107	100	Skin
IoNA 2472	0	0	0.08				
IoNA 2480	0	0	0.03	<i>uncultured Capnocytophaga</i> sp.	AM420030	98	Human
IoNA 2481	0	0	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	HM266863	100	Skin
IoNA 2483	0	0	0.06	<i>Hymenobacter</i> sp. 29F	AY647897	98	Soil
IoNA 2498	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	AY188321	99	Sediment
IoNA 2508	0	0	0.17	<i>uncultured bacterium</i>	AY916242	100	Human
IoNA 2526	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	FJ680919	98	OE
IoNA 2529	0	0	0.08	<i>Pedobacter kribbensis</i>	EF660752	98	Soil
IoNA 2530	0	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	AB240274	96	Soil
IoNA 2532	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM329978	99	Skin
IoNA 2535	0	0	0.06				
IoNA 2536	0	0	0.03	<i>Flavobacterium rivuli</i>	AM934661	98	Water
IoNA 2539	0	0	0.06	<i>Yeosuana aromativorans</i> (T)	AY682382	98	Sediment

IoNA 2542	0	0	0.25	<i>Hymenobacter</i> sp. HMD1010	HM016164	100	Water
IoNA 2553	0	0	0.08	uncultured bacterium	FJ681370	99	OE
IoNA 2558	0	0	0.11	uncultured bacterium	JF228213	98	Skin
IoNA 2562	0	0	0.17	uncultured bacterium	FN421870	100	OE
IoNA 2569	0	0	0.11	<i>Flavobacterium</i> sp. V4.BS.09	AJ244698	99	Water
IoNA 2585	0	0	0.08	uncultured bacterium	HM021343	99	Human
IoNA 2586	0	0	0.08	<i>Bacteroidetes bacterium</i> CHNCT12	DQ337558	98	Soil
IoNA 2587	0	0	0.06	uncultured microorganism	EU931404	100	Clean Room
IoNA 2593	0	0	0.08	uncultured bacterium	JF228061	100	Skin
IoNA 2594	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM129096	100	Water
IoNA 2598	0	0	0.03				
IoNA 2603	0	0	0.06	uncultured bacterium	HM066413	97	ND
IoNA 2604	0	0	0.08	<i>Porphyromonas somerae</i> (T)	AY968205	100	ND
IoNA 2605	0	0	0.06	uncultured bacterium	JF176847	97	Skin
IoNA 2608	0	0	0.03				
IoNA 2609	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU735631	98	Soil
IoNA 2613	0	0	0.06	<i>Prevotella</i> sp. oral clone DO039	AF385513	100	Human
IoNA 2617	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU465600	99	OE
IoNA 2621	0	0	0.06	uncultured bacterium	GQ396940	96	Soil
IoNA 2635	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ072305	98	Skin
IoNA 2639	0	0	0.11	uncultured <i>Bacteroidetes bacterium</i>	FR749711	100	Soil
IoNA 2643	0	0	0.03	<i>Prevotella</i> sp. oral clone DA058	AY005065	100	Human
IoNA 2644	0	0	0.08	uncultured bacterium	JF224310	99	Skin
IoNA 2646	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU531894	99	ND
IoNA 2648	0	0	0.08	<i>Dyadobacter</i> sp. DR5	FJ447543	99	Soil
IoNA 2650	0	0	0.03				
IoNA 2651	0	0	0.06	uncultured bacterium	JF131913	100	Skin
IoNA 2660	0	0	0.03	uncultured <i>Prevotella</i> sp.	AM420032	100	Human
IoNA 2665	0	0	0.03	uncultured bacterium	AF371914	95	OE
IoNA 2672	0	0	0.08	uncultured <i>Bacteroidetes bacterium</i>	DQ640669	100	Waste
IoNA 2686	0	0	0.03				
IoNA 2690	0	0	0.03	uncultured eubacterium E1-K11	AJ289187	100	Human
IoNA 2694	0	0	0.03				
IoNA 2695	0	0	0.03				
IoNA 2698	0	0	0.03				
IoNA 2701	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ905221	100	Human
IoNA 2709	0	0	0.11	uncultured bacterium	EU431827	96	OE
IoNA 2717	0	0	0.20	uncultured bacterium	FJ978490	97	OE
IoNA 2720	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM274528	100	Skin
IoNA 2726	0	0	0.03				
IoNA 2727	0	0	0.03				
IoNA 2728	0	0	0.03	<i>bacterium</i> 1C2	DQ298767	99	OE
IoNA 2731	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ936951	98	OE
IoNA 2740	0	0	0.08	uncultured bacterium	EF405020	100	Human
IoNA 2741	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ263574	97	Waste
IoNA 2743	0	0	0.08	uncultured bacterium	HM128568	99	Water
IoNA 2745	0	0	0.03	<i>Flavobacterium</i> sp. 'Smarlab BioMol-2300973'	AY230767	98	Human
IoNA 2748	0	0	0.08	<i>Porphyromonas uenonis</i>	GQ422746	100	Human
IoNA 2750	0	0	0.03	<i>Spirosoma linguale</i> DSM 74	CP001769	98	ND
IoNA 2759	0	0	0.08	uncultured soil bacterium	DQ378235	100	Soil
IoNA 2778	0	0	0.14	uncultured bacterium	GU454914	96	OE
IoNA 2779	0	0	0.03	uncultured bacterium	AY570561	97	Water
IoNA 2789	0	0	0.03	uncultured soil bacterium	DQ378273	98	Soil
IoNA 2792	0	0	0.03				
IoNA 2793	0	0	0.03				
IoNA 2811	0	0	0.17	uncultured bacterium	DQ415777	98	OE
IoNA 2826	0	0	0.11				
IoNA 2827	0	0	0.08	<i>Prevotella shahii</i> (T)	AB108825	100	Human
IoNA 2829	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ868763	97	OE
IoNA 2831	0	0	0.03	<i>Spirosoma rigui</i> (T)	EF507900	98	Water
IoNA 2832	0	0	0.11	<i>Chryseobacterium</i> sp. PHD-9	DQ301786	100	ND
IoNA 2836	0	0	0.08	<i>Bacteroidetes bacterium</i> Ko310	AF550584	100	OE
IoNA 2856	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ324873	100	Water
IoNA 2861	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF222494	99	Skin
IoNA 2867	0	0	0.03				
IoNA 2871	0	0	0.03	uncultured <i>Capnocytophaga</i> sp.	AM420030	100	Human
IoNA 2872	0	0	0.03	uncultured bacterium	AY838520	96	OE
IoNA 2877	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM995674	99	OE
IoNA 2888	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF151225	95	Skin
IoNA 2897	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ397095	99	Soil
IoNA 2898	0	0	0.03	<i>Bacteroidetes</i> sp. oral clone FX069	AY134906	100	Human
IoNA 2900	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU104095	98	Waste
IoNA 2901	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF176458	98	Skin
IoNA 2903	0	0	0.06	<i>Spirosoma rigui</i> (T)	EF507900	98	Water
IoNA 2904	0	0	0.03	uncultured <i>Bacteroidetes bacterium</i>	HQ727630	95	Soil
IoNA 2913	0	0	0.03	<i>Pedobacter</i> sp. BZ42	GQ161990	100	Soil
IoNA 2916	0	0	0.03	uncultured <i>Bacteroidetes bacterium</i>	EU979038	96	Soil
IoNA 2920	0	0	0.06	<i>Porphyromonas canoris</i>	AB525416	100	ND
IoNA 2924	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ856545	100	OE
IoNA 2926	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF228213	98	Skin
IoNA 2935	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF199319	98	Skin

IoNA 2940	0	0	0.03	<i>Bacteroides fragilis</i>	X83944	98	ND
IoNA 2941	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	FN421509	100	OE
IoNA 2943	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HQ190384	98	OE
IoNA 2948	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HQ178786	96	Sediment
<i>Chlamydiae</i> : 4 phylotypes, 7 sequences							
IoNA 1414	0.02	0	0				
IoNA 1687	0	0.09	0				
IoNA 1780	0	0.03	0.03	<i>Rhabdochlamydia crassificans</i>	AY928092	98	Soil
IoNA 2824	0	0	0.03				
<i>Chloroflexi</i> : 29 phylotypes, 57 sequences							
IoNA 195	0.05	0	0				
IoNA 308	0.05	0	0				
IoNA 619	0.04	0.22	0				
IoNA 744	0.04	0	0	<i>uncultured soil bacterium</i>	AF507680	96	Soil
IoNA 861	0.02	0	0	<i>bacterium Ellin6529</i>	HM748677	96	Soil
IoNA 894	0.02	0	0				
IoNA 950	0.02	0	0				
IoNA 1011	0.02	0.03	0	<i>uncultured Chloroflexi bacterium</i>	AY921843	100	Soil
IoNA 1219	0.02	0.06	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EF157268	100	OE
