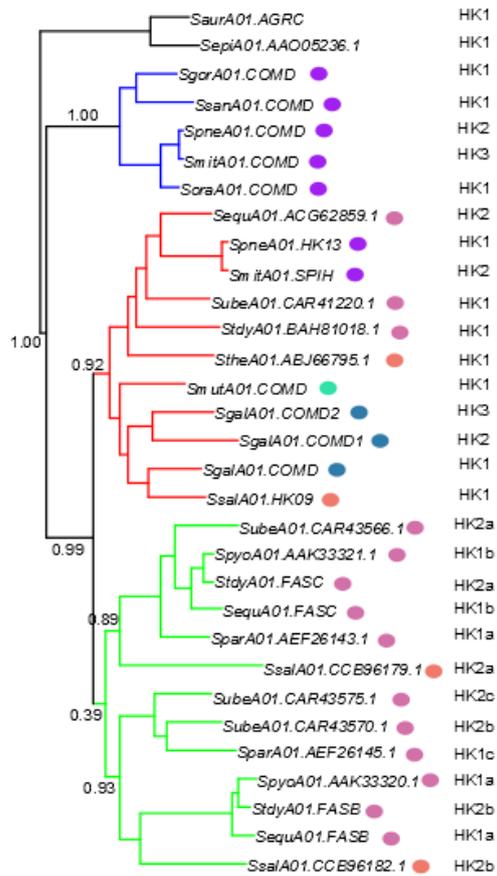
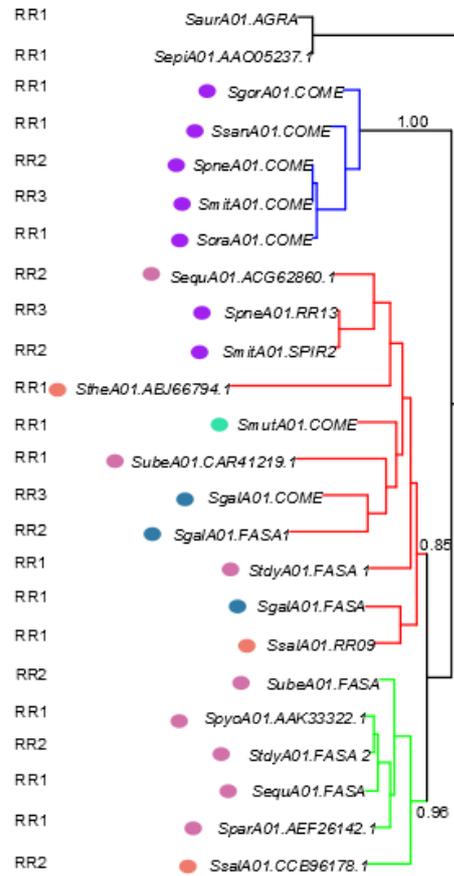


ComD



- *m.itis*
- *pyogenic*
- *salivarius*
- *m.ufans*
- *bovis*

ComE



Les séquences utilisées pour calculer les arbres, sont similaires, homologues, orthologues et/ou paralogues ?

Les séquences ont été obtenues par une recherche par similarité dans les génomes complets et non assemblés de Streptocoques à l'aide des logiciels blastp et tblastn et en utilisant les séquences de ComD et ComE de *S. pneumoniae* comme séquences sondes (queries). Elles sont donc similaires à ComD et ComE de *S. pneumoniae* et les alignements multiples que nous avons réalisés ont montré que, par familles (ComD et ComE), les séquences étaient similaires. Nous pouvons quantifier cette similarité, par exemple, par le pourcentage d'identité entre les paires de séquences.

Nous avons fait l'hypothèse qu'elles étaient issues de gènes homologues, elles descendent d'une séquence ancêtre commune (ce sont les gènes qui sont transmis et non pas les protéines). Rappelons que des gènes peuvent être homologues sans que leurs séquences présentent une similarité significative (e-value), en raison d'un taux de mutation élevé. L'inverse est plus rare et généralement la similarité se limite à une petite portion des séquences. Cette similarité sans lien d'homologie peut être due à une convergence.

Il y a des paires de séquences orthologues qui sont liées par un événement de spéciation et des paires de séquences paralogues qui sont liées par une duplication, l'identification de ces paires nécessite une analyse détaillée des arbres (cf ci-dessous) et, en particulier, d'une localisation des événements de spéciation et de duplication au niveau des nœuds de l'arbre.

Quel est le rôle des séquences Staphylococcus Saur et Sepi dans cet arbre?

Les séquences de Staphylococcus (Saur et Sepi) servent de groupe externe. Elles permettent d'enraciner notre arbre et donc de connaître le nœud correspondant au nœud ancêtre hypothétique de l'ensemble de nos séquences de streptocoques. Cet enracinement va nous permettre de d'ordonner l'apparition des événements de spéciation et de duplication de gènes.

Où placez-vous le nœud ancestral ?

Nous avons distingué trois groupes de séquences (branches bleus, rouges et vertes).

Quelle est la distribution des espèces dans les trois groupes ?

Le groupe bleu ne renferme que des séquences du groupe mitis, le groupe vert des séquences du pyogenic et salivarius et le groupe rouge au moins un représentant de chaque groupe.

La grande distribution taxonomique observée avec le groupe rouge, avec 9 espèces représentées appartenant à 5 groupes taxonomiques (*salivarius*, *mitis*, *pyogenic*, *mutans*, *bovis*), suggère que les gènes codant pour ce système étaient présents dans l'ancêtre commun aux streptocoques et qu'un petit nombre d'espèces les auraient perdus.

Quel est le premier groupe qui émerge ?

