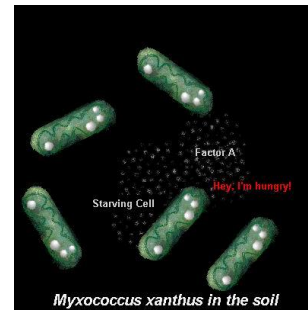
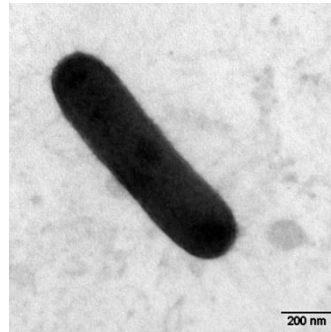
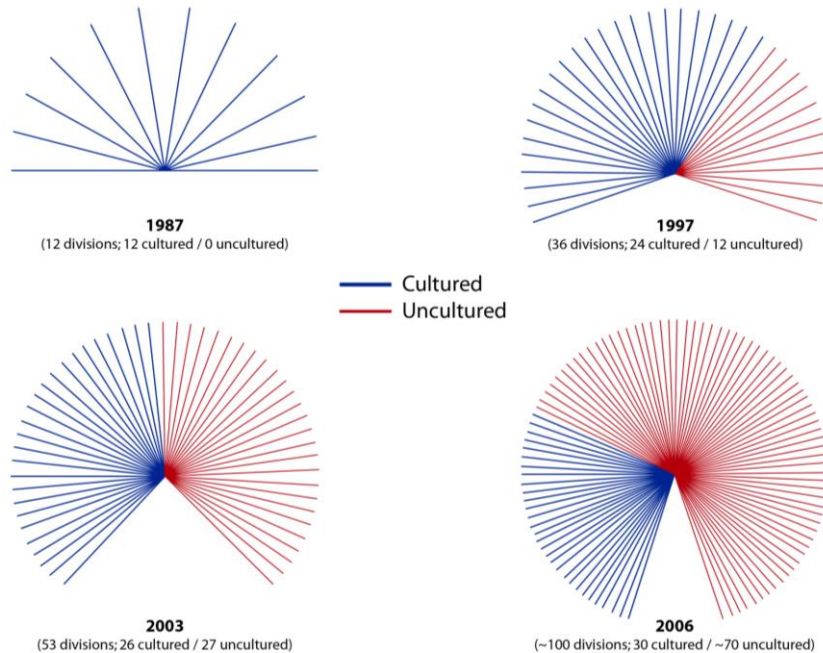


LES BACTERIES



Evolution de la diversité bactérienne connue :



-depuis 2010 la description d'environ 100 nouveaux genres et > 600 nouvelles espèces est publiée chaque année!

-en aout 2015, 6716 génomes complets bactériens sont disponibles dans les bases de données publiques

(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/browse/>)

→ Décembre 2016: 12373

→ Décembre 2022, 466830 (procaryotes)

→ Décembre 2023, 567228 (procaryotes)

Décembre 2024



Eukaryota



Archaea



Bacteria

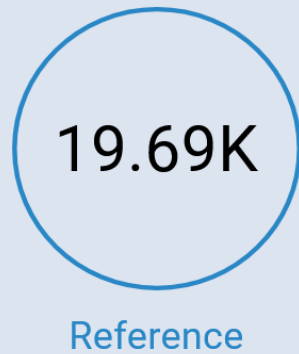


Viruses

Bacteria



Total



Reference



Annotated

Bacteria

<https://lpsn.dsmz.de/>

LPSN base de données contenant les informations mises à jour sur la nomenclature des procaryotes

Les phyla des Bactéries :

"Bacteria" Hide phylum list

"Abditbacteriota"	"Candidatus Cryoseriocota"	"Lentisphaerae"	"Tenericutes"
"Acidobacteria"	"Cyanobacteria"	"Candidatus Margulisbacteria"	"Thermodesulfobacteria"
"Actinobacteria"	"Deferribacteres"	"Candidatus Mcinerneyibacteriota"	"Thermomicrobia"
"Candidatus Aminicenantes"	"Deinococcus-Thermus"	"Candidatus Melainabacteria"	"Thermotogae"
"Aquificae"	"Candidatus Dependientiae"	"Candidatus Microgenomates"	"Verrucomicrobia"
"Armatimonadetes"	"Dictyoglomi"	"Nitrospirae"	
[Bacteria, not assigned to phylum]	"Elusimicrobia"	"Candidatus Omniphila"	
"Bacteroidetes"	"Candidatus Eremiobacteraeota"	"Candidatus Parcubacteria"	
"Balneolaeota"	"Candidatus Fermentibacteria"	"Candidatus Parcunitrobacteria"	
"Caldiserica"	"Fibrobacteres"	"Candidatus Peregrinibacteria"	
"Calditrichaeota"	"Firmicutes"	"Planctomycetes"	
"Chlamydiae"	"Fusobacteria"	"Proteobacteria"	
"Chlorobi"	"Gemmatimonadetes"	"Rhodothermaeota"	
"Chloroflexi"	"Candidatus Goldbacteria"	"Spirochaetes"	
"Chrysiogenetes"	"Candidatus Kapabacteria"	"Candidatus Sumerlaeota"	
"Candidatus Cloacimonetes"	"Kiritimatiellaeota"	"Synergistetes"	
"Coprothermobacterota"	"Candidatus Krumholzibacteriota"		

Bacteria

https://lpsn.dsmz.de/

Phylum "*Aquithermota*"



⤴ parent

« siblings »




children ▾

① **Name:** "*Aquithermota*" Cavalier-Smith 2020

① **Category:** Phylum

① **Proposed as:** phyl. nov.

① **Type order:** [|*Aquificales* Reysenbach 2002](#)

① **Original publication:** Cavalier-Smith T, Chao EE. Multidomain ribosomal protein trees and the planctobacterial origin of neomura (eukaryotes, archaeobacteria). *Protoplasma* 2020; **257**:621-753.   

① **Nomenclatural status:** not validly published

① **Taxonomic status:** synonym (and no standing)

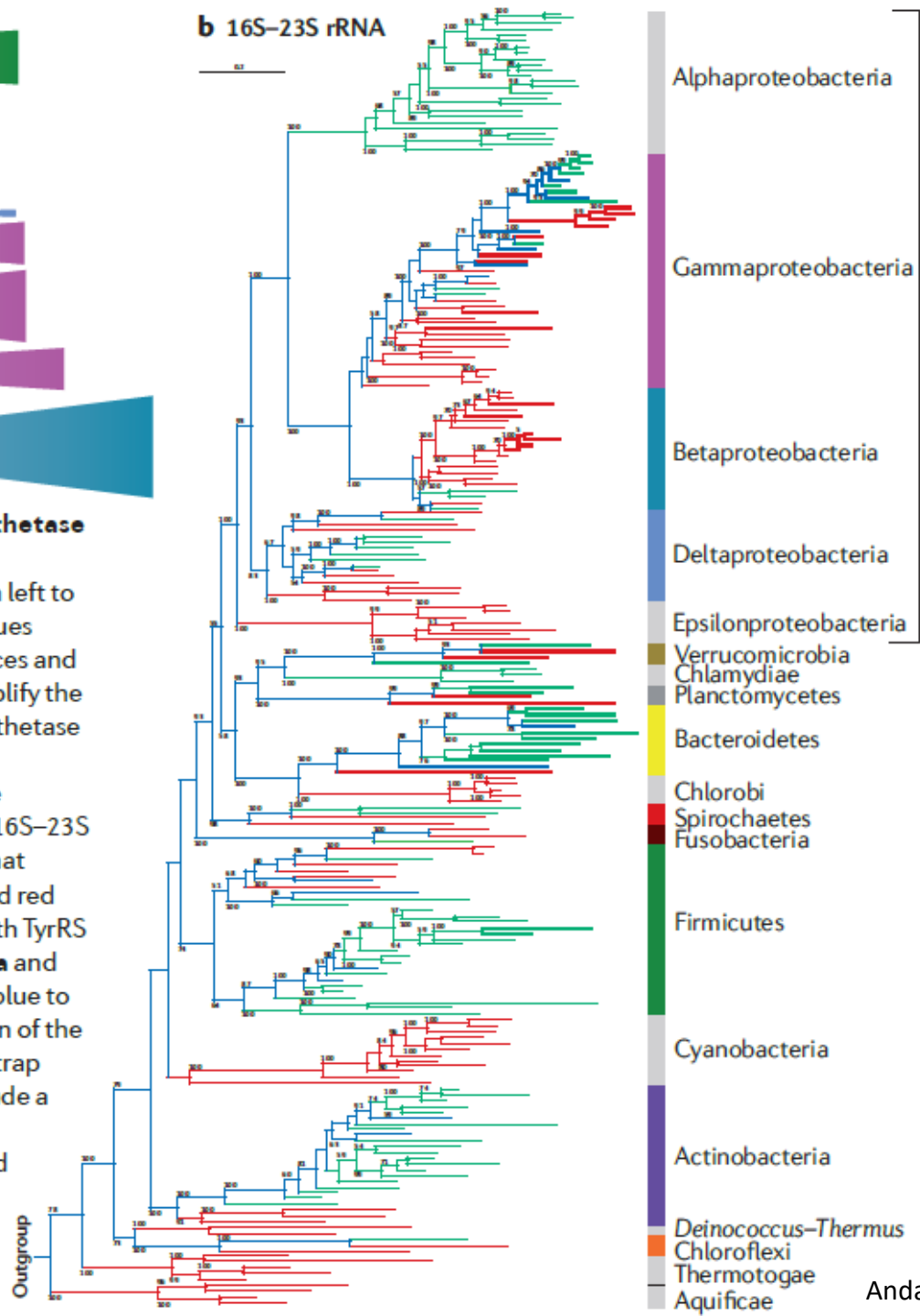
Correct name: [|*Aquificota* Reysenbach 2021](#)

① ▼ **Synonyms:**

Name ▼

Kind

b 16S-23S rRNA



Alphaproteobacteria

Gammaproteobacteria

Betaproteobacteria

Deltaproteobacteria

Epsilonproteobacteria

Verrucomicrobia

Chlamydiae

Planctomycetes

Bacteroidetes

Chlorobi

Spirochaetes

Fusobacteria

Firmicutes

Cyanobacteria

Actinobacteria

Deinococcus-Thermus

Chloroflexi

Thermotogae

Aquificae

Proteobacteria

ynthetase
d
om left to
values
ances and
implify the
ynthetase
d
hite
ed 16S-23S
a that
and red
both TyrRS
art **a** and
ed blue to
tion of the
otstrap
clude a
B
acid

Bacteria



En littérature, un *bestiaire* désigne un manuscrit du Moyen Âge regroupant des fables et des moralités sur les « bêtes », animaux réels ou imaginaires.

Proteobacteria



Proteus

- le plus grand groupe des bactéries
- large variété des phénotypes (Proteus)
- grand nombre des pathogènes/symbiotes (animaux, plantes, homme)
- important dans l'évolution des eucaryotes (mitochondrie)
- 35% de tous les génomes complets bactériens (août 2015)

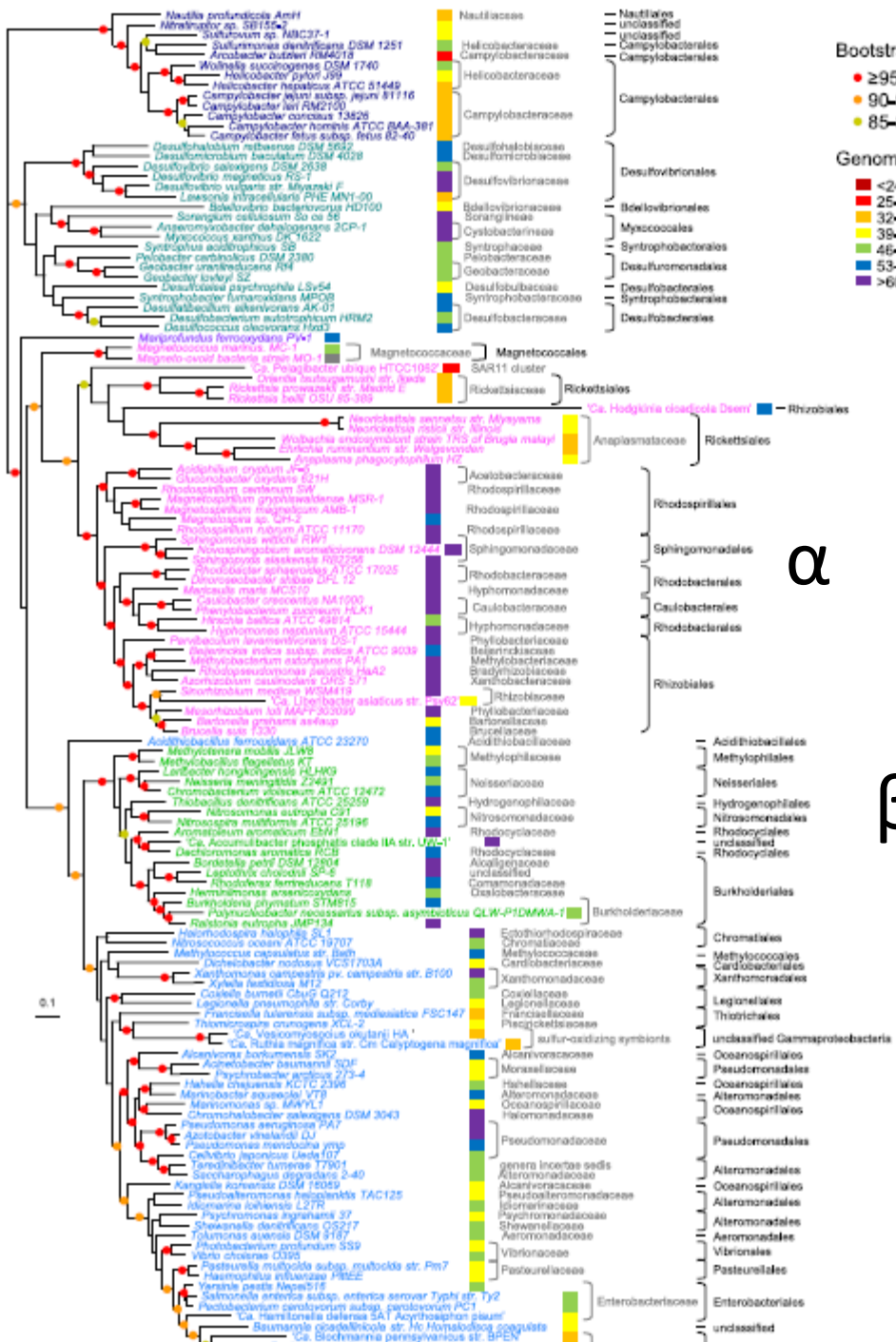
Alpha-Proteobacteria

Beta-Proteobacteria

Gamma-Proteobacteria

Delta-Proteobacteria

Epsilon-Proteobacteria



Bootstrap values
 ● ≥95%
 ● 90-94%
 ● 85-89%

Genomic G+C content
 ■ <24%
 ■ 25-31%
 ■ 32-38%
 ■ 39-45%
 ■ 46-52%
 ■ 53-59%
 ■ >60%

ε

-phylogénie reconstruite à partir des alignements des séquences protéiques de protéines ribosomales (5124 acides aminés)