IoNA 1242	0.02	0	0				
IoNA 1467	0.04	0	0	<i>Thermomicrobium roseum</i> DSM 5159	CP001275	96	ND
IoNA 1470	0.02	0.12	0.06	<i>uncultured Anaerolineae bacterium</i>	AM935847	100	Soil
IoNA 1480	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129389	99	Air
IoNA 1493	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF157190	95	OE
IoNA 1560	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129350	99	Air
IoNA 1579	0.02	0	0	<i>uncultured Chloroflexus</i> sp.	HM241129	99	OE
IoNA 1660	0	0.03	0				
IoNA 1759	0	0.06	0				
IoNA 2106	0	0.03	0				
IoNA 2113	0	0.03	0				
IoNA 2123	0	0.03	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EF157268	97	OE
IoNA 2161	0	0.03	0				
IoNA 2180	0	0.03	0	<i>uncultured Chloroflexi bacterium</i>	HQ183884	98	Sediment
IoNA 2195	0	0.03	0				
IoNA 2459	0	0	0.06				
IoNA 2662	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	GQ262999	99	Waste
IoNA 2667	0	0	0.03	<i>uncultured Chloroflexi bacterium</i>	HM238172	98	Waste
IoNA 2839	0	0	0.03				
IoNA 2922	0	0	0.03				
<i>Crenarchaeota</i> : 2 phylotypes, 2 sequences							
IoNA 2790	0	0	0.03				
IoNA 2799	0	0	0.03				
<i>Cyanobacteria</i> : 13 phylotypes, 25 sequences							
IoNA 1057	0.02	0	0				
IoNA 1078	0.04	0	0	<i>uncultured cyanobacterium</i>	EF032663	99	OE
IoNA 1336	0.02	0	0	<i>uncultured cyanobacterium</i>	GQ417856	99	OE
IoNA 1433	0.02	0	0	<i>Microcoleus vaginatus</i> CJI-U2-KK1	EF654062	99	ND
IoNA 1527	0.02	0.09	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU881197	100	Soil
IoNA 1592	0	0.03	0				
IoNA 1612	0	0.15	0	<i>Chroococcidiopsis</i> sp. BB82.3	AJ344553	95	ND
IoNA 1738	0	0.12	0	<i>uncultured eubacterium</i> WD215	AJ292689	98	Soil
IoNA 2069	0	0.03	0				
IoNA 2175	0	0.03	0	<i>uncultured cyanobacterium</i>	EF522222	99	OE
IoNA 2452	0	0	0.06	<i>uncultured Cyanobacterium</i> sp.	JF733406	95	OE
IoNA 2633	0	0	0.03	<i>Phormidium murrayi</i> Ant-Ph58	DQ493872	99	ND
IoNA 2859	0	0	0.03				
<i>Deinococcus-Thermus</i> : 29 phylotypes, 296 sequences							
IoNA 11	0.12	0	0	<i>Thermus brockianus</i>	Y18409	99	OE
IoNA 19	2.13	0	0.14	<i>Thermus</i> sp.	L09661	100	ND
IoNA 89	1.38	0.31	0.03	<i>Thermus brockianus</i>	Y18409	99	OE
IoNA 279	0.12	0	0.08	<i>Thermus</i> sp.	L09661	99	ND
IoNA 534	0.21	0	0.06	<i>Thermus brockianus</i>	Y18409	99	OE
IoNA 562	0.05	0	0	<i>Thermus</i> sp.	L09661	98	ND
IoNA 579	0.05	0	0	<i>uncultured Deinococcus</i> sp.	DQ366015	99	Soil
IoNA 667	0.02	0	0	<i>Thermus</i> sp.	L09661	99	ND
IoNA 747	0.02	0	0.08	<i>Deinococcus</i> sp. VTT E-052909	EF093134	100	OE
IoNA 848	0.05	0	0	<i>uncultured endolithic bacterium</i>	AB374369	97	Water
IoNA 869	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ532354	95	Clean Room
IoNA 871	0.02	0.15	0	<i>Deinococcus</i> sp. Grk5	HQ738630	100	OE
IoNA 941	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF146539	97	Skin
IoNA 1063	0.04	0	0	<i>Deinococcus radiodurans</i>	M21413	100	ND
IoNA 1065	0.02	0	0	<i>Thermus</i> sp.	L09661	99	ND
IoNA 1111	0.02	0	0	<i>Thermus brockianus</i>	Y18409	98	OE
IoNA 1167	0.04	0	0.03	<i>Meiothermus</i> sp. L-s-R2A-4C.2	AM229086	100	OE
IoNA 1330	0.05	0	0	<i>uncultured Deinococcus</i> sp.	DQ366015	99	Soil
IoNA 1361	0.02	0	0	<i>Deinococcus</i> sp. VTT E-052909	EF093134	100	OE
IoNA 1569	0.02	0	0	<i>Thermus brockianus</i>	Y18409	99	OE
IoNA 1583	0.02	0	0	<i>Thermus</i> sp.	L09661	98	ND
IoNA 1775	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ115543	100	Skin
IoNA 1985	0	0.06	0	<i>Deinococcus hopiensis</i> (T)	AY743262	97	ND

IoNA 2080	0	0.06	0	uncultured bacterium	JF219880	98	Skin
IoNA 2545	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF161861	100	Skin
IoNA 2677	0	0	0.11	<i>Deinococcus</i> sp. R-36713	FR682758	97	Soil
IoNA 2683	0	0	0.03	<i>Deinococcus marmoris</i> (T)	AJ585986	100	ND
IoNA 2732	0	0	0.08	uncultured <i>Deinococci</i> bacterium	HQ183955	99	Sediment
IoNA 2756	0	0	0.06	uncultured endolithic bacterium	AB374378	100	Water
<i>Firmicutes</i> : 534 phylotypes, 4002 sequences							
IoNA 4	0.12	0.03	0.06	<i>Dialister</i> sp. oral clone BS095	AF287787	100	Human
IoNA 5	1.14	0.18	0.08				
IoNA 13	0.25	0.03	0.03				
IoNA 15	0.04	0.09	0.20	uncultured bacterium	HM834360	100	Skin
IoNA 20	0.02	0	0.03	uncultured bacterium	EF640140	99	OE
IoNA 21	0.07	0	0.03	<i>Thermoactinomyces vulgaris</i>	EU430570	100	OE
IoNA 34	0.14	0	0	uncultured bacterium	DQ796860	100	Human
IoNA 36	0.05	0.15	0	<i>Bacillus</i> sp. TAT105	AB066342	100	Compost
IoNA 42	0.02	0	0.06	uncultured <i>Clostridiales</i> bacterium	AM420036	99	Human
IoNA 44	0.11	0.03	0.17	<i>Thermoactinomyces intermedius</i> (T)	AF138734	98	Dust
IoNA 49	0.02	0	0	<i>Bacillus racemilacticus</i>	D16279	99	ND
IoNA 52	0.05	0	0	<i>Clostridium quini</i> (T)	X76745	98	ND
IoNA 57	1.01	1.08	1.23	<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	FN393802	100	Clean Room
IoNA 67	0.14	0.12	0.17	uncultured bacterium	EU845237	100	OE
IoNA 72	0.12	0	0	uncultured bacterium	AB274501	98	OE
IoNA 73	0.04	0	0	<i>Thermoactinomycetaceae</i> bacterium JFMB-ATE	FN665656	99	OE
IoNA 86	0.07	0	0	uncultured <i>Clostridiales</i> bacterium	EU266777	98	Sediment
IoNA 101	0.11	0	0.17	uncultured bacterium	DQ113682	100	OE
IoNA 103	0.21	0.37	0.22	<i>Bacillus</i> sp. IDA3504	AJ544784	100	Soil
IoNA 120	1.85	1.66	3.57	<i>Thermoactinomyces vulgaris</i>	EU430570	100	OE
IoNA 139	0.71	1.05	2.07	<i>Staphylococcus</i> sp. NCCP 255	AB619597	100	OE
IoNA 145	0.11	0	0.03	<i>Lactobacillus mucosae</i>	EU728797	100	OE
IoNA 147	1.40	0.34	0.20	uncultured bacterium	AF371691	100	OE
IoNA 152	0.09	0	0	<i>Paenibacillus</i> sp. LnR-29	EU332830	96	Soil
IoNA 155	0.18	0	0.11	<i>Bacillus litoralis</i> (T)	AY608605	100	OE
IoNA 156	0.25	0.15	0.42	uncultured bacterium	GQ001622	98	Skin
IoNA 160	0.07	0.06	0.14	<i>Thermoactinomyces vulgaris</i>	EU430570	100	OE
IoNA 172	0.30	0	0.03				
IoNA 173	0.04	0	0	uncultured <i>Staphylococcus</i> sp.	FJ957556	98	Clean Room
IoNA 176	0.07	0	0.03	<i>Bacillus</i> sp. D-S1-47	HQ008240	100	Water
IoNA 183	0.11	0	0	<i>Geobacillus stearothermophilus</i>	EU652089	100	Sediment
IoNA 184	0.23	0	0	<i>Bacillus</i> sp. cryopeg_9	AY660701	100	OE
IoNA 187	0.02	0	0				
IoNA 196	0.12	0	0.03	bacterium JL-74	AY745842	100	Water
IoNA 223	0.32	0	0	<i>Brevibacillus limnophilus</i> (T)	AB112717	99	ND
IoNA 224	0.07	0.15	0.31	<i>Staphylococcus</i> sp. BNA-3	GU451172	100	Human
IoNA 240	0.34	0.09	0.33	uncultured bacterium	AF371534	100	OE
IoNA 251	0.14	0	0.53	uncultured bacterium	HM275696	100	Skin
IoNA 252	0.04	0.06	0.11	<i>Bacillales</i> bacterium NR102	DQ520807	99	Soil
IoNA 261	0.09	0	0	uncultured bacterium	DQ376550	98	OE
IoNA 262	0.04	0	0	uncultured bacterium	AY984158	99	Human
IoNA 265	0.02	0	0	uncultured bacterium	EF398284	99	Human
IoNA 272	0.02	0	0	uncultured bacterium	FJ369404	97	Human
IoNA 277	0.02	0	0	uncultured <i>Gemella</i> sp.	GU458903	100	ND
IoNA 280	0.28	0.15	0	<i>Bacillus</i> sp. PA27	AM900775	100	Dust