Dans les deux arbres, ComD et ComE, à partir du nœud ancestral, le premier nœud rencontré sépare le groupe bleu des groupes rouges et verts. Ce groupe bleu renferme les séquences de ComD et ComE de *S. pneumoniae*.

Est-ce que sa composition en espèces était attendue ?

Non, la diversité d'espèce d'un sous arbre dépend de la profondeur de l'arbre à laquelle il apparaît (le dernier ancêtre commun des feuilles de ce sous arbre). Comme nous l'avons vu, le groupe rouge présente une grande diversité d'espèce suggérant qu'il est apparu très tôt au cours de l'évolution des Streptococcus. Or la topologie des arbres suggère que le groupe bleu est le premier groupe qui émerge.

On s'attendait donc à ce qu'il renferme une diversité d'espèce au moins aussi grande que celle du groupe rouge qui serait apparu après lui.

Pour tenter de réconcilier ces observations (émergence précoce et diversité limitée), nous pouvons faire au moins deux hypothèses. Soit, il y a effectivement une émergence précoce de ce groupe mais elle est suivie par de nombreuses pertes (délétions) dans les branches menant aux espèces n'appartenant pas au groupe mitis. Soit ce groupe a été acquis par transfert horizontal par le dernier ancêtre commun des espèces du groupe mitis. L'espèce à l'origine de ce transfert n'est pas connue mais elle était contemporaine du dernier ancêtre commun des espèces du groupe mitis.

Les différents groupes renferment des séquences issues de gènes orthologues et/ou paralogues ?

Sur l'arbre des ComE, les groupes bleu et vert ne renferment qu'une copie par génome, toutes les paires de séquences sont donc orthologues, ils constituent deux groupes de gènes orthologues. C'est important car cela suggère que c'est gènes/protéines appartenant au même groupe d'orthologues ont conservés la même fonction.

Sur l'arbre ComD, le groupe bleu est aussi un groupe de séquences orthologue. Les groupes verts sont issus d'une duplication car chaque sous arbre renferme au moins une séquence des espèces du groupe pyogenic et de *S. salivarius*. De plus, un des sous arbres verts renferme une paire de paralogues (Sube). Comme elles ne sont pas regroupées sous le même nœud, elles ne correspondent probablement pas à une duplication chez l'ancêtre de Sube. Nous pouvons remarquer, qu'une des deux copies a un orthologue dans Spar et que l'autre copie est directement en groupe externe de ces deux feuilles. Cette disposition suggère qu'une duplication a pu se produire chez l'ancêtre de Sube et Spar et qu'une des copies a été perdue chez Spar.

Le groupe rouge renferme trois séquences de Sgal. Deux pourraient correspondre à des duplications dans ce génome alors que l'autre est proche de Ssal. On remarquera aussi que les séquences de *S. thermophilus* (Sthe) et *S. salivarius* (Ssal) (groupe salivarius) ne sont pas regroupées et que les séquences du groupe mitis sont retrouvées plus proche de Sequ que des autres séquences du groupe pyogenic. Ces positionnements inattendus pourraient provenir d'une mauvaise reconstruction de ces parties de l'arbre (hypothèse non soutenue par les valeurs de bootstrap qui sont relativement élevées dans cette région de l'arbre) ou de transferts horizontaux de gènes.

Que pensez-vous de la localisation des séquences ComE et ComD de *S. mutans* ?

Le système ComDE de *S. mutans* n'appartient pas au groupe bleu, il ne forme donc pas un système orthologue au système ComDE de *S. pneumoniae* et n'a donc probablement pas la même fonction. Ceci pourrait expliquer les différences de temps de latence observées lors de l'ajout du CSP avant le déclenchement de l'état de compétence chez *S. mutans*. Son système ComDE ne doit pas intervenir de la même manière dans la régulation de la compétence que le système ComDE de *S. pneumoniae*. Il est également possible qu'il ne soit pas impliqué dans cette régulation. C'est ce que nous savons aujourd'hui. La compétence étant régulée chez *S. mutans* par un autre système ComRS.

Régulation de la transformation par le système ComRS. On ne connaît pas la régulation du niveau basal de l'opéron *comRS*, ce pourrait être un signal extracellulaire. Le produit du gène *comS*, le Pre-Coms, est exporté et mûri (ComS*) par un transporteur qui n'a pas encore été identifié. ComS* est importé dans la cellule par le transporteur d'oligopeptides Ami. Dans le cytoplasme, il se fixe à ComR et l'active. ComR activé se fixe sur les boîtes Com au niveau des promoteurs de *comS* et *comX*, conduisant à une amplification du signal (boucle auto catalytique) et à l'expression des gènes tardifs. Les protéines ClpC and MecA préviennent l'accumulation de ComX dans les conditions qui ne sont pas optimum pour le développement de la compétence.

Nous avons annoté les séquences en fonction de leurs domaines fonctionnels (HK et RR) et de leur appartenance à un système (un numéro). La reconstruction des systèmes repose sur la localisation des gènes sur le chromosome. Nous faisons l'hypothèse que les gènes proches appartiennent au même système.

Vous pouvez utiliser cette information pour analyser l'évolution des partenaires de chaque système. Qu'observez-vous ?

Si les deux arbres ne sont pas parfaitement congruents, nous observons globalement des topologies assez proches entre les HK et RR pour le groupe bleu et un des groupes verts. En termes évolutifs, cela indique que les deux partenaires du système, ComD et ComE, ont **coévolué**. Ainsi, dans le cas de transferts horizontaux, cela suggère que les deux gènes ont été transmis simultanément, ce qui est facilité par leur proximité chromosomique.