→ monophylie des 5 classes

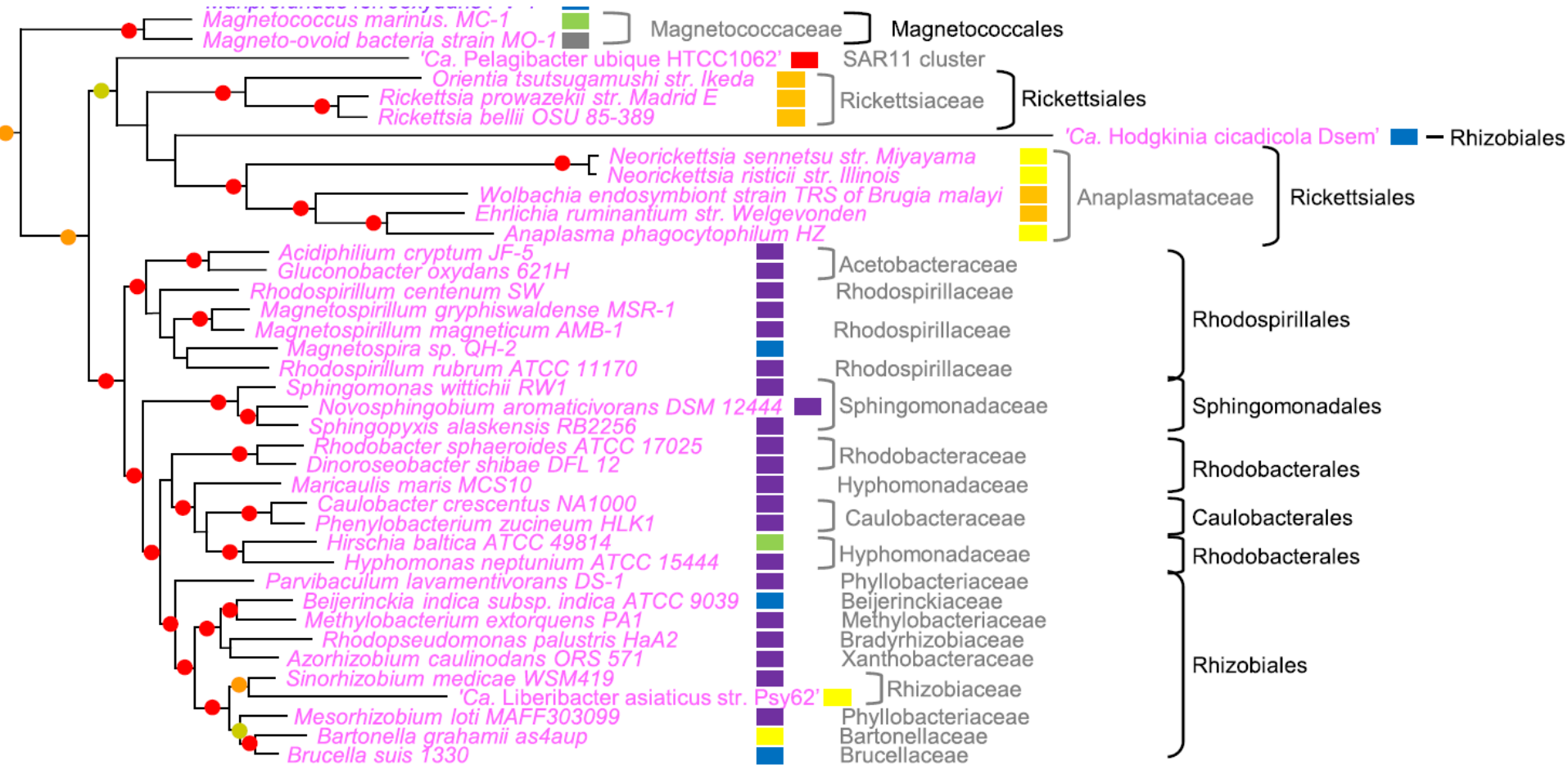
→ racine sur la branche d'épsilon proteobactéries

α

β

γ

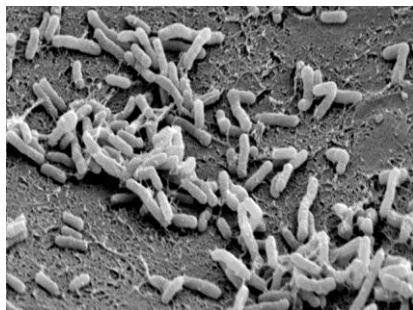
α-Proteobacteria



- souvent des symbiontes ou pathogènes intracellulaires chez les plantes et animaux
- grande diversité métabolique: photosynthèse, fixation d'azote, oxydation d'ammoniaque et de méthane

Rhizobiales

Rhizobium radiobacter = *Agrobacterium tumefaciens*



-établissement d'une relation trophique unique avec les plantes

-maladie de la galle du collet (crown gall)

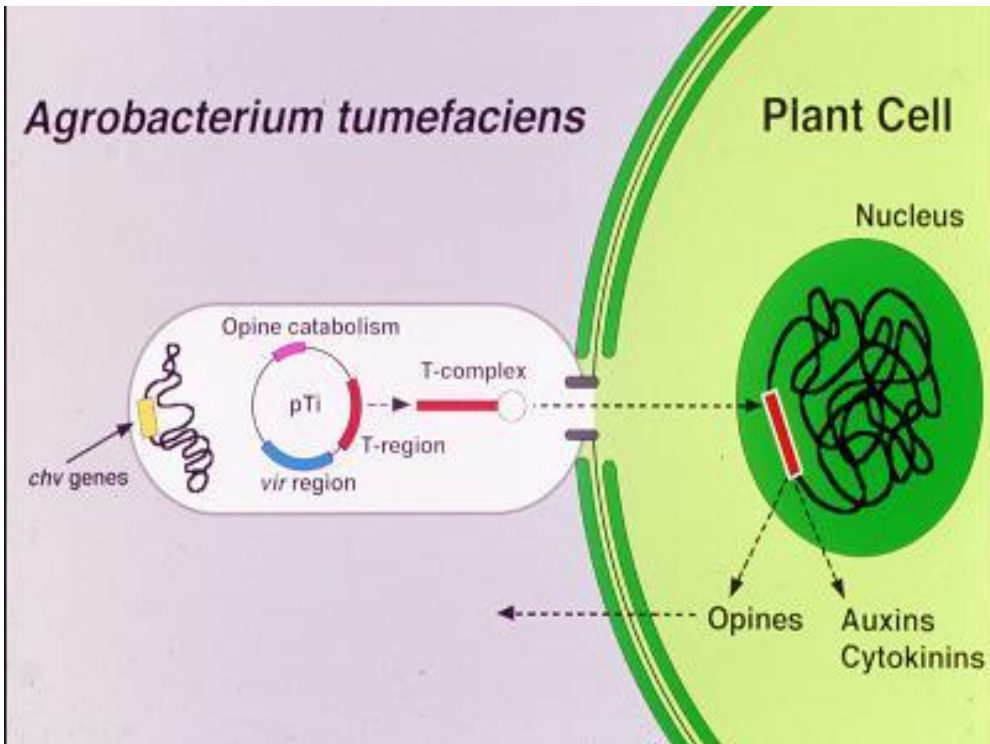
-maladie du chevelu racinaire (hairy root)



-touchées : tabac, les arbres fruitiers, les roses,

- la maladie ne tue pas la plante mais l'affaiblit

Rhizobiales



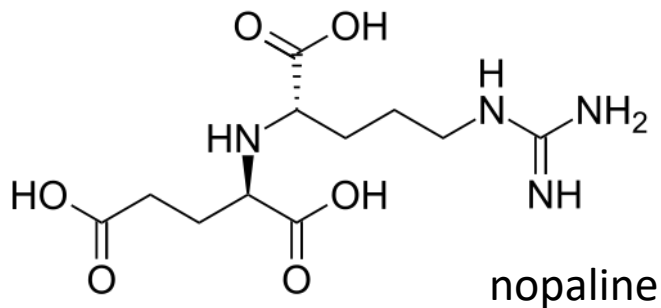
-pénétration d'*Agrobacterium* dans le tissu végétal à travers une blessure

-plasmide Ti réalise un transfert d'une partie de lui-même et son intégration dans le chromosome de l'hôte

-transformation tumorale

-production des opines (dérivés d'acides aminés) qui servent de source de carbone et d'azote aux cellules d'*Agrobacterium*

-important outil pour la génération des plantes transgéniques



Rickettsiales

Rickettsia prowazekii



ASM MicrobeLibrary.org©Walker

Attachment of rickettsiae to the surface of an endothelial cell is followed by their entry into the cell via rickettsia-induced phagocytosis. Following phagocytosis, the phagosome membrane (arrow) is lost and the rickettsiae escape into the host cell cytoplasm. Bar = 0.5 μ m

-responsable de plusieurs maladies dont la fièvre typhoïde (transmission par les poux, infection de 20-30 millions soldats, guerre 1914-1918)

-*parasites intracellulaires strictes*

-se multiplie dans le cytoplasme jusqu'à la lyse de la cellule hôte

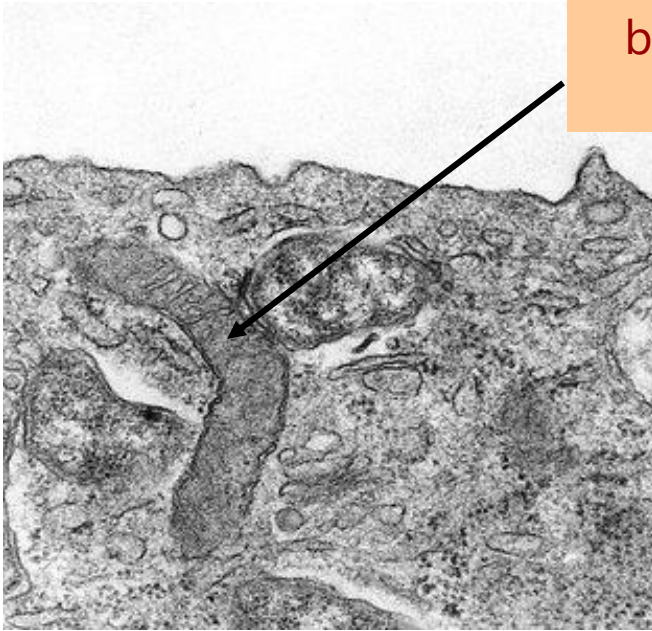
-descendent des organismes non-parasitiques – modèle d'étude pour l'adaptation au parasitisme obligatoire

-possèdent une chaîne respiratoire complète

Rickettsiales

- ces organismes modernes ressemblent (par leur style de vie) aux organismes qui ont pu initier l'endosymbiose mitochondriale

bactérie moderne qui infecte une cellule eucaryote



Mitochondrie: une ancienne bactérie qui a été domestiquée par l'ancêtre de toutes les cellules eucaryotes



Don Fawcett-Keith/Photo Researchers, Inc.

The genome sequence of *Rickettsia prowazekii* and the origin of mitochondria

Siv G. E. Andersson*, Alireza Zomorodipour*, Jan O. Andersson*, Thomas Sicheritz-Pontén*, U. Cecilia M. Alsmark*, Raf M. Podowski*, A. Kristina Näslund*, Ann-Sofie Eriksson*, Herbert H. Winkler† & Charles G. Kurland*

* Department of Molecular Biology, University of Uppsala, Uppsala S-75124, Sweden

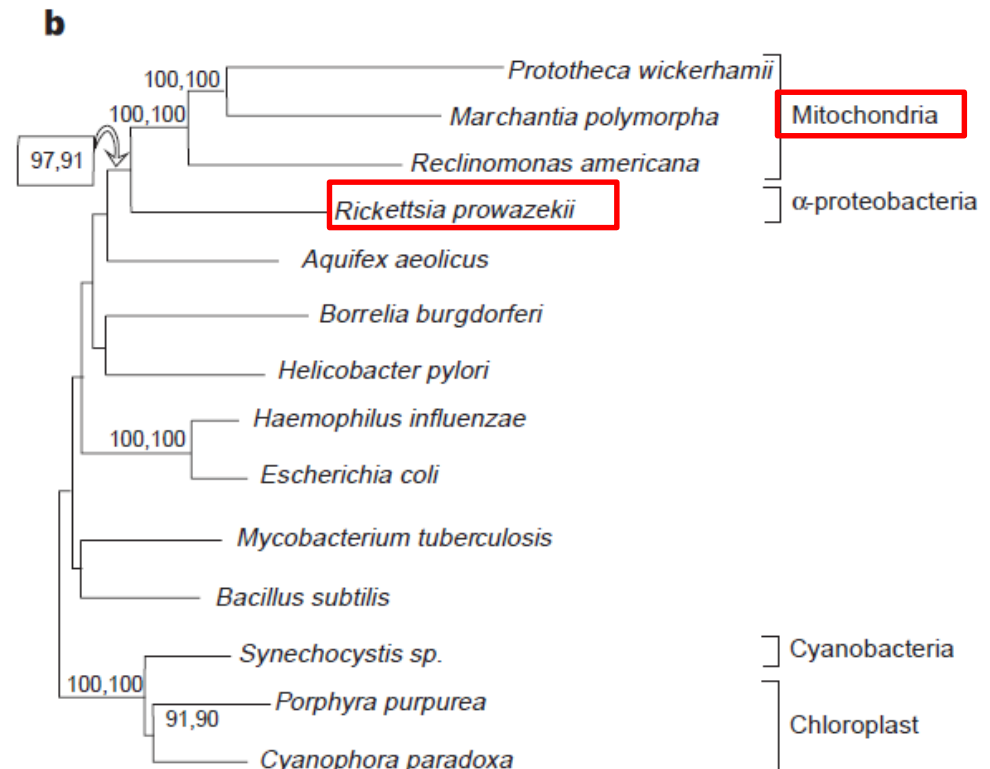
† Department of Microbiology and Immunology, University of South Alabama, Mobile, Alabama 36688, USA

→ Les Rickettsia sont les plus proches parents des mitochondries

→ L'origine des mitochondrie peut être précisé : il s'agit d'une ancienne bactérie issues de la lignée conduisant aux *Rickettsia*

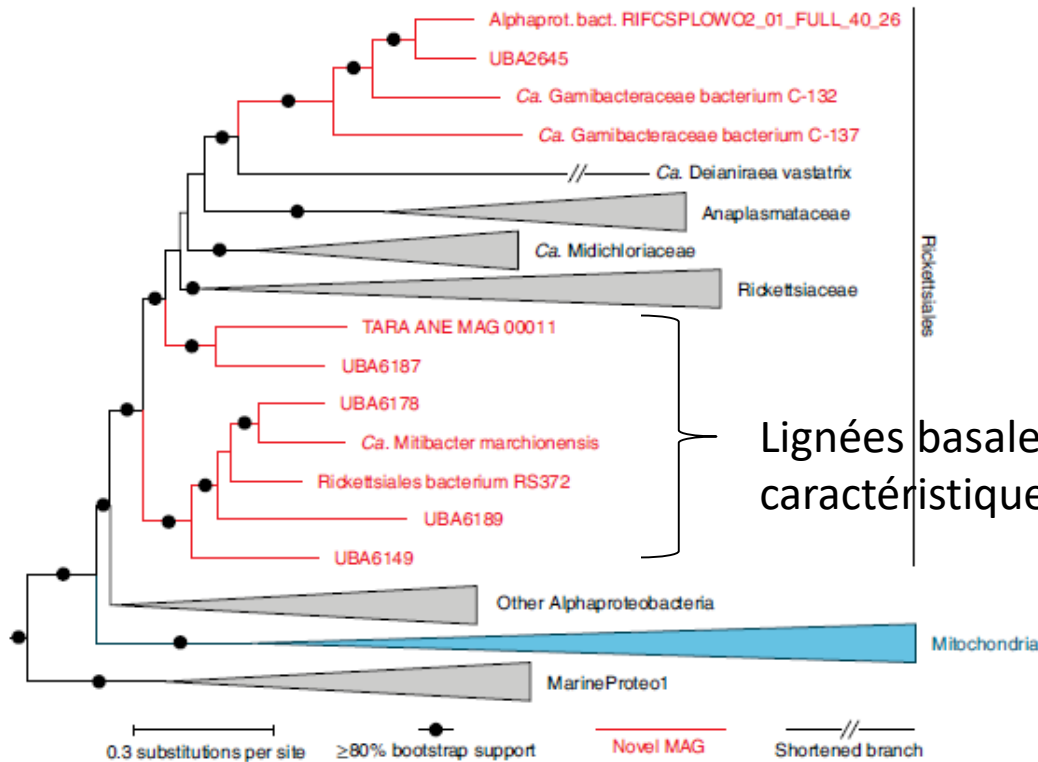
→ Cet évènement est à l'origine de la respiration aérobie