IoNA 282	0.20	0.03	0.06	<i>Clostridium butyricum</i>	X68177	100	ND
IoNA 283	0.05	0	0	<i>Bacillus acidicola</i>	GQ389780	98	ND
IoNA 285	0.16	0	0	<i>Virgibacillus halodenitrificans</i>	AY543168	99	ND
IoNA 287	0.34	0	0	uncultured <i>Bacillus</i> sp.	FJ268978	100	Soil
IoNA 298	0.09	0	0.25	<i>Jeotgaliococcus halotolerans</i> (T)	AY028925	100	ND
IoNA 309	0.04	0	0	uncultured <i>Clostridiales</i> bacterium	GU214175	97	OE
IoNA 311	0.28	0	0.50	<i>Streptococcus</i> sp. oral clone FN051	AF432135	100	Human
IoNA 322	0.87	0.49	2.15	<i>Streptococcus oralis</i>	GU561395	100	Human
IoNA 324	0.05	0.22	0.73	<i>Lactococcus lactis</i>	AJ488176	100	OE
IoNA 327	0.09	0.06	0.03	uncultured bacterium	AF371691	100	OE
IoNA 332	0.07	0	0.14	<i>Sarcina ventriculi</i>	AF110272	100	ND
IoNA 336	0.04	0	0	uncultured bacterium	GQ069749	100	Skin
IoNA 337	0.36	0	0.20	<i>Bacillus niacini</i> (T)	AB021194	100	ND
IoNA 350	0.41	0	0.39	uncultured bacterium	DQ905882	99	Human
IoNA 351	0.02	0	0.08	uncultured bacterium	GQ397026	100	Soil
IoNA 364	0.16	0.09	0.50	<i>Lactobacillus crispatus</i>	Y17362	100	OE
IoNA 365	0.04	0	0.06	uncultured bacterium	DQ905879	99	Human
IoNA 373	0.02	0	0	uncultured <i>Bacillales</i> bacterium	DQ230963	97	water
IoNA 379	0.32	1.66	0.08	<i>Thermoactinomyces intermedius</i> (T)	AF138734	100	Dust
IoNA 385	0.07	0	0	uncultured bacterium	DQ795953	100	Human
IoNA 392	0.02	0	0.11	uncultured bacterium	HM808901	100	Skin
IoNA 393	0.14	0.31	0.25	<i>Planococcus psychrotoleratus</i>	AF324659	100	ND
IoNA 396	0.04	0	0	uncultured bacterium	DQ071438	100	OE
IoNA 406	0.07	0	0.33	<i>Anaerococcus vaginalis</i> (T)	AF542229	100	OE
IoNA 411	0.12	0	0	uncultured compost bacterium	FN667232	99	Compost
IoNA 415	0.25	0	0.22	uncultured bacterium	JF195450	100	Skin
IoNA 419	0.04	0	0	<i>Brevibacillus parabrevis</i> (T)	AB112714	100	ND
IoNA 433	0.23	0.34	0.87	uncultured bacterium	FM873098	100	Dust
IoNA 448	0.05	0.09	0.36	<i>Clostridium disporicum</i> (T)	Y18176	100	ND

IoNA 452	0.14	0	0.28	<i>Lactobacillus gasseri</i> (T)	AF519171	100	ND
IoNA 459	0.50	0.28	0.56	uncultured bacterium	DQ238608	100	OE
IoNA 463	0.05	0	0	uncultured bacterium	HM812223	99	Skin
IoNA 475	0.05	0.15	0	<i>Planifilum yunnanense</i> (T)	DQ119659	99	OE
IoNA 481	0.09	0	0				
IoNA 495	0.09	0	0				
IoNA 496	0.75	0.71	0.84	<i>Laceyella sacchari</i>	AF138738	100	Dust
IoNA 501	0.11	0.06	0	uncultured bacterium	EF603375	100	OE
IoNA 503	0.07	0	0	<i>Bacillus</i> sp. R-31297	AM910313	100	OE
IoNA 510	0.02	0	0	uncultured <i>Sedimentibacter</i> sp.	EU703420	99	Water
IoNA 529	0.07	0	0	uncultured <i>Lactococcus</i> sp.	AB089061	100	OE
IoNA 530	0.05	0	0	uncultured bacterium	FN868400	97	Soil
IoNA 542	1.51	2.68	2.20	uncultured bacterium	FM875342	98	Skin
IoNA 544	0.14	0	0	uncultured bacterium	JF142531	100	Skin
IoNA 546	0.02	0	0.08	uncultured <i>Facklamia</i> sp.	HQ327304	100	OE
IoNA 550	0.20	0.31	0.06	<i>Bacillus simplex</i> (T)	AJ439078	100	ND
IoNA 565	0.04	0	0	uncultured bacterium	FN436095	98	Waste
IoNA 571	0.50	0.31	0	<i>Planifilum fimeticola</i> (T)	AB088364	100	Compost
IoNA 581	0.09	0	0.08	<i>Bacillus licheniformis</i>	GU086425	100	OE
IoNA 582	0.04	0	0.03				
IoNA 586	0.09	0	0	uncultured bacterium	AB486464	96	Soil
IoNA 588	0.12	0.86	0	<i>Bacillus</i> sp. BGSC W9A62	AY608953	100	ND
IoNA 590	0.16	0.09	0.84	<i>Aerococcus viridans</i>	AY707775	100	ND
IoNA 591	0.05	0	0	bacterium YIM-kkny4	AY121431	99	Water
IoNA 592	0.02	0	0				
IoNA 615	0.12	0	0	<i>Empedobacter brevis</i>	DQ350833	97	ND
IoNA 634	0.04	0.03	0	<i>Bacillus</i> sp. IDA4789	AY289499	100	Soil
IoNA 638	0.05	0	0	uncultured bacterium A19	AF052416	100	Human
IoNA 639	0.02	0	0	uncultured bacterium	EU843774	100	OE
IoNA 648	0.02	0	0	uncultured compost bacterium	DQ346512	97	Compost
IoNA 654	0.25	0.03	0				
IoNA 659	0.05	0.09	0.67	uncultured <i>Peptostreptococcus</i> sp.	AF408269	100	Clean Room
IoNA 664	0.09	0	0.25	butyrate-producing bacterium L1-952	AJ270479	100	OE
IoNA 673	0.11	0	0	iron-reducing bacterium enrichment culture clone HN-HFO106	FJ269105	95	Soil
IoNA 677	0.14	0	0	<i>Bacillus</i> sp. BFLP-1	FM162181	100	OE
IoNA 680	0.14	0.03	0	<i>Clostridium bartlettii</i>	AY438672	100	Human
IoNA 682	0.05	0	0	<i>Clostridium cellulosi</i>	FJ465164	100	Compost
IoNA 691	0.02	0	0	<i>Thermoactinomyces</i> bacterium JFMB-ATE	FN665656	97	OE
IoNA 695	0.02	0	0.08	uncultured bacterium	AB294747	99	ND
IoNA 699	0.05	0	0	<i>Paenibacillus</i> sp. R1-12-4	GU457786	97	Soil
IoNA 703	0.04	0	0	<i>Clostridium xylanovorans</i>	AF116920	98	ND
IoNA 706	0.05	0	0				
IoNA 712	0.02	0	0	<i>Staphylococcus pasteurii</i>	FJ380992	98	OE
IoNA 716	0.05	0.06	0	uncultured compost bacterium	DQ346512	100	Compost
IoNA 718	0.05	0	0.36	<i>Clostridium perfringens</i>	Y12669	100	ND
IoNA 729	0.02	0	0.08	<i>Laceyella sacchari</i>	AF138738	99	Dust
IoNA 730	0.04	0.06	0.08	<i>Thermoactinomyces vulgaris</i>	EU430570	100	OE
IoNA 737	0.07	0	0	uncultured bacterium	AY985390	100	Human
IoNA 739	0.21	0.46	0.22	<i>Thermoactinomyces intermedius</i> (T)	AF138734	100	Dust
IoNA 740	0.05	0	0	uncultured bacterium	DQ115998	100	OE
IoNA 751	0.07	0	0				
IoNA 755	0.07	0	0	uncultured compost bacterium	FN667384	96	Compost
IoNA 763	0.07	0	0	<i>Virgibacillus necropolis</i> (T)	AJ315056	99	OE
IoNA 765	0.14	0.06	0.03	uncultured <i>Planococcus</i> sp.	EU647524	100	OE
IoNA 768	0.12	0	0	<i>Exiguobacterium</i> sp. MY02	DQ083948	100	ND
IoNA 770	0.04	0	0	uncultured bacterium	GU325827	98	Waste
IoNA 789	0.07	0	0.22	uncultured bacterium	AJ409004	100	Human
IoNA 794	0.05	0	0	uncultured bacterium	AM697462	99	Dust
IoNA 797	0.04	0	0				
IoNA 803	0.20	0	0	<i>Bacillus smithii</i>	AY373319	100	OE
IoNA 808	0.04	0	0	uncultured <i>Lachnospiraceae</i> bacterium	FJ542860	99	OE
IoNA 809	0.04	0	0	uncultured bacterium	FJ681821	98	OE
IoNA 811	0.05	0	0	uncultured bacterium	AM500742	97	Compost
IoNA 812	0.05	0	0	<i>Paenibacillus</i> sp. YT0147	AB376084	99	ND
IoNA 814	0.20	0.22	0.11	uncultured bacterium	DQ129463	100	Air
IoNA 826	0.12	0.22	0.39	uncultured bacterium	DQ113711	100	OE
IoNA 833	0.09	0	0	<i>Pullulanibacillus naganensis</i> (T)	AB021193	97	ND
IoNA 835	0.04	0	0	uncultured bacterium	DQ125580	96	Soil
IoNA 837	0.05	0	0	uncultured bacterium	EU775287	99	OE
IoNA 841	0.04	0	0	<i>Bacillus</i> sp. 2-9-3	AF166093	98	OE
IoNA 847	0.07	0	0	uncultured bacterium	DQ014744	100	OE
IoNA 850	0.02	0	0				
IoNA 858	0.23	0	0.06	<i>Bacillus pumilus</i>	HQ164543	100	ND
IoNA 863	0.02	0	0	<i>Bacillus</i> sp. RM6	EF675627	100	OE
IoNA 870	0.02	0	0	uncultured <i>Bacillales</i> bacterium	DQ230963	98	water
IoNA 873	0.02	0	0	uncultured <i>Firmicutes</i> bacterium	HM992487	100	Soil
IoNA 878	0.14	0	0.08	<i>Trichococcus pasteurii</i> (T)	X87150	100	ND
IoNA 889	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM247565	100	Skin
IoNA 901	0.09	0	0.08	uncultured bacterium	GQ095428	100	Skin
IoNA 914	0.04	0	0.20	uncultured bacterium	AY212748	100	OE
IoNA 915	0.14	0.06	0	uncultured bacterium	HM366465	100	Air

