

Taxonomie numerique La taxinomie numerique ou taxometrie ou taxonomie adansonienne (du –1–8 nom d'ADANSON son auteur) est une approche quantitative rendue possible grace a la puissance des ordinateurs car elle implique un volume de calcul considerable.mais en general, on estime qu'au-dela de 80% de similitude des phenons peuvent etre assimiles a une meme especeLa quantification binaire (0 ou 1, c'est-a-dire absence ou presence) des similitudes et des differences permet alors de caracteriser les taxons par un coefficient de similitude, calcule de diverses manieres, selon le choix des caracteres selectionnes et le codage et le traitement appliques aux donnees recueillies.Parmi les indices les plus couramment utilises, il y a l'indice de Jaccard Sneath donne par la relation suivante :  $SAB = \frac{nS+}{nS+ + nd}$  nd SAB : coefficient de similitude entre la souche A et la souche B nS+ : nombre de caractere similaires nd : nombre de caracteres differents pour donner une valeur significative a l'etude.En pratique, ce nombre se situe entre 30 et 300 caracteres qui peuvent etre de diverses natures : parametres genomiques, caracteres phenetiques classiques (morphologie, physiologie, structure, metabolisme), composants chimiques (peptidoglycane, LPS...).C'est un dendrogramme ou les organismes ayant la plus .grande similitude sont groupes en ensembles appeles phenons