-phylogénie des protéines ribosomales



Rickettsiales

→ Découverte à partir des MAG des nouvelles lignées *basales* des Rickettsiales

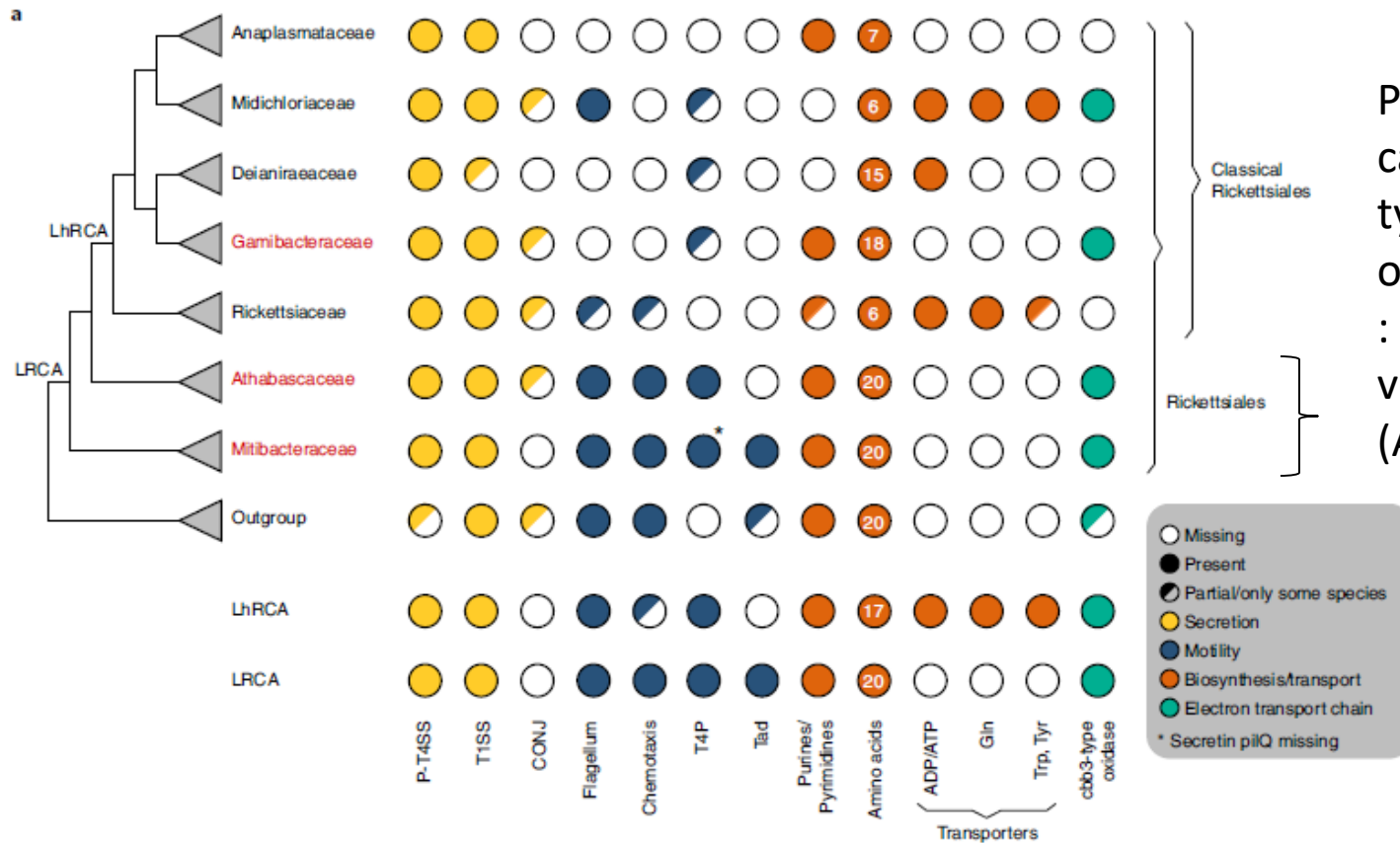


Lignées basales → peuvent nous renseigner sur les caractéristiques ancestrales des Rickettsiales

→ La mitochondrie n'est plus le groupe sœur des Rickettsiales !

Schön et al., 2022, Nat. Microbiol.

Rickettsiales



Possèdent les caractéristiques typiques des organismes autonomes : motilité, adhésion, voies métaboliques (AA) complètes

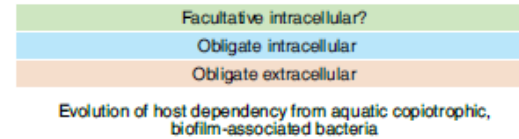
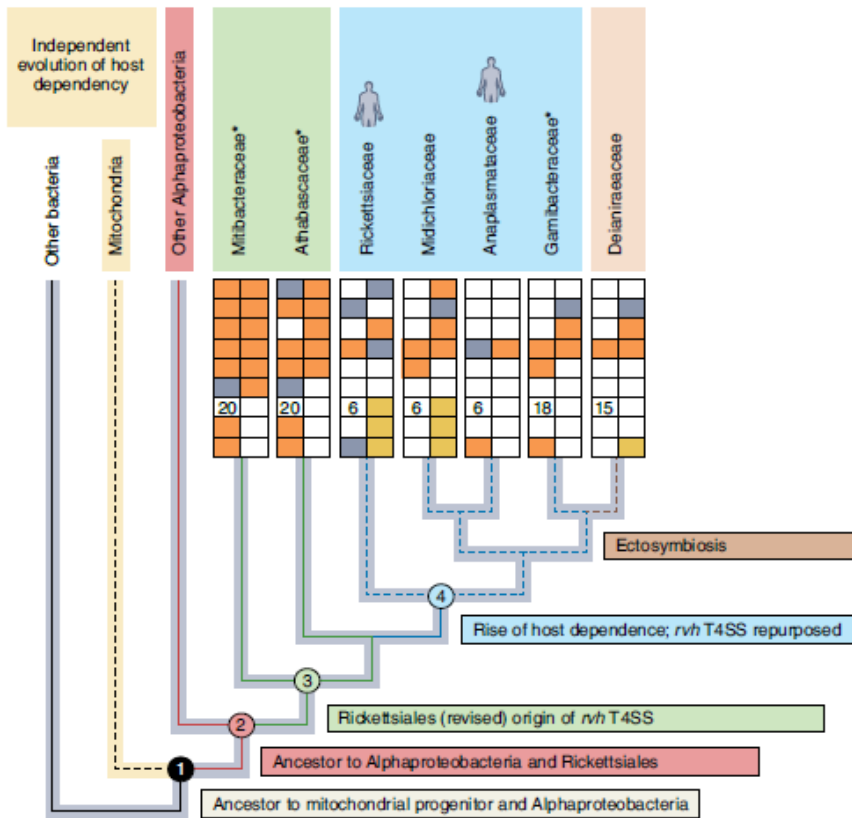
LhRCA : ancêtre des Rickettsiales parasites intracellulaires obligatoires

LRCA : ancêtre de toutes les Rickettsiales

Schön et al., 2022, Nat. Microbiol.

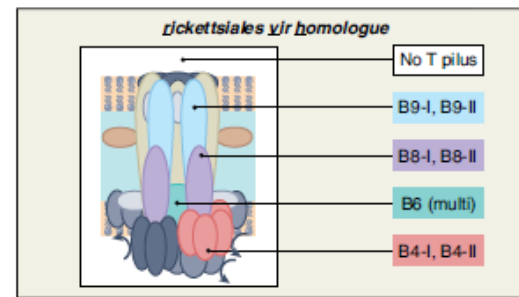
Rickettsiales

→ la dépendance vis-à-vis l'hôte a évolué indépendamment chez la mitochondrie et chez les Rickettsiales



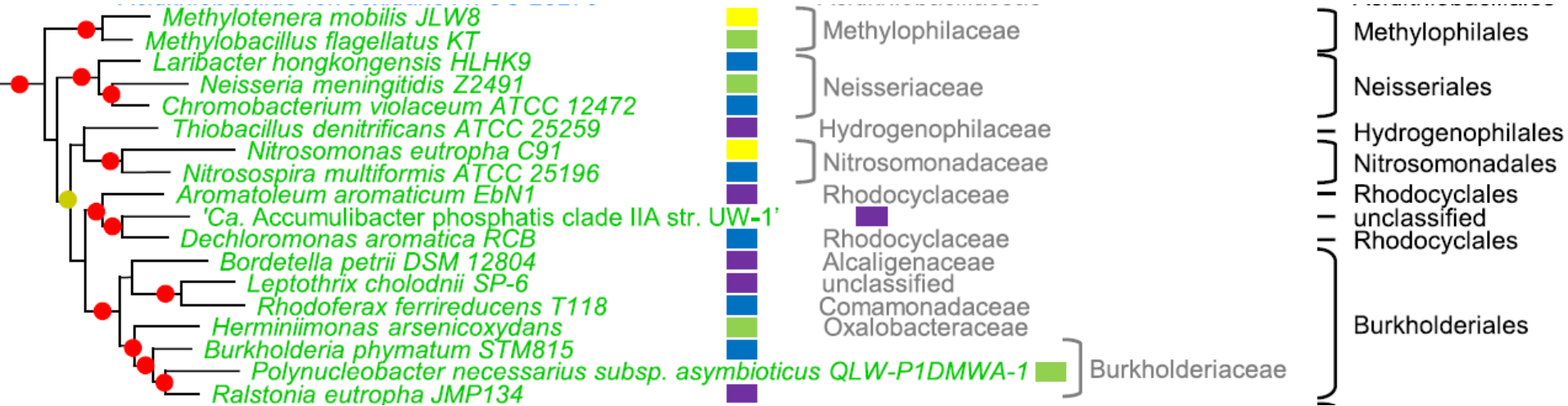
Key lifestyle traits

Trait	Conserved	Certain lineages	Absent	Independent gain
Pel-like EPS				
Chemotaxis				
Tad pili				
Peptidoglycan				
Cbb3 oxidase				
Arsenic export				
Amino acids	<i>n</i>			
Sulfate import				
Nucleotides				
Flagella				
Type IV pili				
Lipid A (LPS)				
Gluconeogenesis				
KatG catalase				
Ammonia import				
Trp/Tyr import				
Gln import				
Nucleotide import				



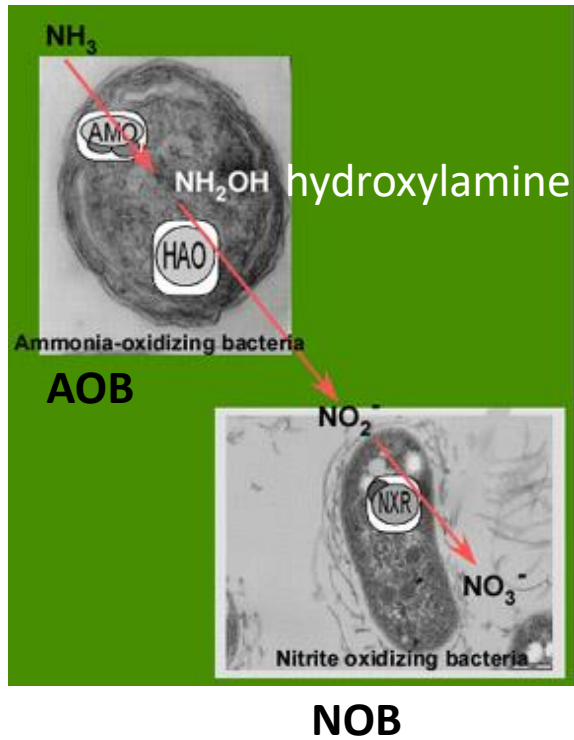
Le système de sécrétion a évolué pour permettre de sécréter les facteurs de virulence

β-proteobacteria



- grande diversité métabolique: phototrophes, methylotrophes, chimiolithotrophes (oxydation d'ammoniaque)
- pathogènes: méningites, gonorrhée

Nitrosomonadales



On the nitrifying organisms

1890 • S. Winogradsky

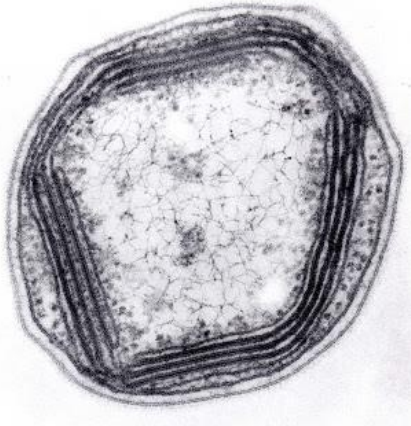
Winogradsky, S. 1890. Sur les organismes de la nitrification. *Comptes rendus de l'Académie des Sciences*, Vol. 110, pages 1013–1016.

nitrification: action séquentielle des bactéries nitrosantes (ammonium-oxydante, AOB) et les bactéries nitrifiantes (nitrite-oxydante, NOB)

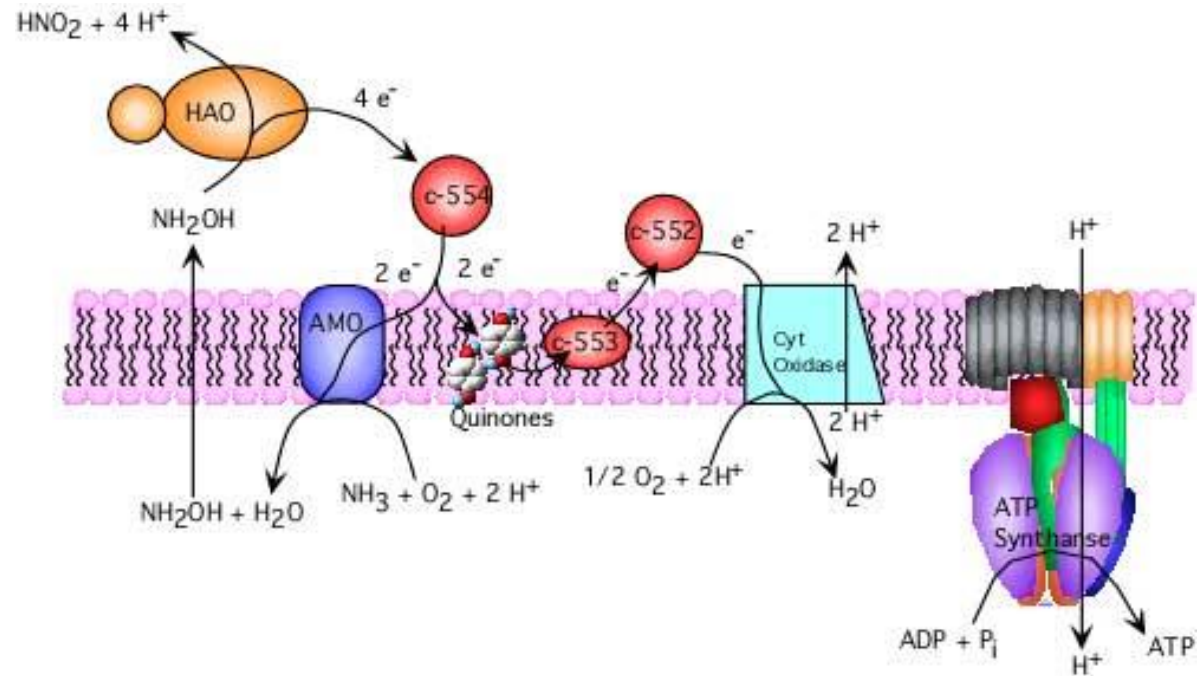
Nitrosomonas sp. – bactéries nitrosantes, chimiolithotrophes

Nitrosomonadales

Nitrosomonas sp. – AOB, bactéries nitrosantes, chimiolithotrophes



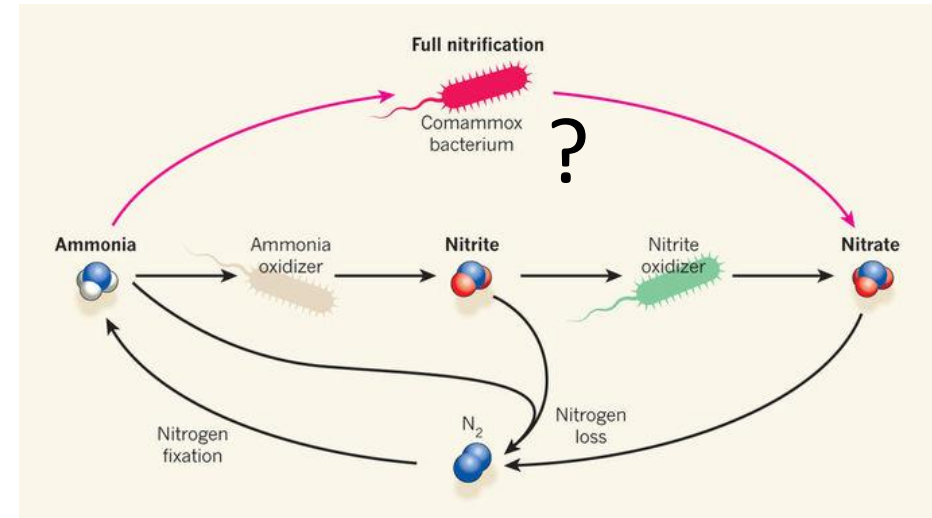
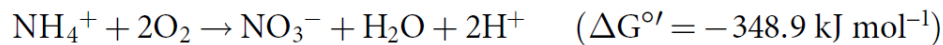
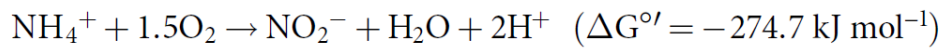
-possèdent un système des membranes internes complexe, l'ammonium-monooxydase est insérée dans ces membranes