IoNA 921	0.02	0	0	<i>Clostridium termitidis</i>	FR733680	100	ND
IoNA 924	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM366470	99	Air
IoNA 927	0.02	0.03	0	<i>Bacillus sp. Everest-gws-30</i>	EU584514	100	Water
IoNA 939	0.12	0	0	<i>Clostridium xylanovorans</i>	AF116920	99	ND
IoNA 944	0.02	0	0	<i>bacterium ID4389</i>	EU660424	100	OE
IoNA 954	0.05	0	0	<i>uncultured Paenibacillus sp.</i>	HQ183750	100	Sediment
IoNA 955	0.04	0.03	0.08	<i>Bacillus sp. KSM-S237</i>	AB035091	100	ND
IoNA 958	0.02	0	0	<i>Planifilum fimeticola (T)</i>	AB088364	99	Compost
IoNA 961	0.04	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY974991	100	Human
IoNA 962	0.02	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	GQ000338	100	Skin
IoNA 964	0.09	0	0	<i>Paenibacillus pocheonensis</i>	AB245386	100	Soil
IoNA 966	0.23	0.18	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129471	100	Air
IoNA 970	0.05	0	0.03	<i>Leuconostoc gelidum (T)</i>	AF175402	99	OE
IoNA 975	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM930310	100	Compost
IoNA 976	0.04	0	0	<i>Cohnella sp. M36(2010)</i>	HM624040	100	OE
IoNA 986	0.02	0	0.17	<i>uncultured bacterium</i>	FJ679601	99	OE
IoNA 996	0.05	0.09	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	JF124206	100	Skin
IoNA 1000	0.05	0.09	0.06	<i>Bacillus sp. IDA3504</i>	AJ544784	100	Soil
IoNA 1001	0.05	0	0	<i>Alloiococcus otitis (T)</i>	X59765 S83561	100	Human
IoNA 1008	0.02	0	0	<i>Clostridium aff. innocuum CM970</i>	AF028352	100	OE
IoNA 1015	0.02	0	0				
IoNA 1019	0.04	0	0	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667232	97	Compost
IoNA 1021	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF063632	100	OE
IoNA 1025	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU510568	100	OE
IoNA 1027	0.05	0	0	<i>Alicyclobacillus pohliae</i>	AJ607431	99	Soil
IoNA 1031	0.04	0	0				
IoNA 1032	0.07	0	0.03	<i>marine bacterium P_wp0225</i>	AY188939	100	Sediment
IoNA 1033	0.07	0	0	<i>Bacillus asahii (T)</i>	AB109209	100	Soil
IoNA 1037	0.04	0	0.03	<i>Lactobacillus algidus (T)</i>	AB033209	99	ND
IoNA 1041	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ125717	100	Soil
IoNA 1042	0.02	0	0	<i>Virgibacillus sp. ZLC-17</i>	EU417652	98	Soil
IoNA 1044	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129555	99	Air
IoNA 1045	0.04	0.43	0.17	<i>Thermoactinomyces intermedius (T)</i>	AF138734	98	Dust
IoNA 1049	0.02	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	FM872937	100	Dust
IoNA 1066	0.04	0	0	<i>Brochothrix thermosphacta (T)</i>	AY543023	100	ND
IoNA 1069	0.04	0.22	0.06	<i>Enterococcus cecorum (T)</i>	AF061009	100	ND
IoNA 1071	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129461	96	Air
IoNA 1072	0.11	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ363674	100	Human
IoNA 1079	0.11	0	0.17	<i>uncultured bacterium</i>	GQ029056	100	Skin
IoNA 1080	0.04	0	0	<i>uncultured compost bacterium</i>	FN667232	97	Compost
IoNA 1095	0.11	0.09	0.11	<i>Thermoactinomyces intermedius (T)</i>	AF138734	100	Dust
IoNA 1098	0.05	0	0.11	<i>Streptococcus sp. oral clone AA007</i>	AY005046	99	Human
IoNA 1114	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM262006	100	Skin
IoNA 1126	0.04	0	0				
IoNA 1127	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY959069	100	Human
IoNA 1128	0.02	0	0.03	<i>Sarcina maxima (T)</i>	X76650	100	ND
IoNA 1129	0.04	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	DQ129330	100	Air
IoNA 1132	0.02	0	0				
IoNA 1133	0.02	0.18	0.11	<i>Paenibacillus sp. PA231</i>	AM900793	100	Dust
IoNA 1135	0.05	0	0.50	<i>Staphylococcaceae bacterium NML 92-0017</i>	AY841362	100	Human
IoNA 1146	0.04	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	FJ679210	100	OE
IoNA 1147	0.09	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM036055	97	Compost
IoNA 1148	0.18	0	0	<i>Geobacillus stearothermophilus (T)</i>	AB021196	100	ND
IoNA 1150	0.05	0	0	<i>uncultured Firmicutes bacterium</i>	HM041941	97	OE
IoNA 1159	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FN436039	100	Waste
IoNA 1161	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY916350	100	Human
IoNA 1162	0.04	0.18	0.17	<i>bacterium str. 61610</i>	AF227839	100	OE
IoNA 1164	0.02	0	0	<i>uncultured Clostridiales bacterium</i>	EU266838	95	Sediment
IoNA 1168	0.02	0	0	<i>uncultured Clostridiaceae bacterium</i>	AB218339	98	OE
IoNA 1176	0.02	0	0.06	<i>Anaerococcus vaginalis (T)</i>	AF542229	100	OE
IoNA 1177	0.20	0	0.17	<i>Granulicatella adiacens</i>	AY879299	100	ND
IoNA 1186	0.04	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HQ716344	100	OE
IoNA 1189	0.02	0	0				
IoNA 1198	0.02	0	0	<i>Halobacillus alkaliphilus (T)</i>	AM295006	100	Soil
IoNA 1205	0.05	0	0	<i>eubacterium sp. 23-2</i>	EU571186	98	Soil
IoNA 1213	0.02	0	0	<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	EU302606	99	OE
IoNA 1218	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF025265	100	OE
IoNA 1221	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ951841	100	OE
IoNA 1223	0.02	0	0	<i>psychrophilic marine bacterium PS35</i>	AF200217	99	OE
IoNA 1227	0.02	0	0	<i>Paenibacillus sp. enrichment culture clone 9</i>	FJ930068	100	OE
IoNA 1228	0.07	0	0.08	<i>uncultured bacterium</i>	GQ263157	100	Waste
IoNA 1230	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FN687457	100	Water
IoNA 1231	0.04	0	0	<i>Paenibacillus sp. CL2.92</i>	FM992537	99	ND
IoNA 1237	0.02	0	0.06	<i>uncultured Firmicutes bacterium</i>	EF071399	100	Human
IoNA 1240	0.02	0.06	0	<i>Weissella hellenica (T)</i>	S67831	100	OE
IoNA 1241	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM036055	96	Compost
IoNA 1249	0.02	0	0	<i>Bulleidia moorei</i>	AY044915	100	ND
IoNA 1252	0.04	0	0	<i>Salinicoccus roseus (T)</i>	X94559	100	ND
IoNA 1253	0.02	0.15	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	AM697346	100	Dust
IoNA 1256	0.02	0.09	0.11	<i>Streptococcus salivarius subsp. salivarius</i>	AM157419	100	Human
IoNA 1258	0.07	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	AM500729	100	Compost

IoNA 1275	0.02	0.18	0.06	uncultured bacterium	DQ794277	100	Human
IoNA 1281	0.02	0	0	uncultured <i>Brevibacillus</i> sp.	AF408264	98	Clean Room
IoNA 1282	0.02	0	0.17	<i>Clostridium</i> sp. TO-931	AF262237	100	Human
IoNA 1283	0.02	0	0	uncultured <i>Thermoactinomyces</i> sp.	HM021263	98	Soil
IoNA 1284	0.02	0	0	uncultured bacterium	AB606370	100	OE
IoNA 1285	0.04	0	0	uncultured bacterium	HM336830	95	Skin
IoNA 1293	0.05	0	0.03	uncultured bacterium	HM366469	99	Air
IoNA 1298	0.05	0	0	uncultured bacterium	EF404844	100	Human
IoNA 1309	0.02	0	0.03	uncultured bacterium	GQ068237	100	Skin
IoNA 1313	0.04	0.09	0	uncultured compost bacterium	FN667382	96	Compost
IoNA 1314	0.05	0.12	0	uncultured bacterium	DQ125520	100	Soil
IoNA 1329	0.05	0.09	0	uncultured bacterium	AM500742	99	Compost
IoNA 1332	0.02	0	0	<i>Streptococcus minor</i> (T)	AY232832	100	OE
IoNA 1333	0.02	0	0	uncultured compost bacterium	FN667099	100	Compost
