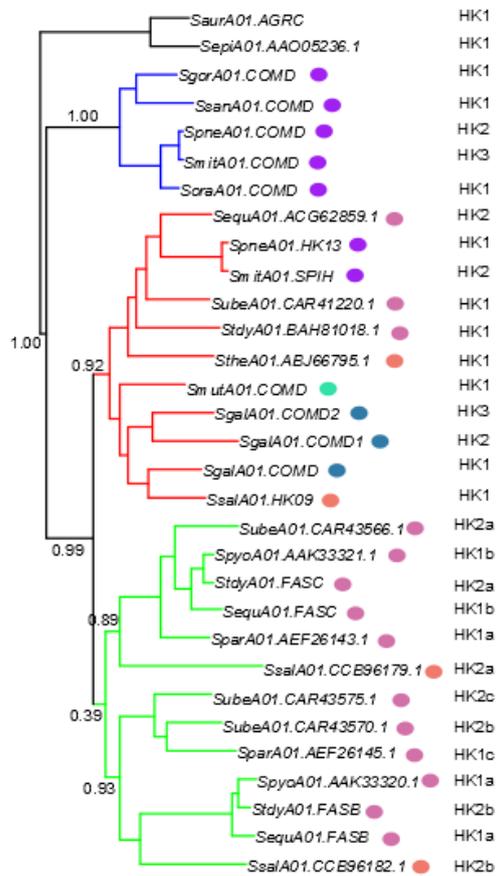
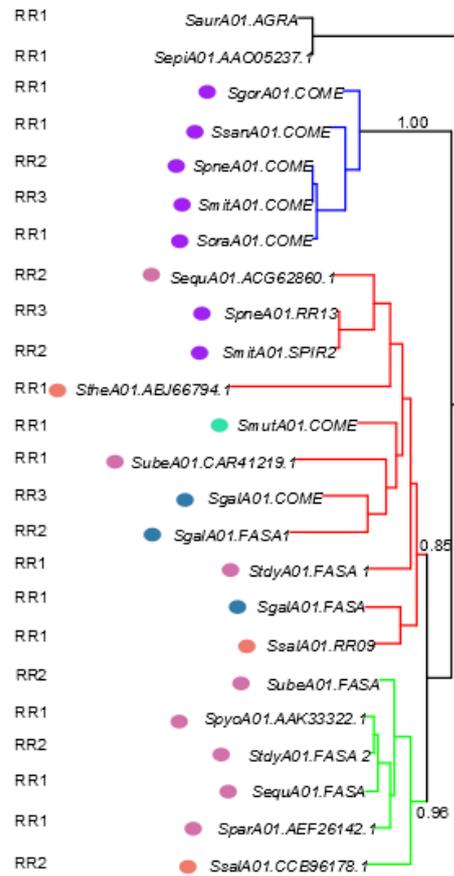


ComD



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

ComE



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

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

Quel est le rôle des séquences de Staphylococcus Saur et Sepi

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 ?

Quel est le premier groupe qui émerge ?

Est-ce que sa composition en espèces était attendue ?

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

Les relations évolutives entre séquences inter groupes sont de type orthologie ou paralogie ?

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

Identifiez-vous des transferts horizontaux ?

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 ?