-répandues dans le sol et l'eau, dans les habitats contenant des importantes quantités d'ammoniaque due à la dégradation massive des protéines, dans les traitement des eaux usées

Nitrosomonadales

→ La séparation fonctionnelle des AOB et NOB est surprenante:



→ l'existence d'un organisme nitrifiant complet (**Comammox**, complete ammonia oxidizer) à été prédite mais jamais démontré

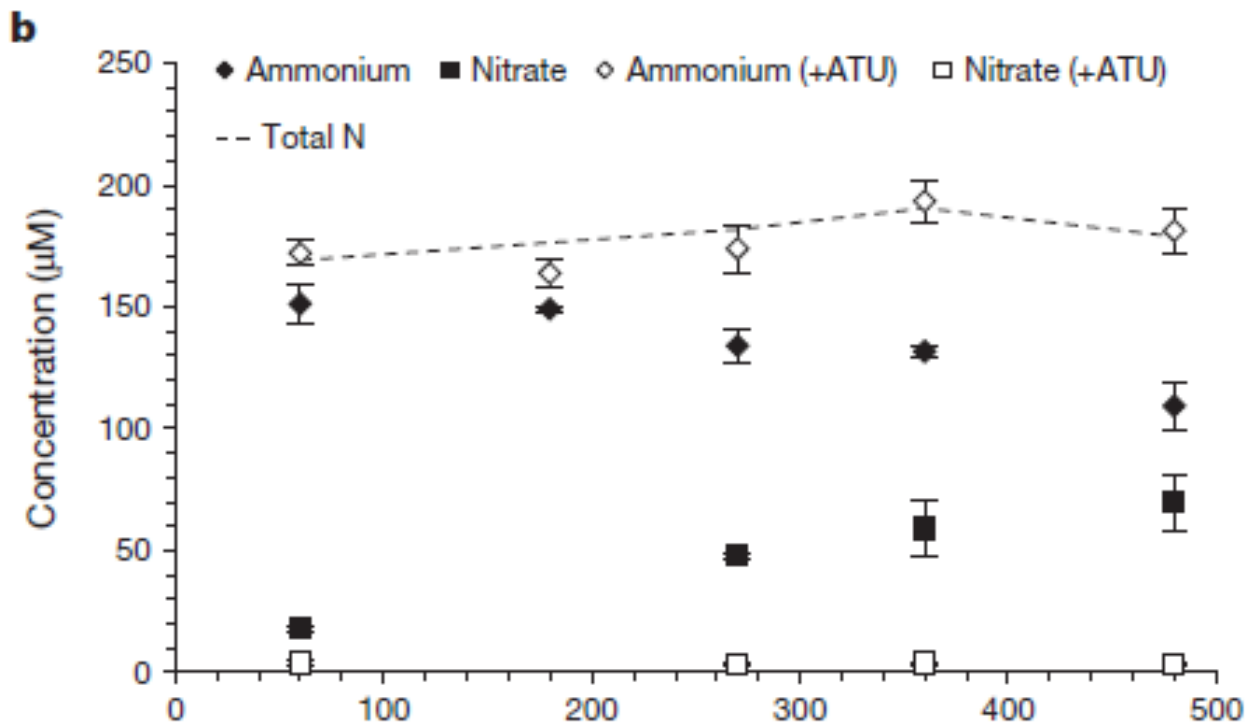
Daims, H. *et al.*, 2015, Nature

van Kessel, M. A. H. J. *et al.*, 2015, Nature

Nitrosomonadales

Enrichissement d'une culture de *Nitrospira*:

→ Formation de nitrate à partir d'ammonium, pas en présence d'inhibiteur (allylthiourea)

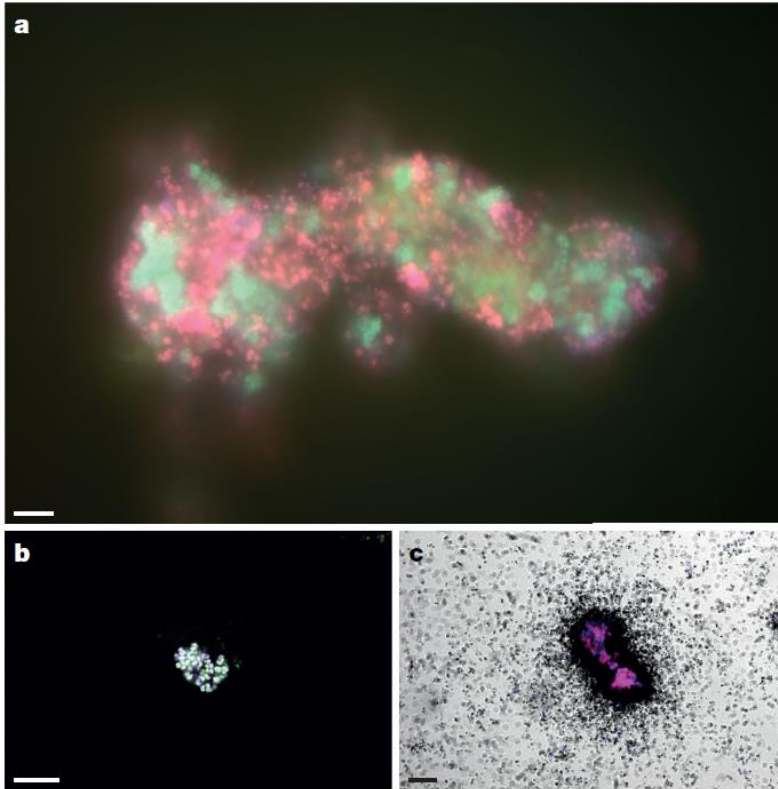


Daims, H. *et al.*, 2015, Nature

van Kessel, M. A. H. J. *et al.*, 2015, Nature

Nitrosomonadales

In situ détection de *Nitrospira*:



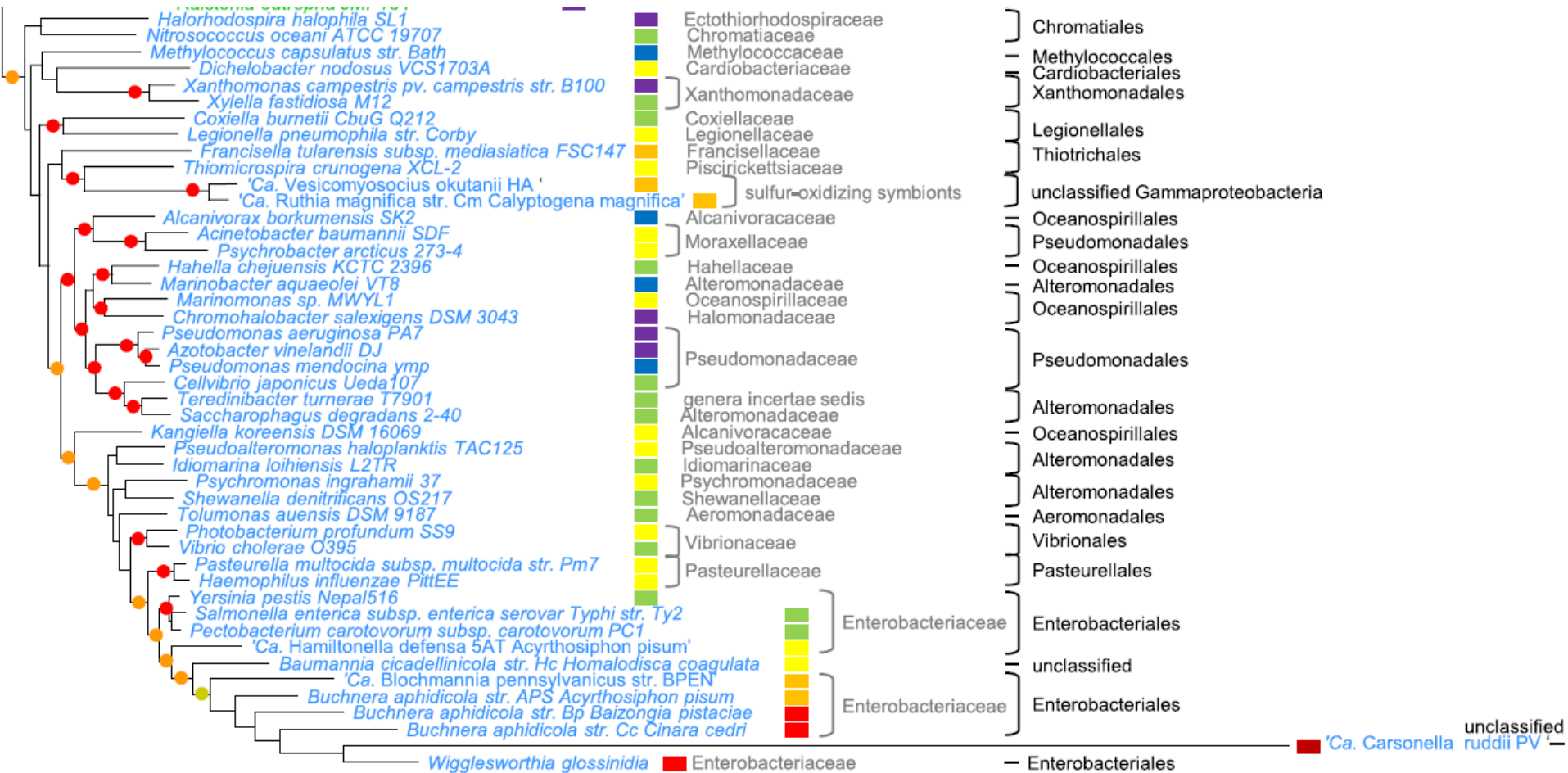
→ a) FISH, Bactéries (EUB338mix, bleu) + *Nitrospira* (Ntspa712, vert) = bleu clair

→ b) FISH, AMO (vert) + *Nitrospira* (Ntspa662 (bleu) and Ntspa476 (rouge) = blanc

→ c) FISH-MAR, la fixation de $^{14}\text{CO}_2$ dépendante de l'ammonium → chimioautolithotrophie

Daims, H. *et al.*, 2015, Nature
van Kessel, M. A. H. J. *et al.*, 2015, Nature

γ-Proteobacteria



-environ 250 genres!

-*E. coli*, *Salmonella*, *Yersinia*, *Vibrio*, *Pseudomonas*

Epidémie rare due à des steaks hachés surgelés




Par Sandrine CABUT — 1 novembre 2005 à 04:21

Des steaks hachés surgelés ont déjà intoxiqué dix-huit personnes, dont seize enfants, dans le Sud-Ouest. Onze des enfants ont déclaré un SHU (syndrome hémolytique et urémique) (1), une maladie sévère qui atteint les reins et les cellules sanguines. Les supermarchés Leclerc,

E. coli O157:H7 Productrice de shiga – toxine

γ-Proteobacteria

→ Aux USA > 75,000 cas et 17 départs d' épidémie / an

 An official website of the United States government [Here's how you know](#) ▾



Search

Menu

[← Home](#) / [Food](#) / [Recalls, Outbreaks & Emergencies](#) / [Outbreaks of Foodborne Illness](#) / [Outbreak Investigation of E. coli O157:H7: Unknown Food \(Fall 2020\)](#)

Outbreak Investigation of E. coli O157:H7: Unknown Food (Fall 2020)

Romaine sample from Michigan tests positive for E. coli, potentially linked to illnesses

Subscribe to Email Updates

 Share

 Tweet

 LinkedIn

 Email

 Print

Outbreaks of Foodborne Illness

[Investigations of Foodborne Illness Outbreaks](#)

[Public Health Advisories from Investigations of Foodborne Illness Outbreaks](#)

[Food Safety Tips for Consumers & Retailers During an Outbreak of Foodborne](#)

The FDA and CDC, in collaboration with state and local partners, is investigating illnesses in a third multistate outbreak of *E. coli* O157:H7 infections this Fall.

On November 6, 2020, the Michigan Department of Agriculture and Rural Development (MDARD) reported that as a part of routine sampling, they collected a product sample of romaine lettuce for testing. The sample tested positive for *E. coli* O157:H7 and subsequent whole genome sequencing (WGS) analysis determined that the *E. coli* O157:H7 present in the samples matches the strain that has caused illnesses in this outbreak.

The strain of *E. coli* found in the Michigan sample is a third distinct strain not genetically related to the strains causing two distinct multi-state outbreaks of Shiga-toxin producing *E. coli* O157:H7 (STEC) that FDA and CDC [announced](#) on October 28, 2020. At this time, a specific food has not been linked to either of those outbreaks.

On November 6, 2020, Tanimura & Antle, Inc. [recalled](#) packaged single head romaine lettuce with a pack date

Content current as of:
11/12/2020

Regulated Product(s)
Food & Beverages

Topic(s)
Outbreak

γ-Proteobacteria

→ la sévérité de la maladie et la fréquence de la forme la plus grave (hémorragique) varient mais la cause de cette variation n'est pas connue

Variation in virulence among clades of *Escherichia coli* O157:H7 associated with disease outbreaks

Shannon D. Manning*, Alifiya S. Motiwala[†], A. Cody Springman*, Weihong Qi*, David W. Lacher*, Lindsey M. Ouellette*, Janice M. Mladonicky*, Patricia Somsel[‡], James T. Rudrik[‡], Stephen E. Dietrich[‡], Wei Zhang[§], Bala Swaminathan[¶], David Alland[†], and Thomas S. Whittam*^{||}

→ Hypothèse : variation dans la présence et l'expression des Shiga toxines

→ Approche : phylogénie basé sur l'analyse des SNP

γ -Proteobacteria

- SNP = single nucleotide polymorphism – une position orthologue qui varie entre les génomes étudiés
- Apparaissent suite aux mutations au cours de l'évolution – utile pour résoudre les phylogénies à courte échelle de temps (ex. quelques dizaines ou milliers d'années)

a SNP data matrix

	locus1	locus2	locus3	locus4	locus5
species1_a	A	T	C	G	A
species1_b	A	T	G	G	A
species2_a	T	T	G	G	G
species2_b	A	C	C	T	G
species3	A	C	C	T	G

γ -Proteobacteria

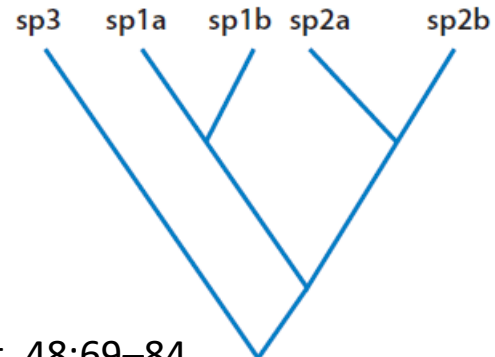
a SNP data matrix

	locus1	locus2	locus3	locus4	locus5
species1_a	A	T	C	G	A
species1_b	A	T	G	G	A
species2_a	T	T	G	G	G
species2_b	A	C	C	T	G
species3	A	C	C	T	G