IoNA 1344	0.05	0.12	0				
IoNA 1350	0.02	0	0	uncultured bacterium	EU358714	97	Waste
IoNA 1355	0.02	0	0	uncultured bacterium	AY976073	98	Human
IoNA 1357	0.02	0	0	<i>Virgibacillus</i> sp. ZLC-17	EU417652	98	Soil
IoNA 1358	0.04	0.09	0.14	<i>Lactobacillus</i> sp. DJF_B156	EU728716	99	OE
IoNA 1367	0.02	0	0	<i>Clostridium algidicarnis</i> (T)	AF127023	100	OE
IoNA 1369	0.04	0	0	uncultured bacterium	FJ672814	100	OE
IoNA 1372	0.02	0	0	uncultured bacterium	AY976205	100	Human
IoNA 1379	0.02	0.09	0	uncultured bacterium	EU460448	100	OE
IoNA 1391	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM319037	99	Skin
IoNA 1394	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM274240	100	Skin
IoNA 1399	0.02	0	0	uncultured bacterium	EF402554	100	Human
IoNA 1411	0.02	0	0	uncultured bacterium	DQ794949	100	Human
IoNA 1412	0.02	0	0	<i>Streptococcus hyointestinalis</i>	EU728763	100	OE
IoNA 1413	0.02	0	0	uncultured bacterium	DQ456082	100	OE
IoNA 1417	0.04	0	0	<i>Bacillus</i> sp. 2BSG-PYD-5	AB533778	100	Soil
IoNA 1419	0.02	0.03	0	<i>Thermoactinomyces intermedius</i> (T)	AF138734	97	Dust
IoNA 1422	0.02	0	0	uncultured <i>Clostridiales</i> bacterium	GU214175	97	OE
IoNA 1424	0.02	0	0.11	uncultured bacterium	AY984158	100	Human
IoNA 1429	0.04	0.18	0.14	<i>Bacillus</i> sp. TUT1008	AB098577	100	Compost
IoNA 1441	0.02	0	0				
IoNA 1450	0.02	0	0	<i>Clostridium butyricum</i>	X68177	100	ND
IoNA 1453	0.04	0.03	0	uncultured bacterium	DQ129414	100	Air
IoNA 1454	0.07	0.03	0	uncultured bacterium	JF737874	100	OE
IoNA 1456	0.02	0	0	uncultured <i>Paenibacillus</i> sp.	FJ193884	99	Clean Room
IoNA 1458	0.05	0	0	<i>Thermoactinomycetaceae</i> bacterium JFMB-ATE	FN665656	97	OE
IoNA 1459	0.05	0	0	uncultured bacterium	DQ125580	96	Soil
IoNA 1461	0.02	0.06	0.53	<i>Streptococcus gallolyticus</i> (T)	Z94012	100	Waste
IoNA 1465	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM278344	99	Skin
IoNA 1488	0.04	0	0	uncultured bacterium	DQ796002	100	Human
IoNA 1491	0.02	0	0	uncultured bacterium	FM873282	100	Dust
IoNA 1496	0.02	0	0	<i>Desulfotomaculum acetoxidans</i> DSM 771	CP001720	96	ND
IoNA 1500	0.02	0	0				
IoNA 1501	0.02	0	0				
IoNA 1507	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF231325	99	Skin
IoNA 1508	0.02	0	0	uncultured bacterium	AB294296	98	Water
IoNA 1521	0.02	0.18	0.20	uncultured bacterium	AY975981	100	Human
IoNA 1522	0.02	0	0	<i>Desulfotomaculum acetoxidans</i> DSM 771	CP001720	95	ND
IoNA 1529	0.02	0	0.84	uncultured bacterium	AY212768	100	OE
IoNA 1540	0.02	0	0	uncultured bacterium	AB294747	99	ND
IoNA 1544	0.02	0	0	uncultured bacterium	EF558965	98	Waste
IoNA 1553	0.02	0.09	0.11	uncultured <i>Peptoniphilus</i> sp.	DQ130026	100	Skin
IoNA 1562	0.02	0	0	<i>Bacillus</i> sp. BH164	AY762977	96	ND
IoNA 1563	0.02	0	0	<i>Staphylococcus</i> sp. A1(2011)	HQ323413	98	Air
IoNA 1567	0.04	0	0	<i>Bacillus</i> sp. OU-A3	FN663625	100	Water
IoNA 1568	0.02	0	0	uncultured <i>Lachnospiraceae</i> bacterium	FJ542860	99	OE
IoNA 1580	0.02	0	0	<i>Peptoniphilus</i> sp. 2002-38328	AY244778	100	Human
IoNA 1582	0.02	0	0.03	uncultured bacterium	HM309706	100	Skin
IoNA 1593	0	0.06	0	uncultured bacterium	EU462837	96	OE
IoNA 1597	0	0.03	0				
IoNA 1610	0	0.22	0.03	<i>Lactobacillus salivarius</i>	EU559600	100	Human
IoNA 1613	0	0.12	0				
IoNA 1621	0	0.03	0				
IoNA 1627	0	0.06	0				
IoNA 1641	0	0.12	0	<i>Brevibacillus levickii</i>	AJ715380	96	ND
IoNA 1650	0	0.06	0.25	uncultured bacterium	EU462837	100	OE
IoNA 1654	0	0.03	0.03	<i>Bacillales</i> bacterium NR102	DQ520807	99	Soil
IoNA 1655	0	0.06	0				
IoNA 1658	0	0.06	0	<i>Geobacillus caldoxylosilyticus</i>	AY608949	100	ND
IoNA 1661	0	0.18	0	<i>Lactobacillus paracollinoides</i>	AB473623	96	OE
IoNA 1663	0	0.03	0				
IoNA 1674	0	0.06	0	<i>Paenibacillus</i> sp. HDDMM03	EU723825	98	Water
IoNA 1683	0	0.22	0				
IoNA 1686	0	0.03	0	uncultured bacterium	DQ342336	100	OE
IoNA 1692	0	0.09	0	<i>Virgibacillus necropolis</i> (T)	AJ315056	100	OE
IoNA 1694	0	0.06	0.03	<i>Thermoactinomyces intermedius</i> (T)	AF138734	99	Dust
IoNA 1699	0	0.43	0	<i>Bacillus</i> sp. TS-3	AB063312	100	ND

IoNA 1734	0	0.03	0	uncultured bacterium	FJ439822	99	Waste
IoNA 1753	0	0.80	0.06	<i>Paenibacillus</i> sp. HDDMM03	EU723825	100	Water
IoNA 1757	0	0.12	0.17	<i>Eubacterium tenue</i>	DQ445863	99	ND
IoNA 1761	0	0.15	0	uncultured bacterium	HM036047	98	Compost
IoNA 1800	0	0.12	0	uncultured bacterium	DQ125579	98	Soil
IoNA 1803	0	0.22	0	uncultured bacterium	FJ439822	99	Waste
IoNA 1804	0	0.03	0	<i>Lactobacillus jensenii</i>	AF243153	100	Human
IoNA 1815	0	0.03	0				
IoNA 1816	0	0.03	0.11	uncultured <i>Peptostreptococcus</i> sp.	AF408269	99	Clean Room
IoNA 1832	0	0.03	0	<i>Bacillus</i> sp. m2(2006)	DQ453811	99	Soil
IoNA 1833	0	0.06	0	<i>Brevibacillus</i> sp. WF146	AY950801	98	ND
IoNA 1844	0	0.18	0	uncultured compost bacterium	FN667152	97	Compost
IoNA 1847	0	0.09	0	uncultured bacterium	DQ129405	100	Air
IoNA 1848	0	0.06	0	<i>Planifilum yunnanense</i> (T)	DQ119659	99	OE
IoNA 1853	0	0.06	0				
IoNA 1861	0	0.03	0				
IoNA 1865	0	0.12	0				
IoNA 1871	0	0.12	0	uncultured compost bacterium	FN667137	99	Compost
IoNA 1877	0	0.15	0	uncultured bacterium	AB487055	100	Soil
IoNA 1882	0	0.06	0				
IoNA 1889	0	0.12	0				
IoNA 1897	0	0.12	0	<i>Clostridium glycolicum</i>	FJ966228	98	OE
IoNA 1902	0	0.06	0	uncultured bacterium	AY559417	100	Water
IoNA 1914	0	0.09	0				
IoNA 1915	0	0.03	0				
IoNA 1917	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF417809	96	OE
IoNA 1923	0	0.06	0	uncultured bacterium	DQ795582	98	Human
IoNA 1926	0	0.03	0	<i>Lactobacillus paracollinoides</i>	AB473623	96	OE
IoNA 1927	0	0.12	0				
IoNA 1936	0	0.03	0	uncultured compost bacterium	FN667152	97	Compost
IoNA 1943	0	0.06	0.03				
IoNA 1952	0	0.03	0.06	uncultured bacterium	GQ035600	99	Skin
IoNA 1953	0	0.12	0	<i>Lactobacillus delbrueckii</i> subsp. <i>delbrueckii</i>	AY050172	100	ND
IoNA 1958	0	0.03	0	uncultured compost bacterium	FN667152	96	Compost
IoNA 1959	0	0.03	0	uncultured bacterium	EU735704	100	Soil
IoNA 1977	0	0.12	0	uncultured bacterium	EU462837	100	OE
IoNA 1989	0	0.03	0				
IoNA 2012	0	0.03	0	<i>Peptoniphilus</i> sp. WAL 1998L	EU526290	100	ND
IoNA 2013	0	0.03	0	uncultured compost bacterium	FN667152	98	Compost
IoNA 2025	0	0.06	0	uncultured <i>Staphylococcus</i> sp.	HQ616324	100	Skin
IoNA 2027	0	0.03	0				
IoNA 2034	0	0.03	0				
IoNA 2053	0	0.06	0				
IoNA 2055	0	0.06	0.03	<i>Granulicatella elegans</i> (T)	AF016390	100	OE
IoNA 2056	0	0.03	0				
IoNA 2064	0	0.12	0	uncultured bacterium	FJ375915	99	OE
IoNA 2067	0	0.09	0.17	uncultured compost bacterium	FN667445	100	Compost
IoNA 2076	0	0.03	0.03	<i>Staphylococcus pseudintermedius</i>	GU057859	100	ND
IoNA 2084	0	0.03	0				
IoNA 2088	0	0.03	0				
IoNA 2094	0	0.03	0	uncultured bacterium	AF371694	100	OE
IoNA 2098	0	0.03	0				
IoNA 2103	0	0.03	0	uncultured bacterium	AB506199	100	OE
IoNA 2108	0	0.03	0	<i>Lactobacillus avarius</i>	AB175727	100	OE
