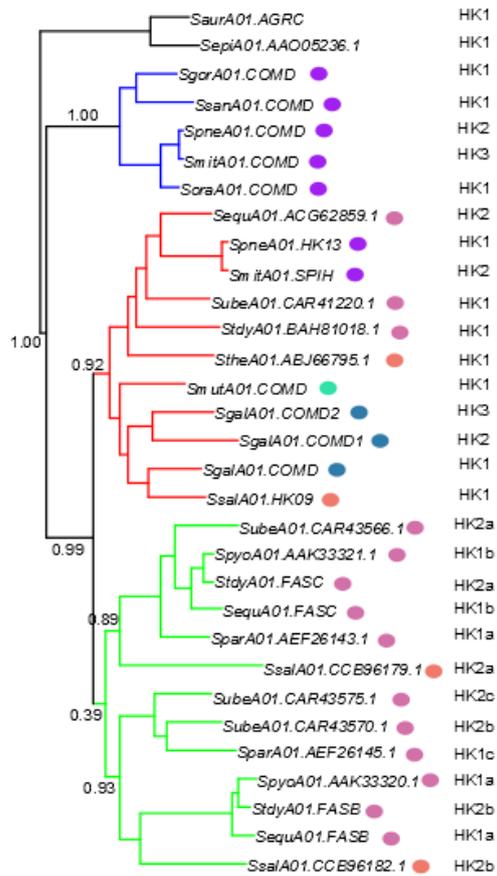
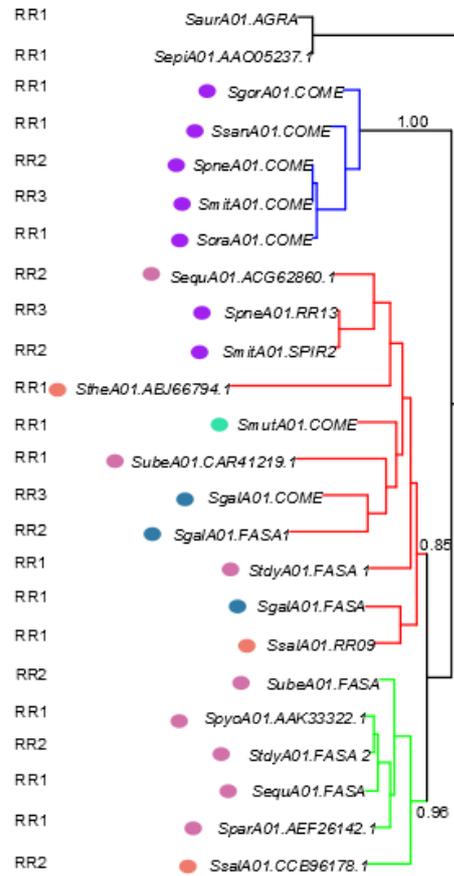


## ComD



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

## ComE



**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 ?**

**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 ?**