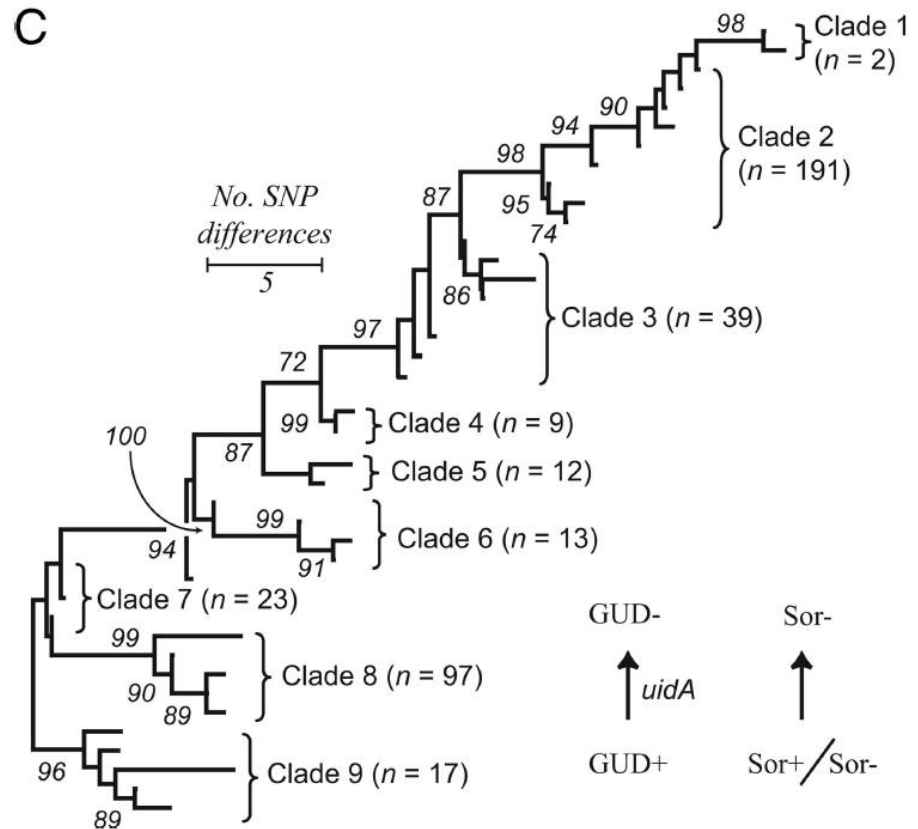
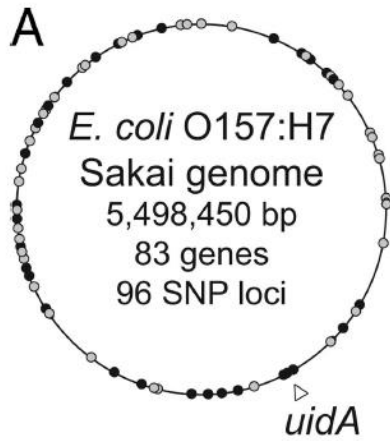
b Concatenation

Super locus

species1_a ATCGA...
species1_b ATGGA...
species2_a TTGGG...
species2_b ACCTG...
species3 ACCTG...

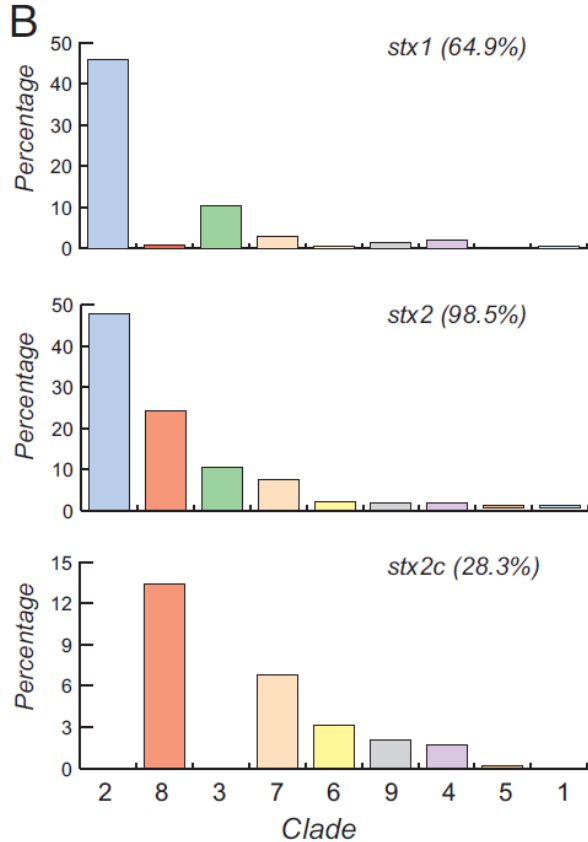


γ -Proteobacteria



→ Identification de 9 clades

γ -Proteobacteria



→ La distribution de la toxine Shiga parmi les 9 clades n'est pas stochastique

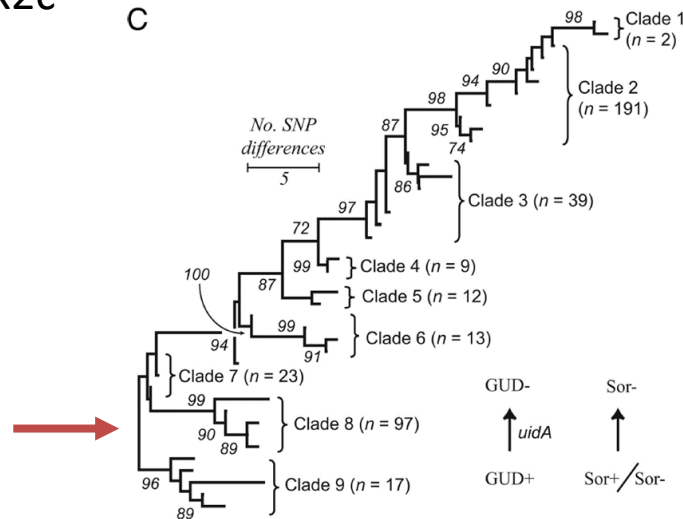
→ Le clade 8 est unique car le plus souvent code pour Stx2c et Stx2

→ Différence de virulence entre les clades ?

γ-Proteobacteria

Strain*	Year	SG	Clade	Outbreak	No. of cases	No. of hospitalizations (%)	No. of HUS (%)	Ref(s).
Sakai†	1996	1	1	Radish sprouts, Sakai, Japan	5,000–12,680	398–425 (3–5)	0–122 (0–3)	13–15
93-111	1993	9	2	Hamburger, northwest U.S.	583	171 (29)	41 (7)	4
EDL-933	1982	12	3	Hamburger, Michigan and Oregon	47	33 (70)	0 (0)	36
TW14359	2006	30	8	Spinach, western U.S.	204	104 (51)	31 (15)	37
TW14588	2006	30	8	Lettuce, eastern U.S.	71	53 (75)	8 (11)	7
350 O157 outbreaks in the U.S. (1982–2002)					8,598	1,493 (17)	354 (4)	3

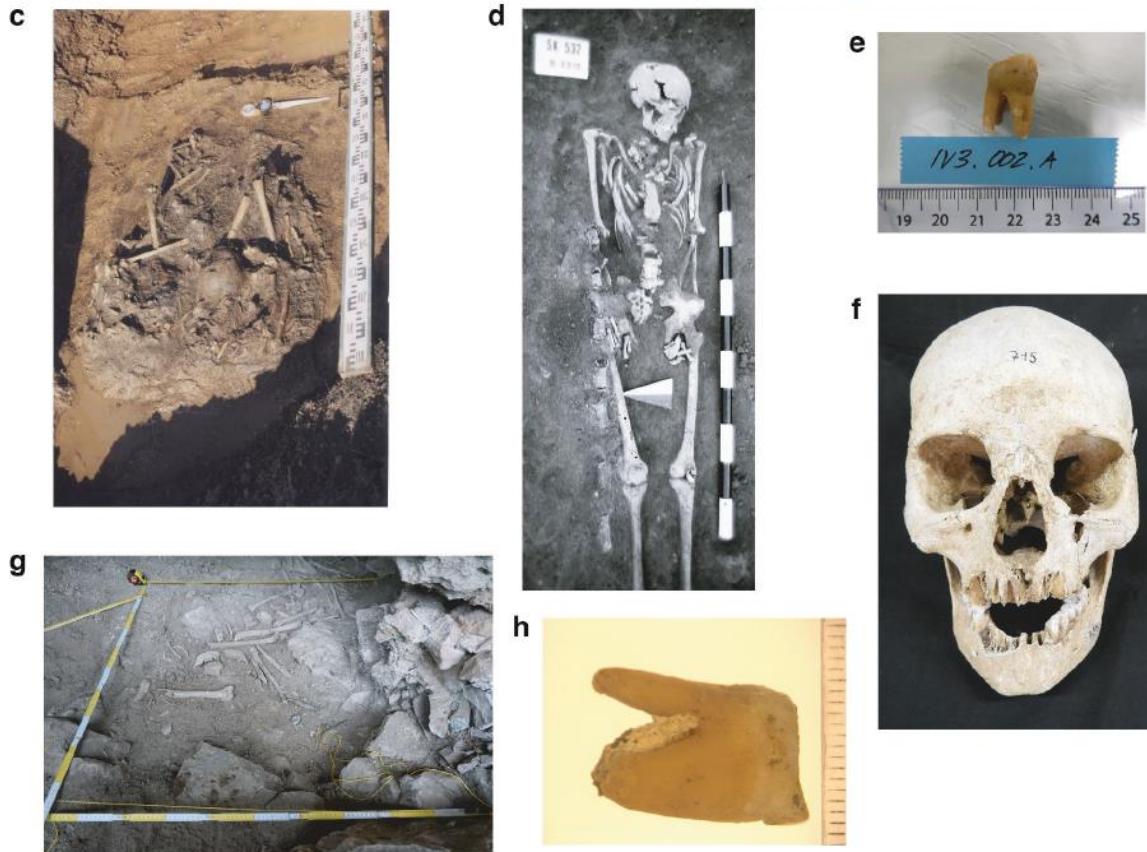
→ LE clade 8 est le plus virulent (mesuré en tant que % de forme hémorragique), cependant ce clade est parmi les plus ancestraux – 1984, et code déjà à cette époque pour *stx2c*



→ LE clade 8 a récemment acquis des nouveaux facteurs qui contribuent à sa virulence

γ -Proteobacteria

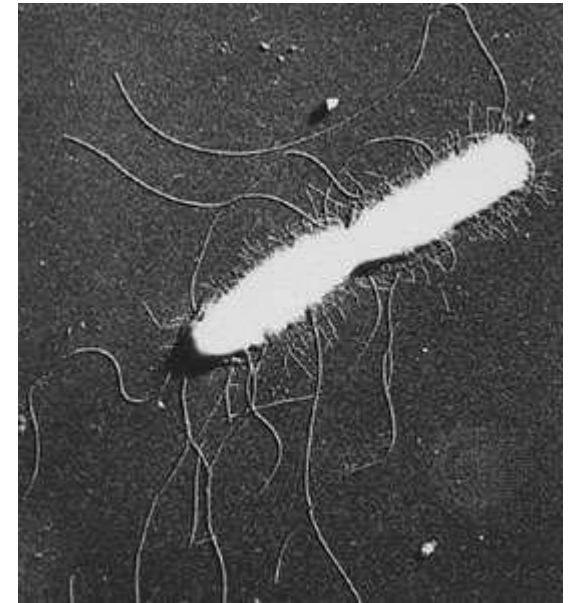
→ A l'échelle de quelques milliers d'années ... évolution de *Salmonella enterica*



Les spécimens archéologiques comportant *S. enterica*

γ -Proteobacteria

- Paléogénomique microbienne : reconstitution des génomes anciens à partir des prélèvements effectués sur des sites archéologiques et datés de quelques milliers d'années
- *Salmonella enterica* : infections systémiques ou gastroentérites, 200,000 décès par an, infecte également les porcs
- Hypothèse : transfert des porcs vers les humains (zoonose) il y environ 4000 ans
- Transition culturelle vers une société sédentaire et agricole en Europe



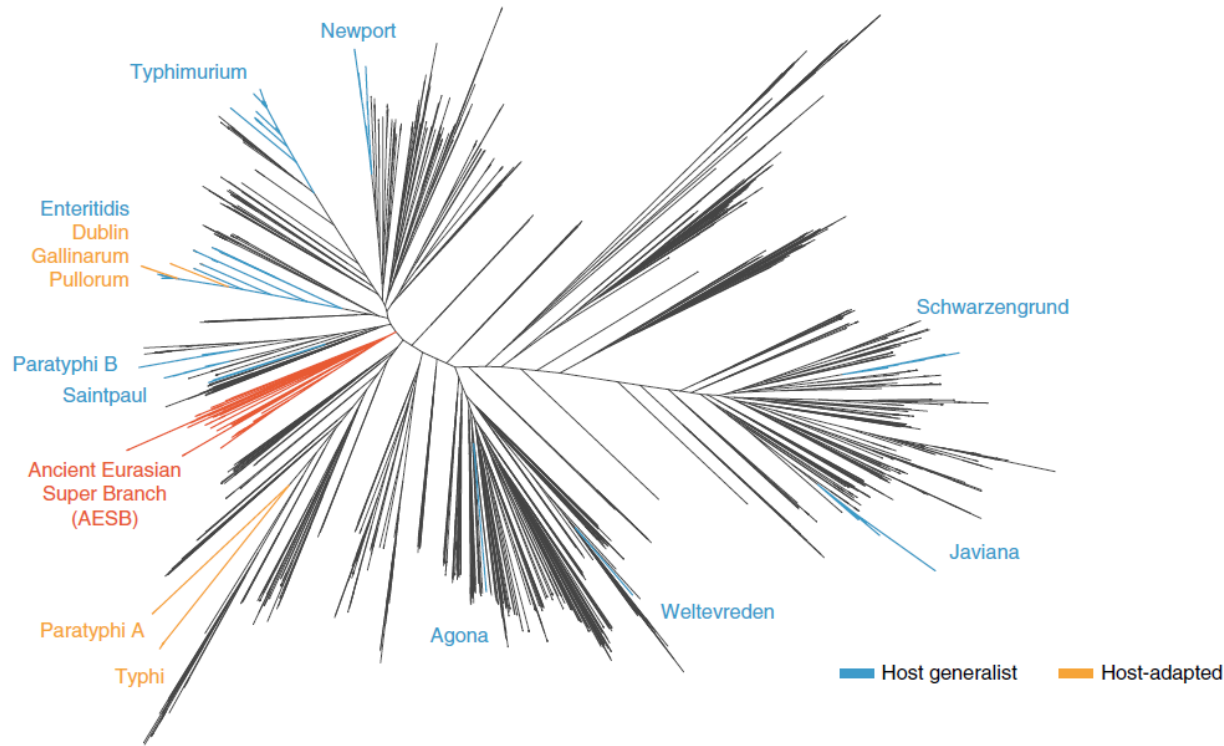
γ-Proteobacteria



- Etape 1 : Recherche des séquences spécifiques *S. enterica* dans les métagénomés reconstitués à partir des restes humains de l'époque néolithique
- Etape 2 : Enrichissement de l'ADN de *S. enterica* dans les échantillons positifs et séquençage

γ-Proteobacteria

→ Analyse phylogénétique : Maximum vraisemblance sur 182,645 SNP, 2961 génomes modernes