IoNA 2112	0	0.03	0	<i>Brevibacillus</i> sp. WF146	AY950801	98	ND
IoNA 2114	0	0.03	0	uncultured <i>Lactobacillus</i> sp.	HM046568	100	ND
IoNA 2120	0	0.03	0	<i>Thermoactinomyces vulgaris</i>	EU430570	99	OE
IoNA 2130	0	0.03	0				
IoNA 2131	0	0.03	0	uncultured bacterium	GU455256	97	OE
IoNA 2133	0	0.03	0	uncultured compost bacterium	FN667152	98	Compost
IoNA 2134	0	0.03	0	<i>Clostridium</i> sp. SW001	HM755724	95	Soil
IoNA 2143	0	0.03	0	uncultured bacterium	FJ681800	99	OE
IoNA 2151	0	0.03	0.06	<i>Lactobacillus jensenii</i>	AF243153	100	Human
IoNA 2153	0	0.03	0	uncultured bacterium	GQ897216	100	Human
IoNA 2154	0	0.03	0				
IoNA 2155	0	0.03	0	<i>Virgibacillus</i> sp. IDS-20	GU586225	96	OE
IoNA 2158	0	0.03	0				
IoNA 2163	0	0.03	0	uncultured compost bacterium	FN667152	98	Compost
IoNA 2164	0	0.03	0				
IoNA 2176	0	0.03	0				
IoNA 2179	0	0.03	0	<i>Saccharibacillus kuerlensis</i> (T)	EU046270	98	Soil
IoNA 2182	0	0.03	0				
IoNA 2188	0	0.03	0.08	uncultured <i>Jeotgalibacillus</i> sp.	DQ069205	99	OE
IoNA 2190	0	0.03	0				
IoNA 2227	0	0	0.22	uncultured bacterium	FJ510884	100	OE
IoNA 2229	0	0	0.06	<i>Lactobacillus fermentum</i>	AY373589	100	Waste
IoNA 2231	0	0	0.06	<i>Clostridium</i> sp. DC1	AB122146	99	Sediment
IoNA 2233	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU462889	100	OE
IoNA 2236	0	0	0.22	<i>Ruminococcus obeum</i>	X85101	100	ND
IoNA 2267	0	0	0.17	uncultured bacterium	AY916175	100	Human
IoNA 2273	0	0	0.14	uncultured bacterium	HM248784	100	Skin

IoNA 2274	0	0	0.06	uncultured bacterium	EF402079	99	Human
IoNA 2279	0	0	0.08	uncultured bacterium	HQ716337	98	OE
IoNA 2280	0	0	0.11	<i>Enterococcus durans</i> (T)	AJ276354	100	ND
IoNA 2291	0	0	0.06	<i>Fingoldia magna</i>	AY169425	100	ND
IoNA 2294	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ905456	98	Human
IoNA 2296	0	0	0.03	<i>Lactobacillus</i> sp. DJF_B156	EU728716	100	OE
IoNA 2297	0	0	0.22	butyrate-producing bacterium A2-231	AJ270484	100	OE
IoNA 2304	0	0	0.08	uncultured bacterium	GQ010205	100	Skin
IoNA 2305	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ897257	100	Human
IoNA 2312	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU465537	100	OE
IoNA 2318	0	0	0.03	uncultured bacterium	HQ716337	94	OE
IoNA 2323	0	0	0.06	<i>Bacillus cecembensis</i> (T)	AM773821	100	Soil
IoNA 2326	0	0	0.20	uncultured bacterium	FM873800	100	Dust
IoNA 2329	0	0	0.14	uncultured bacterium	EF402032	100	Human
IoNA 2330	0	0	0.08	uncultured bacterium	AF371546	100	OE
IoNA 2341	0	0	0.08	uncultured bacterium	FJ366284	100	Human
IoNA 2342	0	0	0.28	uncultured bacterium	GU907814	99	Waste
IoNA 2344	0	0	0.25	<i>Streptococcus anginosus</i>	AY691536	100	Human
IoNA 2345	0	0	0.03	uncultured bacterium	AY959012	100	Human
IoNA 2347	0	0	0.11	uncultured bacterium	FJ375927	99	OE
IoNA 2349	0	0	0.11	uncultured bacterium	GQ451222	99	OE
IoNA 2361	0	0	0.14	uncultured bacterium	DQ799147	100	Human
IoNA 2363	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF398900	98	Human
IoNA 2370	0	0	0.08	<i>Aerosphaera taetra</i>	AJ279038	99	OE
IoNA 2372	0	0	0.11	<i>Bacillus</i> sp. oral taxon F26	HM099642	96	OE
IoNA 2374	0	0	0.08	<i>Clostridium scindens</i>	AF262238	99	Human
IoNA 2377	0	0	0.08	uncultured bacterium	HQ716083	100	OE
IoNA 2379	0	0	0.22	<i>Lactobacillus sakei</i>	AB124845	100	Human
IoNA 2386	0	0	0.03	<i>Streptococcus mutans</i>	DQ677768	100	Human
IoNA 2390	0	0	0.20	uncultured bacterium	EF398933	100	Human
IoNA 2391	0	0	0.14	uncultured bacterium	DQ803570	100	Human
IoNA 2404	0	0	0.06	uncultured bacterium	EF405506	100	Human
IoNA 2405	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ801769	99	Human
IoNA 2410	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF399571	100	Human
IoNA 2435	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF604162	97	OE
IoNA 2439	0	0	0.03	<i>Bacillus gibsonii</i>	AY737309	100	OE
IoNA 2450	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ375927	97	OE
IoNA 2453	0	0	0.08	uncultured bacterium	GQ076854	98	Skin
IoNA 2454	0	0	0.03	butyrate-producing bacterium A2-231	AJ270484	98	OE
IoNA 2466	0	0	0.06	uncultured bacterium	JF417907	100	OE
IoNA 2470	0	0	0.06	uncultured Mollicutes bacterium	FJ440028	100	OE
IoNA 2482	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ156717	100	Human
IoNA 2486	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ375927	98	OE
IoNA 2490	0	0	0.03	<i>Oscillospira</i> sp. bacterium NML 061048	EU149939	98	Human
IoNA 2494	0	0	0.06	<i>Clostridium</i> sp. cTPY-17	AY239462	100	OE
IoNA 2496	0	0	0.03	<i>Bacillus licheniformis</i>	HM055606	97	OE
IoNA 2501	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ672416	98	OE
IoNA 2513	0	0	0.08	uncultured bacterium	AF371571	100	OE
IoNA 2515	0	0	0.22	uncultured bacterium	AB559710	100	OE
IoNA 2516	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ905538	98	Human
IoNA 2517	0	0	0.03	<i>Trichococcus flocculiformis</i>	EU434533	100	OE
IoNA 2522	0	0	0.08	uncultured bacterium	FJ978624	100	OE
IoNA 2534	0	0	0.03	<i>Weissella viridescens</i>	M23040	100	ND
IoNA 2541	0	0	0.11	uncultured bacterium	DQ794511	99	Human
IoNA 2543	0	0	0.08	<i>Alkalibacterium olivapovliticus</i>	AB294175	100	ND
IoNA 2552	0	0	0.25	uncultured bacterium	GQ897631	100	Human
IoNA 2555	0	0	0.03	<i>Clostridium hiranonis</i>	AB023971	98	Human
IoNA 2560	0	0	0.06	uncultured rumen bacterium	AB269967	99	OE
IoNA 2567	0	0	0.06				
IoNA 2570	0	0	0.08	uncultured bacterium	HM278163	100	Skin
IoNA 2572	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ936735	98	OE
IoNA 2576	0	0	0.03	uncultured bacterium	AF371769	100	OE
IoNA 2577	0	0	0.11	<i>Thermoactinomyces vulgaris</i>	EU430570	100	OE
IoNA 2581	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU358729	95	Waste
IoNA 2582	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ897631	99	Human
IoNA 2591	0	0	0.06	uncultured bacterium	AB533968	99	Soil
IoNA 2592	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF404241	97	Human
IoNA 2606	0	0	0.03				
IoNA 2610	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU462827	98	OE
IoNA 2614	0	0	0.11	uncultured bacterium	DQ326589	100	Human
IoNA 2616	0	0	0.06	uncultured rumen bacterium	AB270048	98	OE
IoNA 2618	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ057390	100	OE
IoNA 2620	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU461046	100	OE
IoNA 2624	0	0	0.08	uncultured bacterium	AB559612	100	OE
IoNA 2626	0	0	0.11	uncultured bacterium	DQ904955	100	Human
IoNA 2632	0	0	0.11	uncultured bacterium	GQ487930	100	Soil
IoNA 2641	0	0	0.17	<i>Clostridium methoxybenzovorans</i>	AF067965	99	ND
IoNA 2642	0	0	0.03	uncultured bacterium	AJ408989	100	Human
IoNA 2652	0	0	0.03	uncultured bacterium	AF371933	100	OE
IoNA 2658	0	0	0.08	uncultured bacterium	FM872818	97	Dust
IoNA 2661	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM874202	98	Dust

IoNA 2663	0	0	0.06				
IoNA 2664	0	0	0.14	uncultured bacterium	DQ793462	100	Human
IoNA 2666	0	0	0.03				
IoNA 2673	0	0	0.06	uncultured <i>Bulleidia</i> sp.	AM420006	100	Human