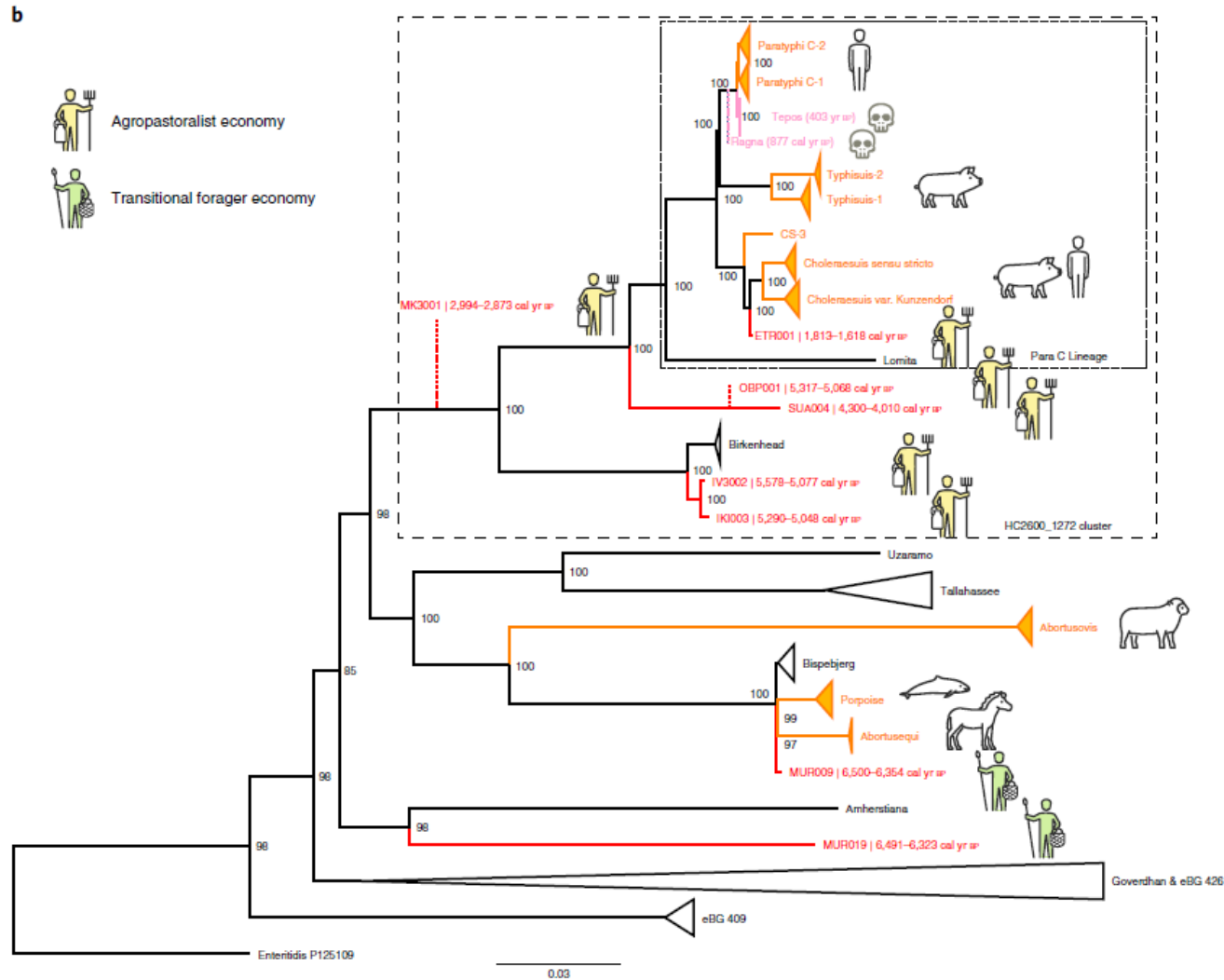


→ Tous les génomes anciens (en rouge) sont regroupés au sein d'un seul clade seulement
60 serovars modernes (sur 2500 connus) font partie de ce clade

→ Toutes les infections anciennes ont été causés par un petit nombre des serovars
suggérant une diversification importante de *S. enterica* depuis 4000 ans

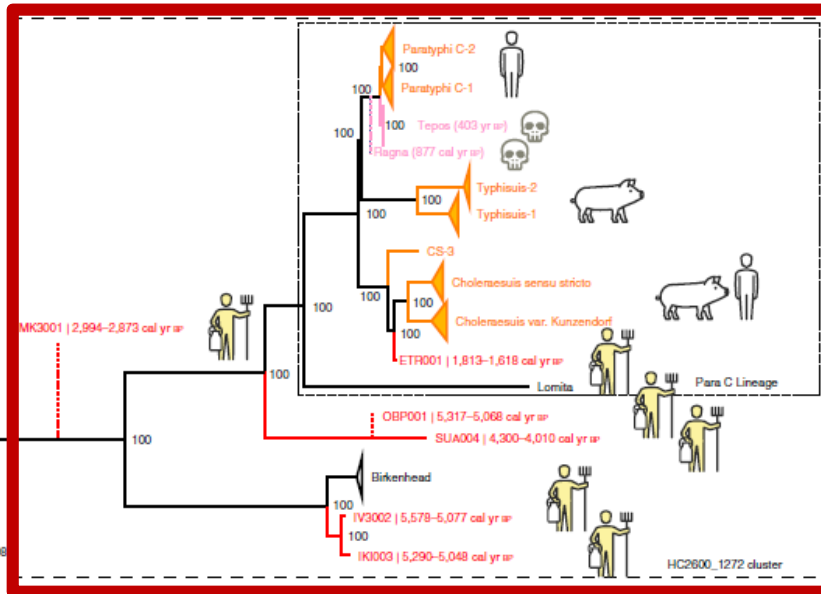
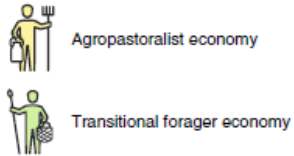
γ-Proteobacteria

→ Analyse phylogénétique : Maximum vraisemblance sur 37,040 SNP dans le « core genome », les génomes anciens en rouge et rose



γ-Proteobacteria

b



→ La quasi-totalité des génomes anciens sont trouvés au sein du clade qui comporte des souches modernes pathogènes pour l'homme ou pour les porcs

→ Ces génomes sont tous prélevés sur les restes des agriculteurs

→ L'émergence des souches pathogènes est en lien avec la transformation culturelle des humains

Enteritidis P125109

0.03

γ -Proteobacteria

Le géant parmi les bactéries:

Thiomargarita namibiensis

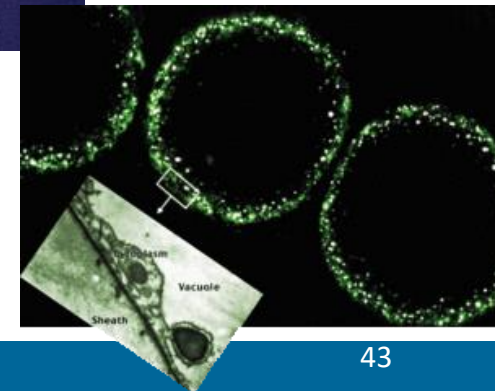
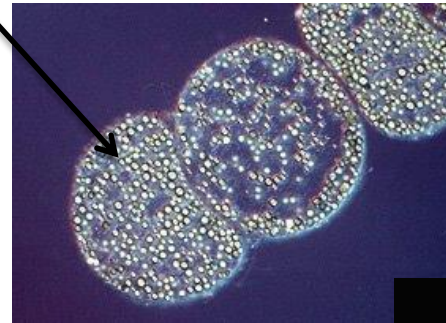
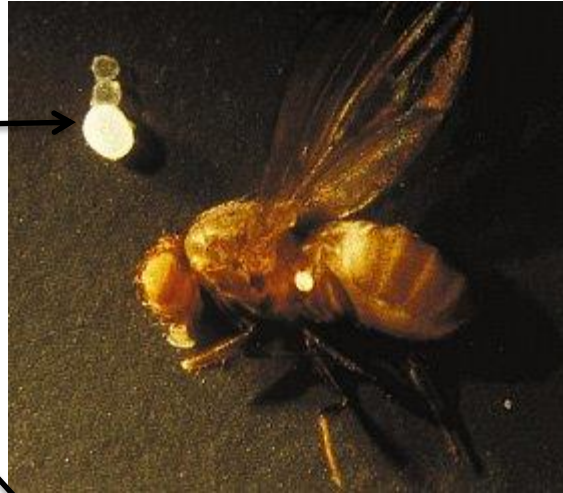
"Sulfur pearl of Namibia"

-chimolithotrophe utilisant le soufre pour son métabolisme

-diamètre d'une cellule jusqu'à 1 mm!

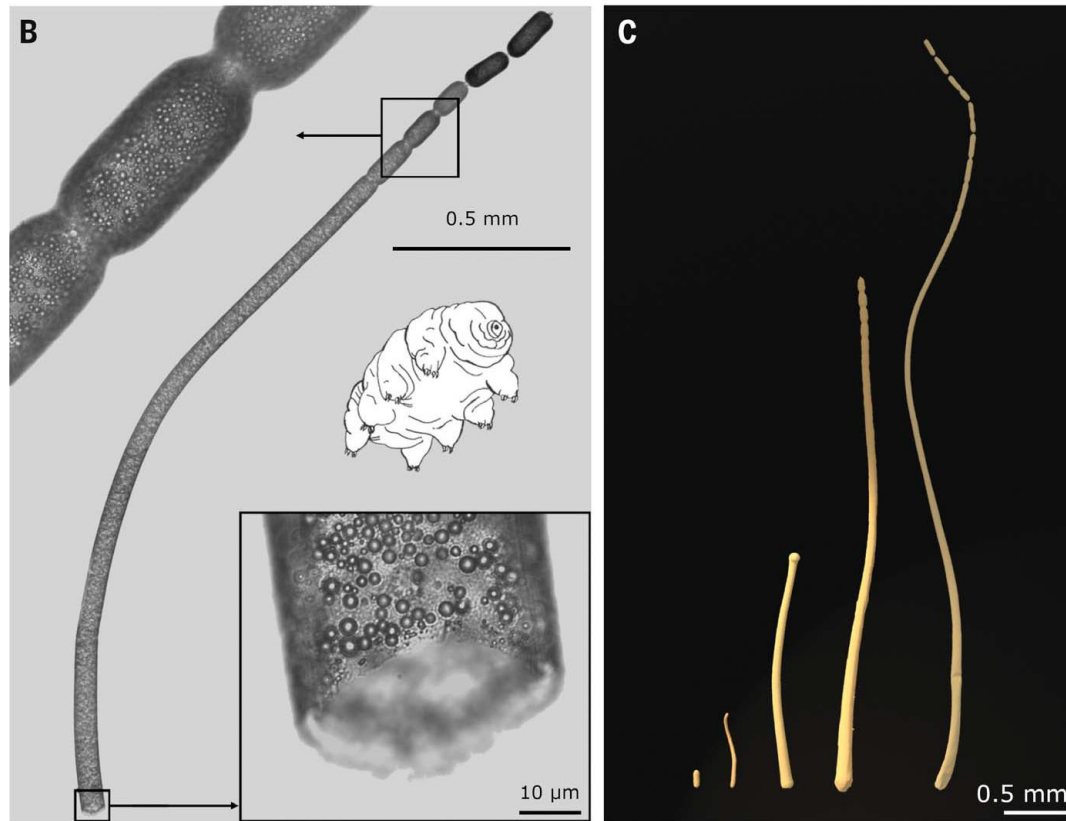
-la plus grande des procaryotes actuellement connus $\rightarrow 3 \times 10^6$ le volume d'une bactérie de taille « classique » \rightarrow le rapport surface/volume incompatible avec échange de la matière via diffusion?

- quasi l'intégralité du volume (98%) d'une cellule correspond à la « vacuole » – stockage de nitrates (10000x) et de soufre – provisions pour 3 mois



γ -Proteobacteria

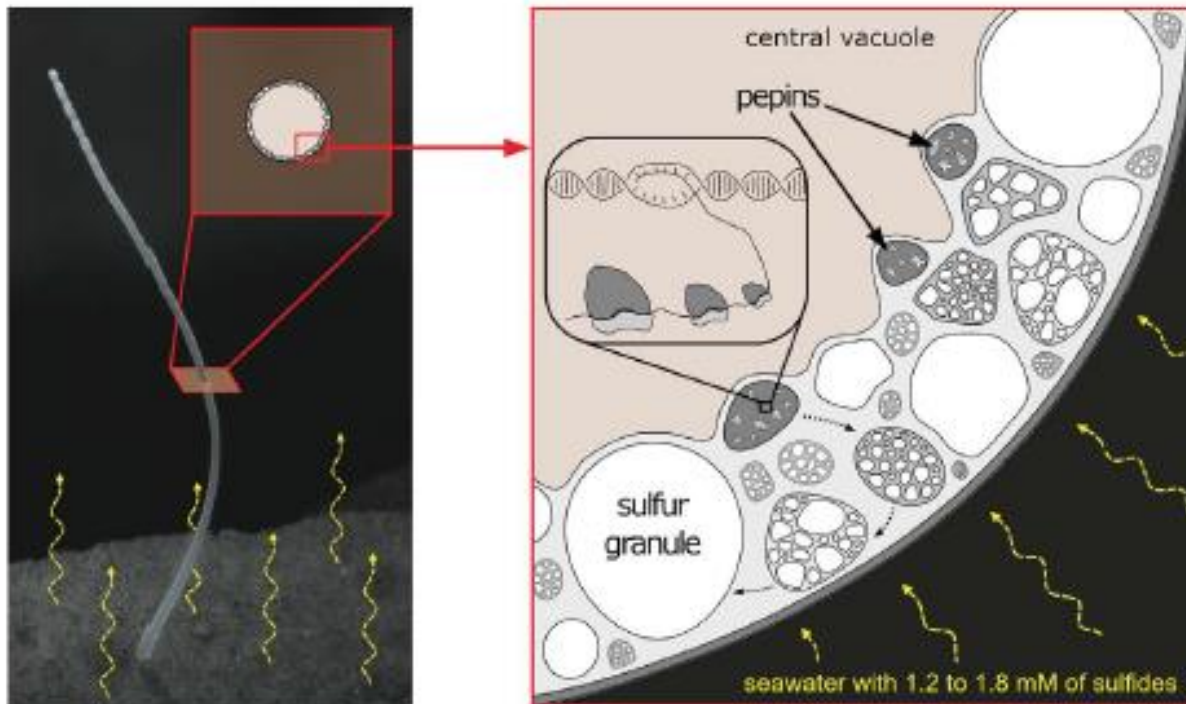
Thiomargarita magnifica



- > 500,000 copies de génome !
- Cycle de reproduction dimorphe
- Ségrégation asymétrique des chromosomes
- génome et l'appareil traductionnel dans des compartiments entourés de membrane (« pepins »)

Volland et al., 2022, Science

γ -Proteobacteria



Volland et al., 2022, Science

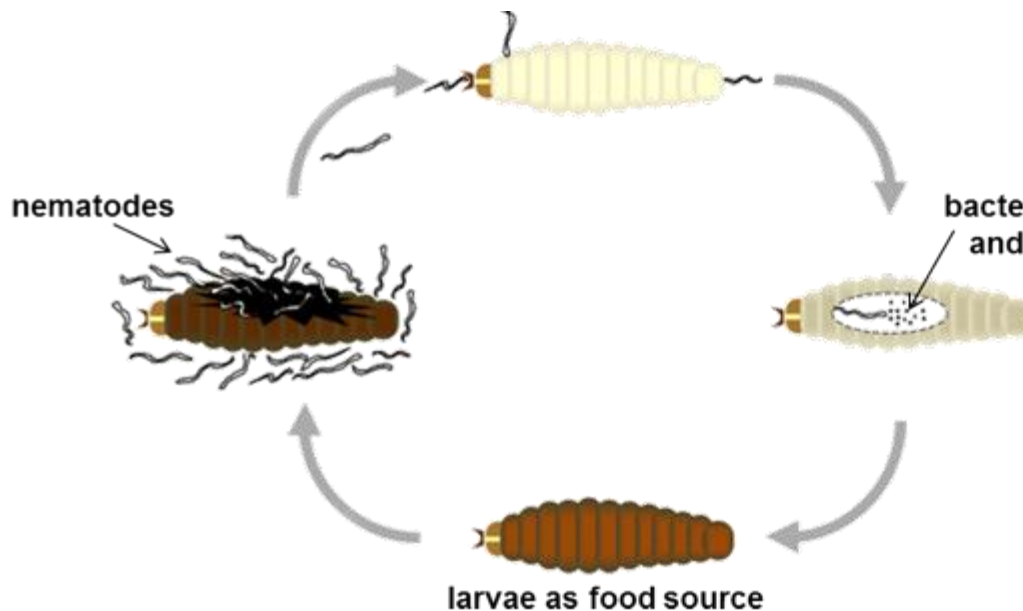
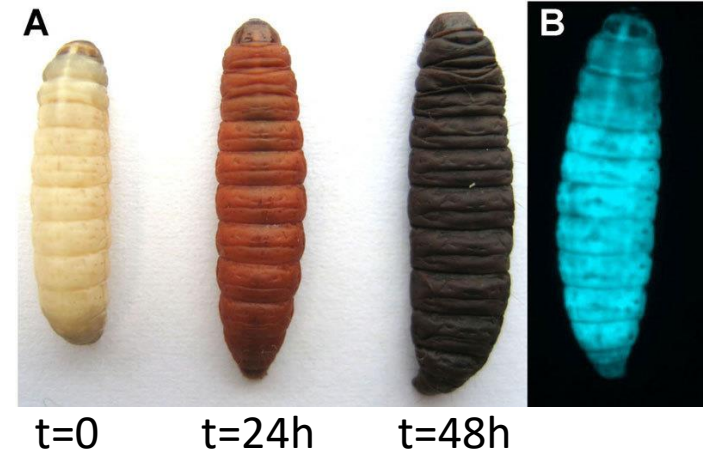
γ -Proteobacteria

CURRICULUM VITAE

Nom: *Photorhabdus luminescens*

Etat civil: en ménage avec un nématode

Profession: assassin

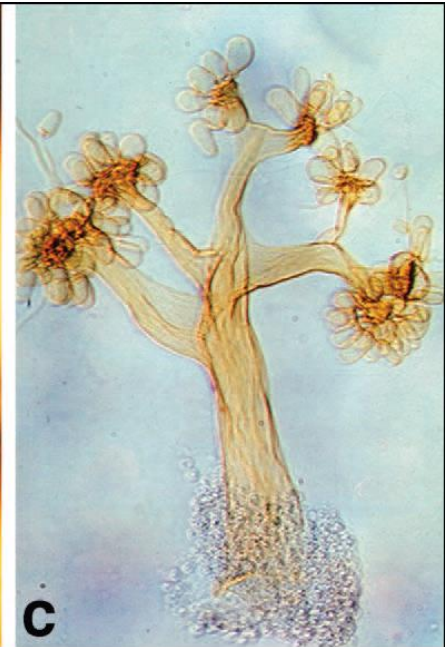
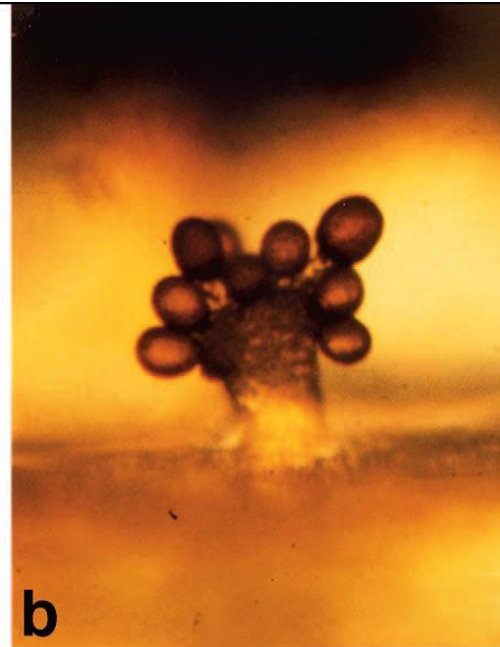
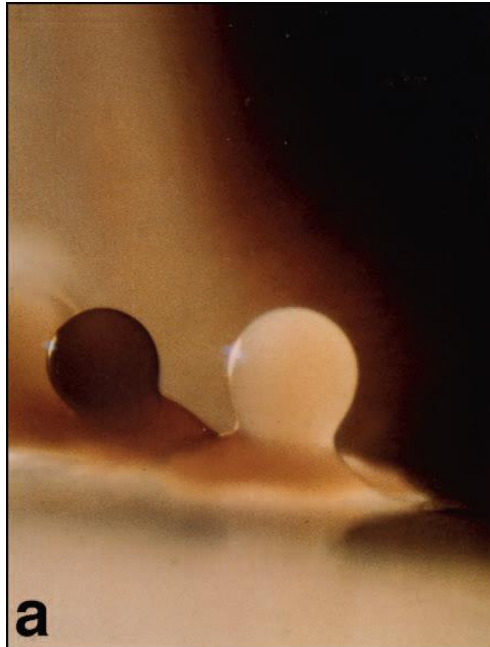


sécrétion d'une multitude des enzymes digestives, toxines, composés antibactériens → « angels glow »

model d'étude: c'est au même temps un organisme pathogène (pour les insectes) et un organisme mutualiste (pour le nématode)

-utilisé comme insecticide naturel

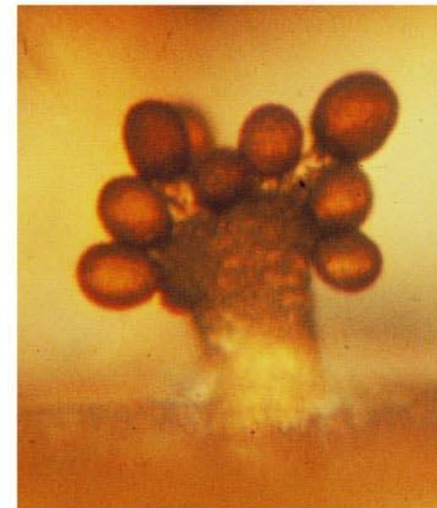
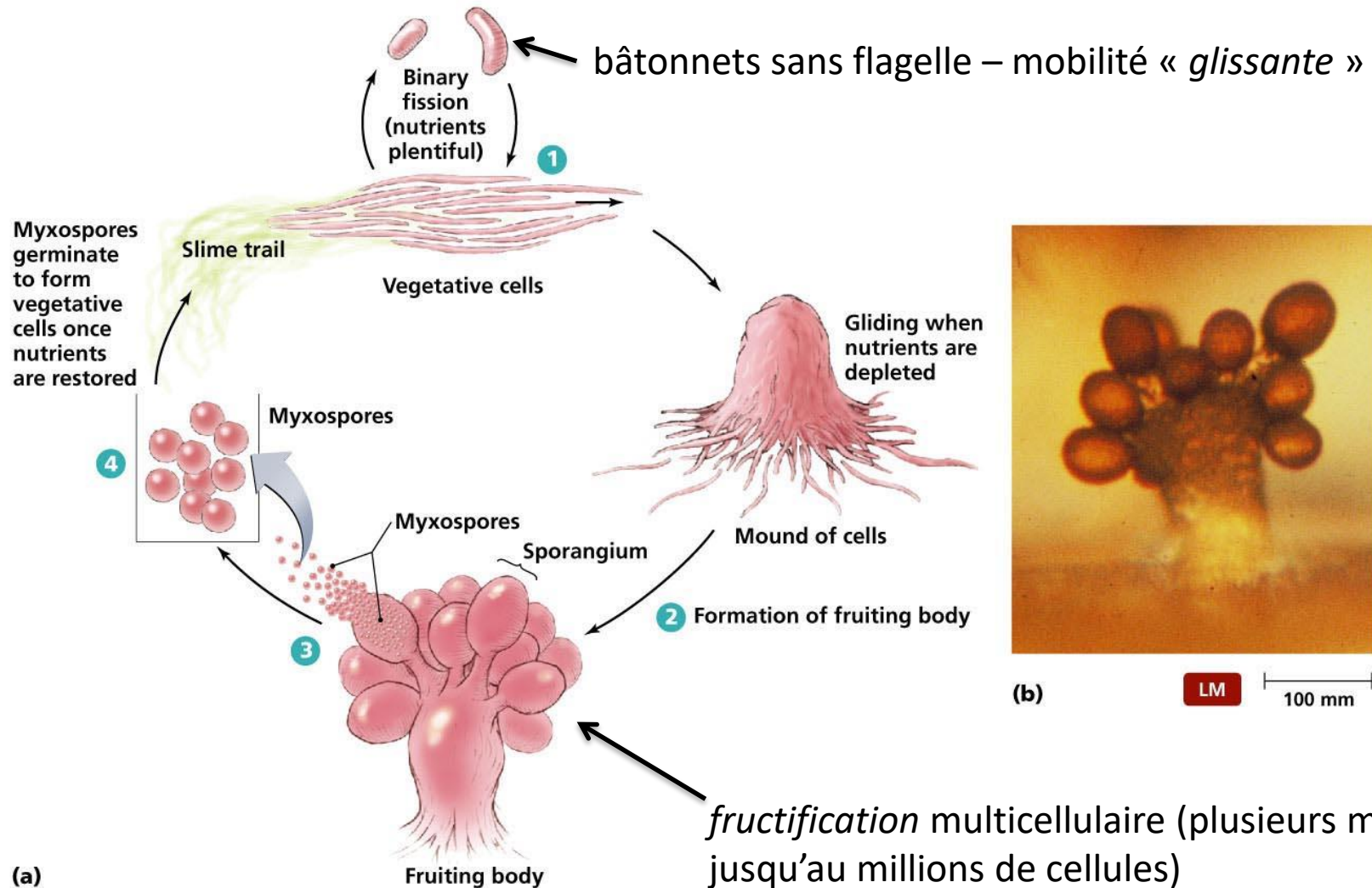
Bacteria???



δ-Proteobacteria

Myxobactéries

→ bactéries prédatrices qui se nourrissent d'autres bactéries



(b) LM 100 μm

fructification multicellulaire (plusieurs milliers jusqu'au millions de cellules)

(a)

Fruiting body

Bacteria

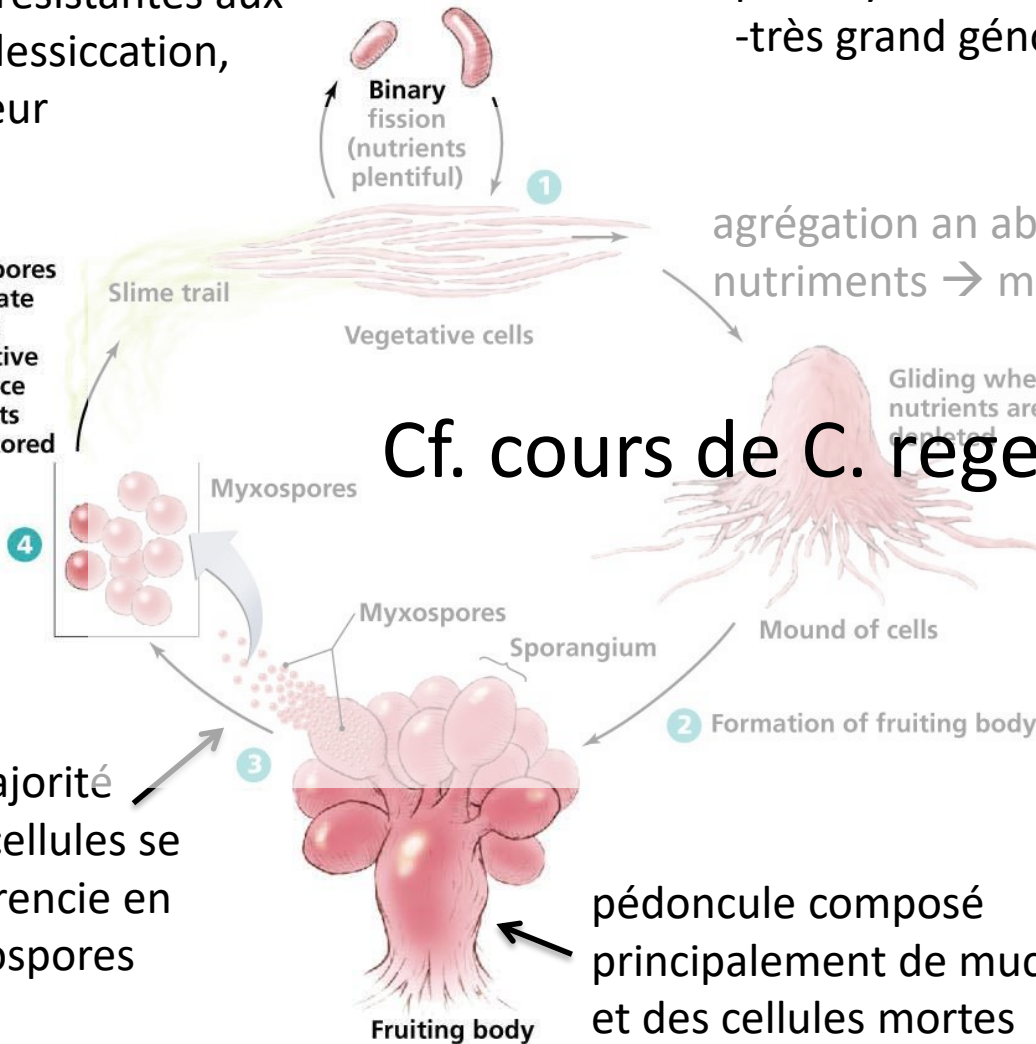
-myxospores sont plus résistantes aux UV, dessiccation, chaleur

-le cycle de développement le plus complexe parmi les prokaryotes
-très grand génome (9.2 Mbp)

agrégation an absence des nutriments → massifs cellulaires

→ communication et différenciation cellulaire

Cf. cours de C. regeard

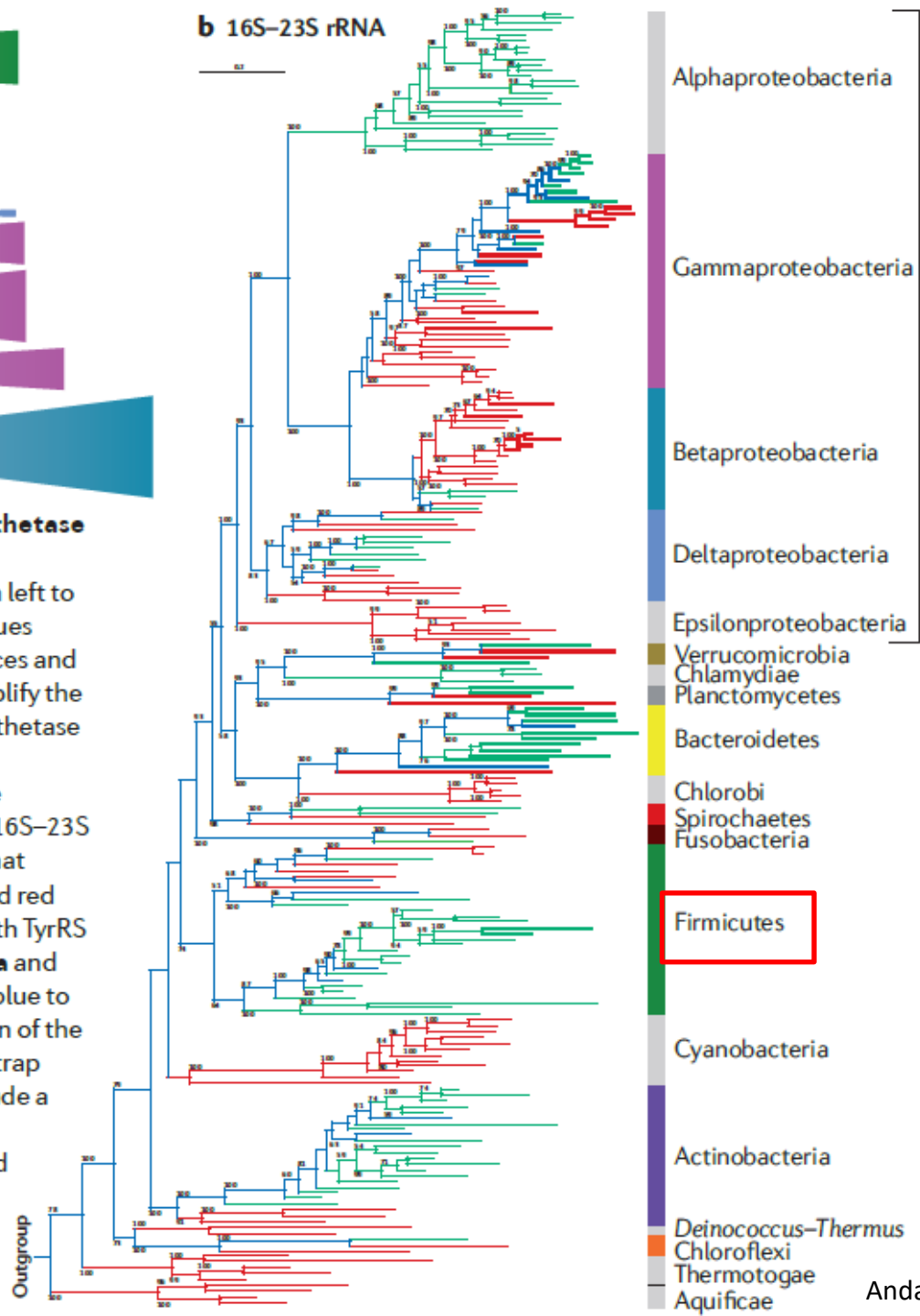


la majorité des cellules se différencie en myxospores

pédoncule composé principalement de mucus et des cellules mortes

(a)