IoNA 2676	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU467717	100	OE
IoNA 2692	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU843860	95	OE
IoNA 2693	0	0	0.08	uncultured bacterium	FJ681821	98	OE
IoNA 2699	0	0	0.06	uncultured bacterium	EF401826	100	Human
IoNA 2700	0	0	0.06	uncultured bacterium	EF403475	100	Human
IoNA 2703	0	0	0.11	uncultured bacterium	DQ798932	100	Human
IoNA 2704	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ905333	100	Human
IoNA 2705	0	0	0.06	uncultured <i>Clostridiales</i> bacterium	DQ069222	95	OE
IoNA 2707	0	0	0.17	uncultured bacterium	DQ905713	100	Human
IoNA 2713	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ672281	98	OE
IoNA 2730	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ796222	100	Human
IoNA 2738	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ905456	98	Human
IoNA 2742	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ371765	99	Human
IoNA 2746	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM872860	100	Dust
IoNA 2747	0	0	0.03	<i>Thermoactinomyces intermedius</i> (T)	AF138734	99	Dust
IoNA 2755	0	0	0.06	<i>Peptoniphilus lacrimalis</i> (T)	AF542230	100	OE
IoNA 2761	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF399571	97	Human
IoNA 2765	0	0	0.03	uncultured <i>Firmicutes</i> bacterium	FR749723	97	Soil
IoNA 2770	0	0	0.03	<i>Megamonas hypermegale</i> (T)	AJ420107	100	ND
IoNA 2784	0	0	0.03	uncultured bacterium	AY978420	100	Human
IoNA 2791	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU137382	99	ND
IoNA 2794	0	0	0.03	<i>Streptococcus</i> sp. oral clone BE024	AF385550	100	Human
IoNA 2804	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF403594	96	Human
IoNA 2813	0	0	0.11	uncultured bacterium	EU475575	99	OE
IoNA 2819	0	0	0.08	uncultured bacterium	DQ905776	100	Human
IoNA 2822	0	0	0.03	<i>Clostridium</i> sp. enrichment culture clone VanCtr99	HQ222294	100	OE
IoNA 2835	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ448677	98	OE
IoNA 2837	0	0	0.06	uncultured bacterium	DQ413080	100	OE
IoNA 2838	0	0	0.03	<i>Marinococcus</i> sp. GSP31	AY505530	100	OE
IoNA 2844	0	0	0.03	<i>Bacillus</i> sp. JL-26	AY745824	98	Water
IoNA 2845	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF405506	99	Human
IoNA 2846	0	0	0.03				
IoNA 2847	0	0	0.03				
IoNA 2850	0	0	0.03	uncultured <i>Staphylococcus</i> sp.	FJ957599	97	Clean Room
IoNA 2851	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ799147	99	Human
IoNA 2857	0	0	0.06	uncultured bacterium	EF655638	100	Water
IoNA 2860	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM873800	100	Dust
IoNA 2869	0	0	0.06	uncultured bacterium	GQ871721	99	OE
IoNA 2873	0	0	0.03	uncultured bacterium	AB506297	100	OE
IoNA 2879	0	0	0.03	uncultured bacterium	EU844501	98	OE
IoNA 2896	0	0	0.06	uncultured bacterium	EF400750	100	Human
IoNA 2907	0	0	0.03	uncultured bacterium	AY916157	100	Human
IoNA 2910	0	0	0.03	uncultured bacterium	AF371945	100	OE
IoNA 2921	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ458233	98	OE
IoNA 2923	0	0	0.03	uncultured bacterium	FJ880217	98	OE
IoNA 2930	0	0	0.06	<i>Clostridium</i> sp. DC1	AB122146	99	Sediment
IoNA 2936	0	0	0.03	<i>Parvimonas micra</i> (T)	AY323523	100	Human
IoNA 2939	0	0	0.03	uncultured bacterium	AF371841	100	OE
IoNA 2950	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF399571	98	Human
IoNA 2964	0	0	0.03	<i>Tetragenococcus halophilus</i>	AJ301843	99	ND
IoNA 2966	0	0	0.03	uncultured bacterium	AJ409004	100	Human
<i>Fusobacteria</i> : 11 phylotypes, 32 sequences							
IoNA 649	0.04	0	0	uncultured bacterium	HM255451	99	Skin
IoNA 1206	0.02	0	0.06	<i>Fusobacterium</i> sp. oral clone EU021	AF385575	96	Human
IoNA 1259	0.02	0	0	uncultured <i>Leptotrichia</i> sp.	AM420200	99	Human
IoNA 1732	0	0.12	0	uncultured bacterium	AY958914	99	Human
IoNA 2303	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF240757	98	Skin
IoNA 2314	0	0	0.17	<i>Fusobacteriaceae</i> bacterium DJF_B254	EU728722	98	OE
IoNA 2402	0	0	0.14	<i>Fusobacterium varium</i>	AB595132	98	ND
IoNA 2476	0	0	0.20	uncultured bacterium	JF130987	96	Skin
IoNA 2659	0	0	0.03	<i>Leptotrichia shahii</i> (T)	AY029806	99	ND
IoNA 2776	0	0	0.03	uncultured bacterium	JF229231	99	Skin
IoNA 2944	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM255451	99	Skin
<i>Gemmatimonadetes</i> : 31 phylotypes, 59 sequences							
IoNA 81	0.04	0	0.03	uncultured bacterium	AB240268	95	Soil
IoNA 96	0.02	0	0	uncultured <i>Gemmatimonadetes</i> bacterium	GQ406203	98	Sediment
IoNA 361	0.02	0	0	uncultured <i>Gemmatimonadetes</i> bacterium	GQ406203	98	Sediment
IoNA 368	0.04	0	0				
IoNA 391	0.09	0	0	uncultured bacterium	HM308066	100	Skin
IoNA 959	0.04	0	0	uncultured bacterium	JF168377	99	Skin
IoNA 1048	0.07	0	0	uncultured bacterium	JF240779	97	Skin
IoNA 1096	0.04	0	0	uncultured bacterium	AB240268	95	Soil
IoNA 1097	0.04	0	0	uncultured bacterium	JF240779	96	Skin
IoNA 1105	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF172278	98	Skin
IoNA 1115	0.04	0	0				
IoNA 1175	0.02	0.09	0.03	uncultured bacterium	GQ396950	98	Soil
IoNA 1214	0.05	0	0	uncultured bacterium	JF172278	98	Skin

IoNA 1301	0.02	0	0					
IoNA 1317	0.02	0	0	uncultured bacterium	FM873495	95	Dust	
IoNA 1339	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF168377	99	Skin	
IoNA 1549	0.04	0	0	uncultured soil bacterium	EU861953	100	OE	
IoNA 1589	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF172278	100	Skin	
IoNA 1649	0	0.06	0	uncultured bacterium	FJ230809	96	OE	
IoNA 1787	0	0.03	0					
IoNA 1930	0	0.03	0	uncultured Gemmatimonadetes bacterium	JF776949	98	Soil	
IoNA 1956	0	0.09	0	uncultured soil bacterium	EF540421	95	OE	
IoNA 2051	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF081966	99	ND	
IoNA 2109	0	0.03	0	uncultured bacterium	AY218695	98	Sediment	
IoNA 2162	0	0.03	0	uncultured Gemmatimonadetes bacterium	AY921799	100	Soil	
IoNA 2350	0	0	0.06					
IoNA 2600	0	0	0.08	uncultured bacterium	GQ500743	100	OE	
IoNA 2788	0	0	0.06	uncultured Gemmatimonas sp.	HM438472	97	Soil	
IoNA 2902	0	0	0.03	uncultured Gemmatimonadales bacterium	EU202844	100	Soil	
IoNA 2937	0	0	0.03	uncultured bacterium	AB240268	95	Soil	
IoNA 2971	0	0	0.03	uncultured bacterium	GQ396928	98	Soil	
<i>Nitrospira</i> : 4 phylotypes, 10 sequences								
IoNA 2464	0	0	0.08	uncultured bacterium	GQ246402	97	Water	
IoNA 2607	0	0	0.08	uncultured Nitrospiraceae bacterium	EU266788	100	Sediment	
IoNA 2630	0	0	0.06	uncultured bacterium	AY532586	97	Water	
IoNA 2710	0	0	0.06	uncultured bacterium	EU937837	99	OE	
<i>OP10</i> : 11 phylotypes, 18 sequences								
IoNA 371	0.04	0	0					
IoNA 488	0.02	0	0	uncultured candidate division OP10 bacterium	GU214136	96	OE	
IoNA 602	0.04	0.09	0	uncultured candidate division OP10 bacterium	EF683077	99	Air	
IoNA 1166	0.04	0	0					
IoNA 1261	0.05	0	0					
IoNA 1274	0.02	0	0					
IoNA 1519	0.02	0	0					
IoNA 1741	0	0.03	0	uncultured candidate division OP10 bacterium	EF683077	97	Air	
IoNA 2414	0	0	0.03					
IoNA 2808	0	0	0.03					
<i>OP11</i> : 1 phylotypes, 2 sequences								
IoNA 1090	0.04	0	0					
<i>Planctomycetes</i> : 9 phylotypes, 12 sequences								
IoNA 1215	0.04	0	0	uncultured bacterium	HM445416	96	OE	
IoNA 1353	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM332065	95	Skin	
IoNA 2473	0	0	0.06					
IoNA 2491	0	0	0.06	uncultured bacterium	FJ444691	98	OE	
IoNA 2762	0	0	0.03					
IoNA 2798	0	0	0.03					
IoNA 2817	0	0	0.03					
IoNA 2842	0	0	0.03	<i>Isosphaera</i> sp.	X81960	100	ND	
IoNA 2890	0	0	0.03	uncultured bacterium	EF580956	98	Water	
<i>Spirochaetes</i> : 2 phylotypes, 7 sequences								
IoNA 1596	0	0.12	0	uncultured bacterium	DQ017943	95	OE	
IoNA 1742	0	0.09	0					
<i>Tenericutes</i> : 8 phylotypes, 13 sequences								
IoNA 541	0.02	0	0					
IoNA 1840	0	0.03	0					
IoNA 1932	0	0.03	0					
IoNA 2111	0	0.06	0					
IoNA 2147	0	0.09	0	<i>Acholeplasma axanthum</i>	AJ311394	95	ND	
IoNA 2492	0	0	0.08	<i>Mycoplasma cynos</i>	AF538682	99	ND	
IoNA 2764	0	0	0.03					
IoNA 2797	0	0	0.03					
<i>TM7</i> : 13 phylotypes, 31 sequences								
IoNA 557	0.09	0	0	uncultured bacterium	JF222342	98	Skin	
IoNA 704	0.12	0	0					
IoNA 731	0.05	0	0	uncultured bacterium	AF513103	96	Waste	
IoNA 1262	0.02	0	0	uncultured bacterium	JF222342	96	Skin	
IoNA 1821	0	0.09	0	uncultured bacterium	HQ682033	95	OE	
IoNA 2171	0	0.06	0	uncultured candidate division TM7 bacterium	DQ640706	98	Waste	
IoNA 2187	0	0.03	0	uncultured bacterium	JF222342	97	Skin	
IoNA 2278	0	0	0.08	uncultured bacterium	JF167719	96	Skin	
IoNA 2753	0	0	0.03	uncultured bacterium	DQ521559	97	Water	
IoNA 2814	0	0	0.03	uncultured bacterium	FM209162	99	Soil	
IoNA 2833	0	0	0.03	uncultured bacterium	HM267114	100	Skin	
IoNA 2862	0	0	0.06	uncultured bacterium	AF513103	98	Waste	
IoNA 2865	0	0	0.03	uncultured candidate division TM7 bacterium	HQ595207	96	OE	
Unclassified phylotypes: 96 phylotypes, 172 sequences								
IoNA 157	0.02	0	0					
IoNA 235	0.02	0	0	uncultured bacterium	HM270655	100	Skin	
IoNA 343	0.05	0	0	uncultured bacterium	EU289488	98	OE	
IoNA 585	0.04	0	0					
IoNA 753	0.02	0	0					
IoNA 785	0.02	0	0					

IoNA 791	0.02	0	0				
IoNA 824	0.02	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	AY212715	100	Water
IoNA 902	0.02	0	0				
IoNA 926	0.04	0	0	<i>uncultured endolithic bacterium</i>	AB374381	95	Water
IoNA 933	0.04	0	0				
IoNA 967	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ543005	98	OE
IoNA 992	0.02	0	0				
IoNA 1102	0.04	0	0				
IoNA 1121	0.02	0	0				
IoNA 1131	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU335414	99	Soil
IoNA 1155	0.02	0	0				
IoNA 1173	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ152741	96	Soil
IoNA 1200	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU335161	98	Soil
IoNA 1257	0.02	0	0				
IoNA 1270	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU289488	99	OE
IoNA 1300	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ543005	99	OE
IoNA 1303	0.02	0	0				
IoNA 1311	0.02	0	0				
IoNA 1315	0.02	0.31	0.03				
IoNA 1345	0.02	0	0				
IoNA 1381	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU289488	99	OE
IoNA 1396	0.05	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF232332	100	Skin
IoNA 1405	0.02	0	0				
IoNA 1431	0.02	0.03	0				
IoNA 1463	0.02	0.06	0				
IoNA 1492	0.02	0.06	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	JF417817	98	OE
IoNA 1510	0.02	0	0				
IoNA 1523	0.02	0	0				
IoNA 1533	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EF020004	98	OE
IoNA 1536	0.02	0	0				
IoNA 1606	0	0.03	0				
IoNA 1636	0	0.15	0				
IoNA 1657	0	0.06	0				
IoNA 1681	0	0.03	0				
IoNA 1682	0	0.09	0				
IoNA 1695	0	0.09	0				
IoNA 1706	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF417817	96	OE
IoNA 1779	0	0.03	0				
IoNA 1795	0	0.09	0				
IoNA 1830	0	0.06	0				
IoNA 1838	0	0.03	0				
IoNA 1843	0	0.03	0				
IoNA 1846	0	0.09	0				
IoNA 1850	0	0.06	0				
IoNA 1860	0	0.15	0	<i>uncultured Carnobacterium sp.</i>	EU344940	100	OE
IoNA 1880	0	0.06	0				
IoNA 1900	0	0.12	0	<i>uncultured endolithic bacterium</i>	AB374381	97	Water
IoNA 1903	0	0.06	0				
IoNA 1911	0	0.03	0				
IoNA 1922	0	0.03	0				
IoNA 1941	0	0.09	0	<i>uncultured bacterium</i>	HM445530	98	OE
IoNA 1988	0	0.03	0				
IoNA 1991	0	0.03	0				
IoNA 1995	0	0.06	0				
IoNA 1997	0	0.03	0				
IoNA 2007	0	0.03	0				
IoNA 2022	0	0.03	0				
IoNA 2039	0	0.03	0				
IoNA 2052	0	0.06	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ712506	98	OE
IoNA 2057	0	0.06	0				
IoNA 2058	0	0.03	0	<i>uncultured endolithic bacterium</i>	AB374381	98	Water
IoNA 2059	0	0.03	0				
IoNA 2063	0	0.06	0				
IoNA 2083	0	0.03	0				
IoNA 2100	0	0.03	0				
IoNA 2101	0	0.03	0				
IoNA 2115	0	0.03	0				
IoNA 2122	0	0.03	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	EF019369	100	OE
IoNA 2135	0	0.03	0				
IoNA 2137	0	0.03	0				
IoNA 2145	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ712506	98	OE
IoNA 2173	0	0.03	0				
IoNA 2185	0	0.03	0				
IoNA 2193	0	0.03	0				
IoNA 2209	0	0	0.20	<i>uncultured bacterium</i>	HM269858	100	Skin
IoNA 2224	0	0	0.03	<i>uncultured cyanobacterium</i>	DQ847441	100	Skin
IoNA 2255	0	0	0.06				
IoNA 2332	0	0	0.11	<i>uncultured bacterium</i>	JF189019	100	Skin
IoNA 2418	0	0	0.14				
IoNA 2637	0	0	0.03				
IoNA 2671	0	0	0.06	<i>uncultured bacterium</i>	HM269200	99	Skin

IoNA 2682	0	0	0.03	<i>uncultured Chloroflexi bacterium</i>	AY922073	100	Soil
IoNA 2786	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EU801574	98	Water
IoNA 2803	0	0	0.03				
IoNA 2806	0	0	0.03				
IoNA 2876	0	0	0.03				
IoNA 2881	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EF515885	96	Soil
IoNA 2895	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	HM269200	99	Skin
IoNA 2906	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	JF188934	100	Skin
IoNA 2927	0	0	0.03				
<i>Verrucomicrobia</i> : 17 phylotypes, 39 sequences							
IoNA 458	0.02	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	JF134590	100	Skin
IoNA 666	0.04	0	0	<i>uncultured bacterium</i>	EU470376	100	OE
IoNA 912	0.02	0	0				
IoNA 1594	0	0.12	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ478883	96	Soil
IoNA 1616	0	0.22	0				
IoNA 1656	0	0.18	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ190278	99	OE
IoNA 1717	0	0.06	0				
IoNA 1827	0	0.12	0	<i>uncultured Verrucomicrobia bacterium</i>	EF612425	97	Soil
IoNA 1834	0	0.03	0				
IoNA 1874	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ190278	99	OE
IoNA 1986	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	HQ190278	98	OE
IoNA 2006	0	0.12	0				
IoNA 2074	0	0.03	0	<i>uncultured bacterium</i>	FJ478883	95	Soil
IoNA 2178	0	0.03	0				
IoNA 2716	0	0	0.03	<i>uncultured bacterium</i>	EU135487	97	Soil
IoNA 2874	0	0	0.03	<i>uncultured Verrucomicrobia bacterium</i>	EU979012	98	Soil
IoNA 2918	0	0	0.03	<i>uncultured soil bacterium</i>	EF688344	95	Soil