b 16S-23S rRNA



Proteobacteria

firmus, fort
cutis, peau

Bactéries Gram+ ou
monoderme

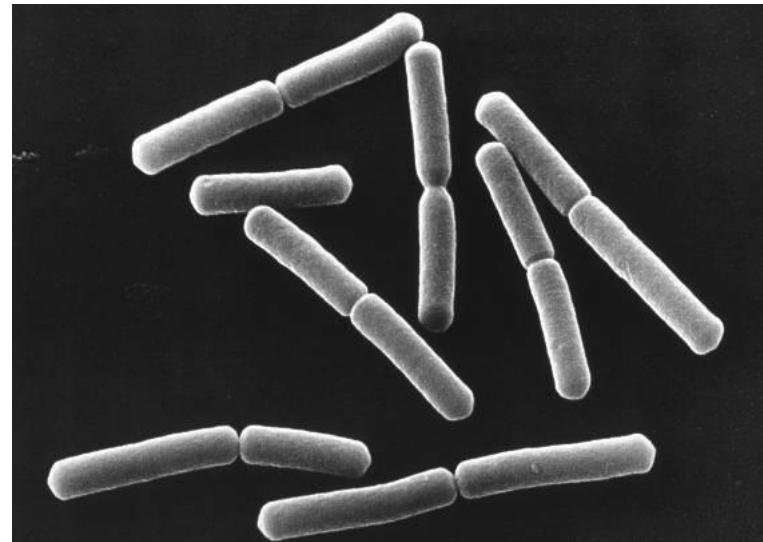
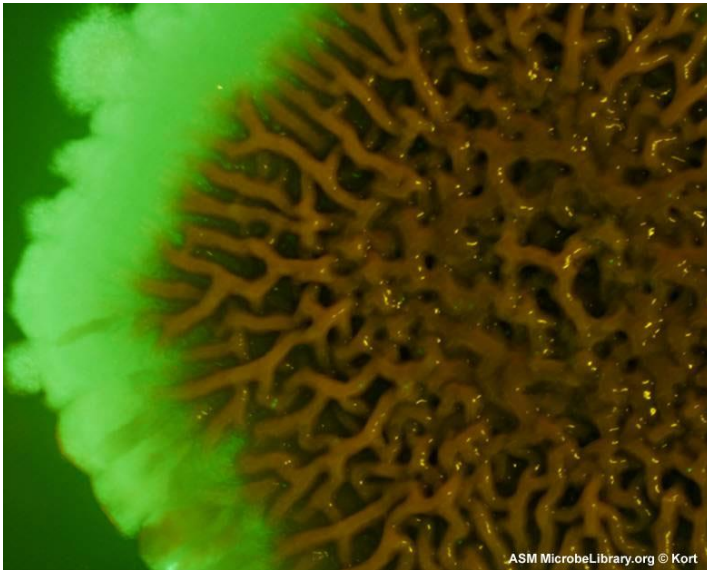
ynthetase
d
om left to
values
ances and
implify the
ynthetase
d
hite
ed 16S-23S
a that
and red
both TyrRS
art **a** and
ed blue to
tion of the
otstrap
clude a
B
acid

Firmicutes

deux sous-divisions:

fort % de G+C (Actinobactéries)

faible % de G+C (Bactéries lactiques, bactéries sporulées)

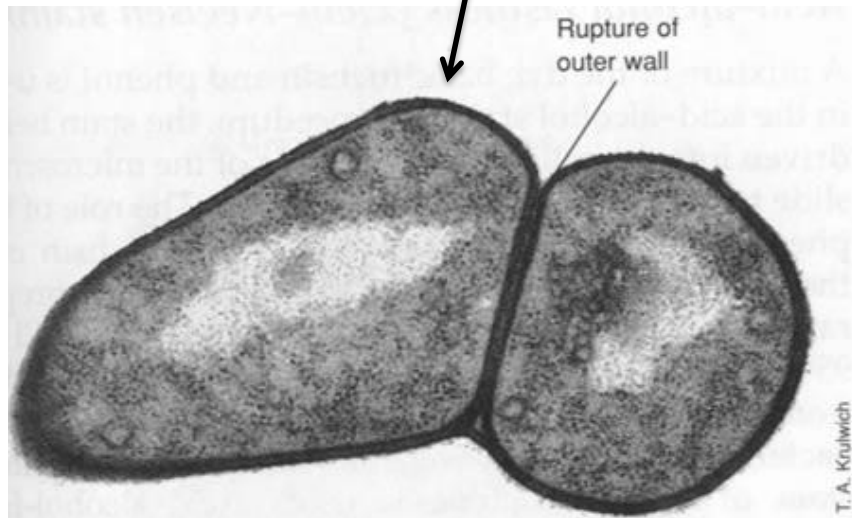


-quasiment tous Gram+, nombreuses espèces forment des endospores

Firmicutes - fort % G+C

Actinobactéries:

- corynéformes et propioniques
- filamenteuses



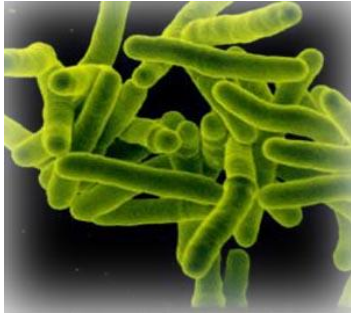
-corynébactéries: double couche de la paroi cellulaire



-les bactéries propioniques interviennent dans la fabrication du fromage

Firmicutes - fort % G+C

Mycobacterium



Robert Koch, Nobel Laureate, 1905.



- identification de *M. tuberculosis* comme agent causatif de la tuberculose
- mise en place de culture sur le milieu solide

Firmicutes - fort % G+C



Robert Koch, Nobel
Laureate, 1905.

"If the importance of a disease for mankind is measured by the number of fatalities it causes, then tuberculosis must be considered much more important than those most feared infectious diseases, plague, cholera and the like. One in seven of all human beings dies from tuberculosis." R. Koch

→ à présent 2 million décès chaque année!

Global phylogeography of *Mycobacterium tuberculosis* and implications for tuberculosis product development

Sebastien Gagneux, Peter M Small

“It is profoundly disturbing that the means of combating tuberculosis—a disease that kills someone every 16 seconds—are a 100-year-old diagnostic test, a vaccine that was developed 80 years ago, and drugs that have remained fundamentally unchanged for the past 40 years.”

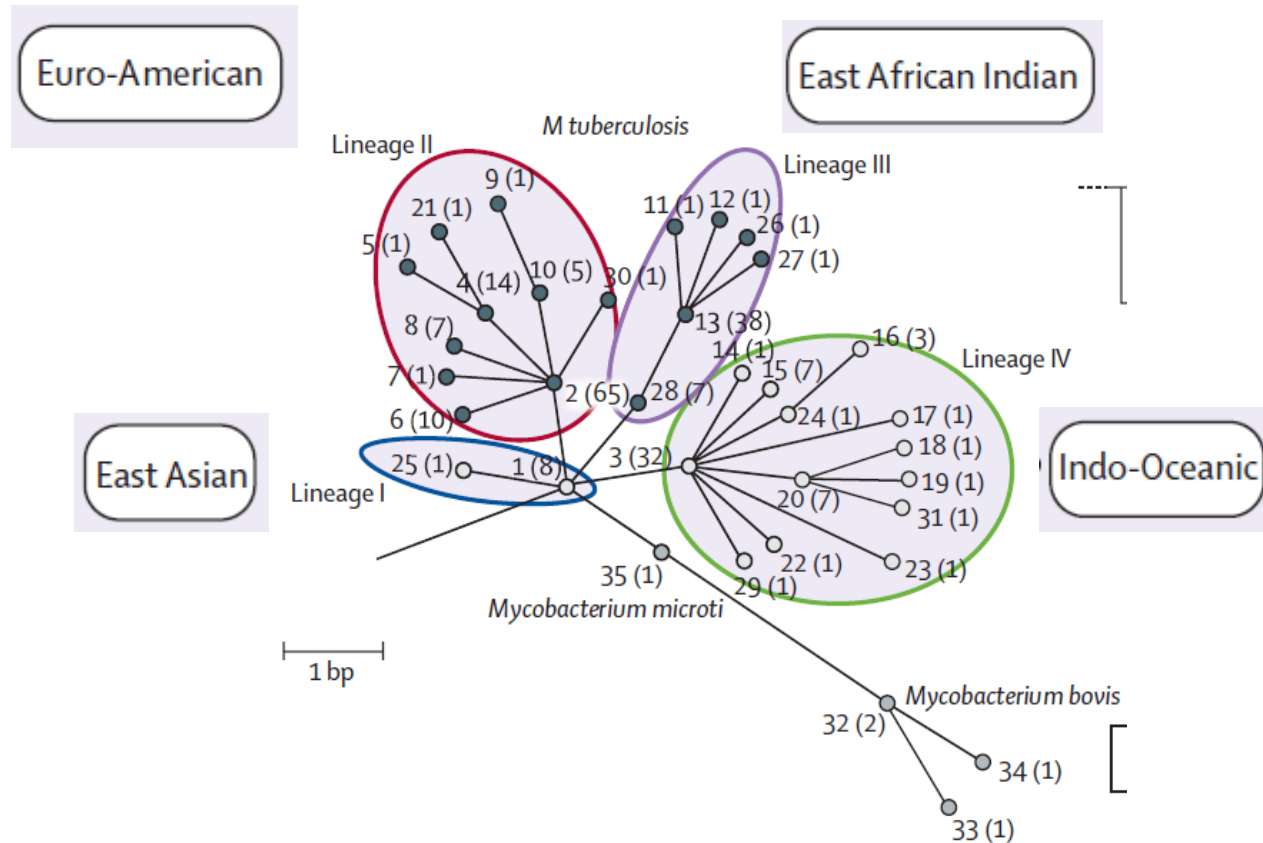
→ Nouveaux traitements sont nécessaires rapidement

Gagneux S & Small PM. 2007, Lancet Infect Dis. 7(5):328-37.

Firmicutes - fort % G+C

- Classification biogéographique des différentes souches de *M. tuberculosis* afin de développer de nouveaux traitements et mieux répartir les traitements existants
- Utilisation des SNP comme marqueurs phylogénétiques possible car la variation génétique entre les différentes souches est faible (probabilité que la même mutation n'est pas homologue est faible)

Firmicutes - fort % G+C



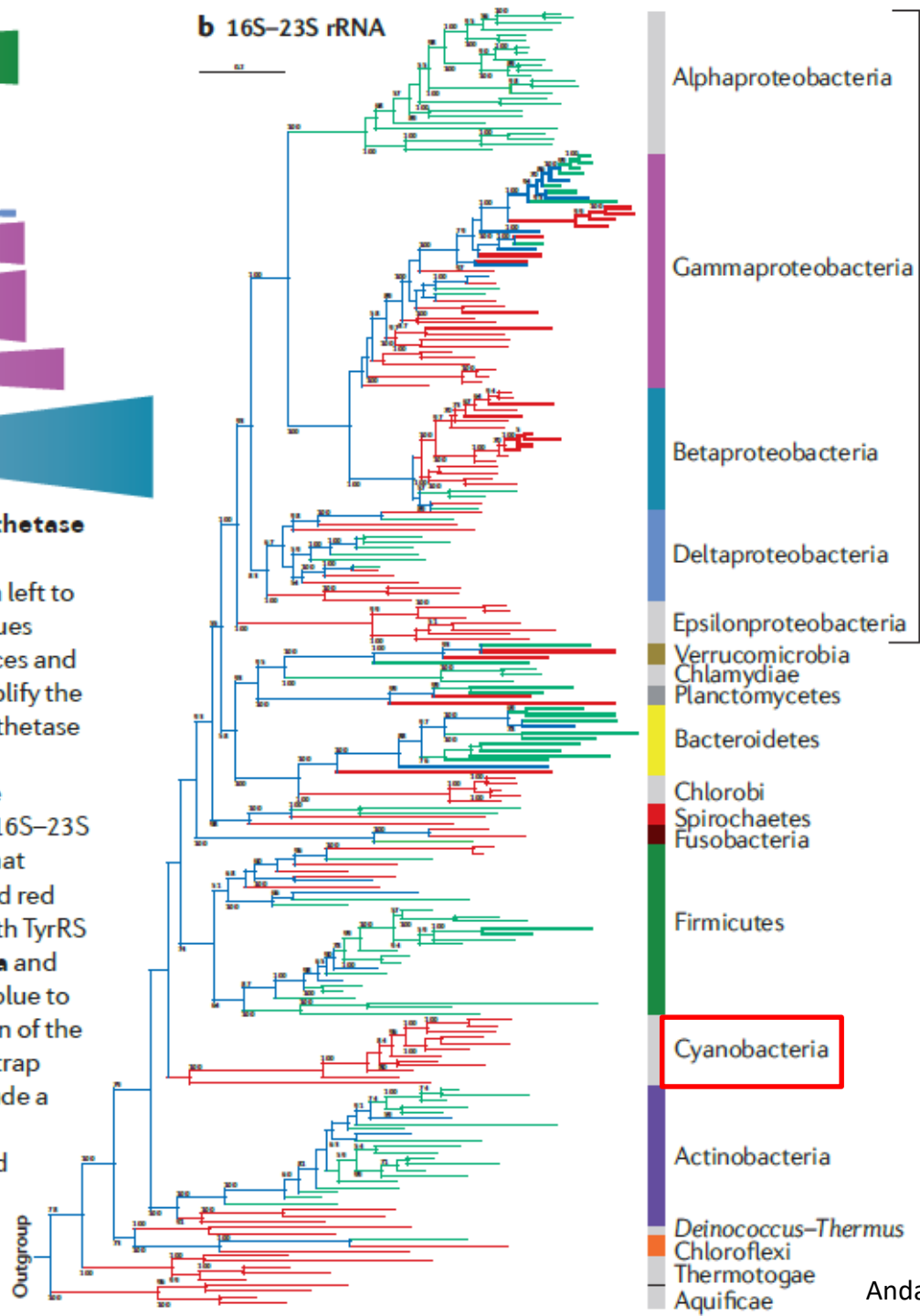
→ La population de *M. tuberculosis* est structuré phylogéographiquement – quelle implication pour les traitements ?

Firmicutes - fort % G+C



- L'efficacité du vaccin BCG varie de 0 à 80%. Le fond génétique des différents souches peut, en partie, expliquer ces différences.
- Des travaux montrent que l'efficacité du vaccin est moindre pour la souche « Beijing » comparé avec la souche de laboratoire
- Quelle souche utiliser pour la fabrication du vaccin ? Actuellement *Mycobacterium bovis* est utilisé.

b 16S-23S rRNA

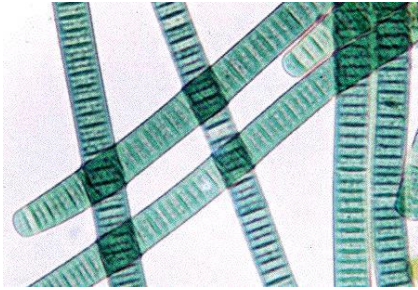


Proteobacteria

ynthetase
d
om left to
values
ances and
implify the
ynthetase
d
hite
ed 16S-23S
a that
and red
both TyrRS
art **a** and
ed blue to
tion of the
otstrap
clude a
B
acid

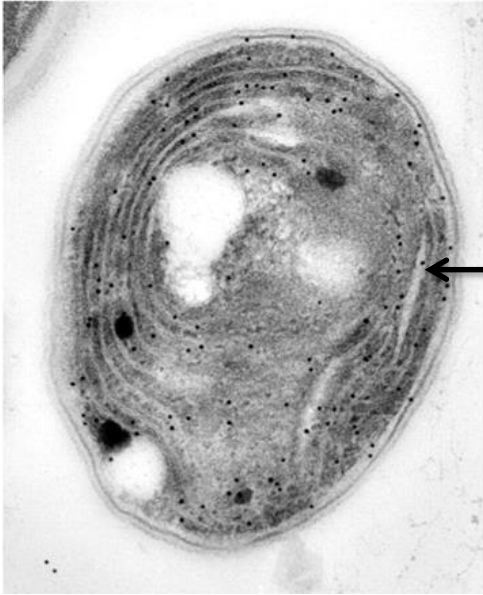
Cyanobactéries

- bactéries phototrophes *oxygéniques*
- groupe très diverse, formes monocellulaires et filamenteuses



“If you notice anything resembling cyanobacteria, please refrain from wading, swimming, or drinking the water. Keep all pets out of the water and contact DES immediately. Please call DES to report a cyanobacteria bloom at...”

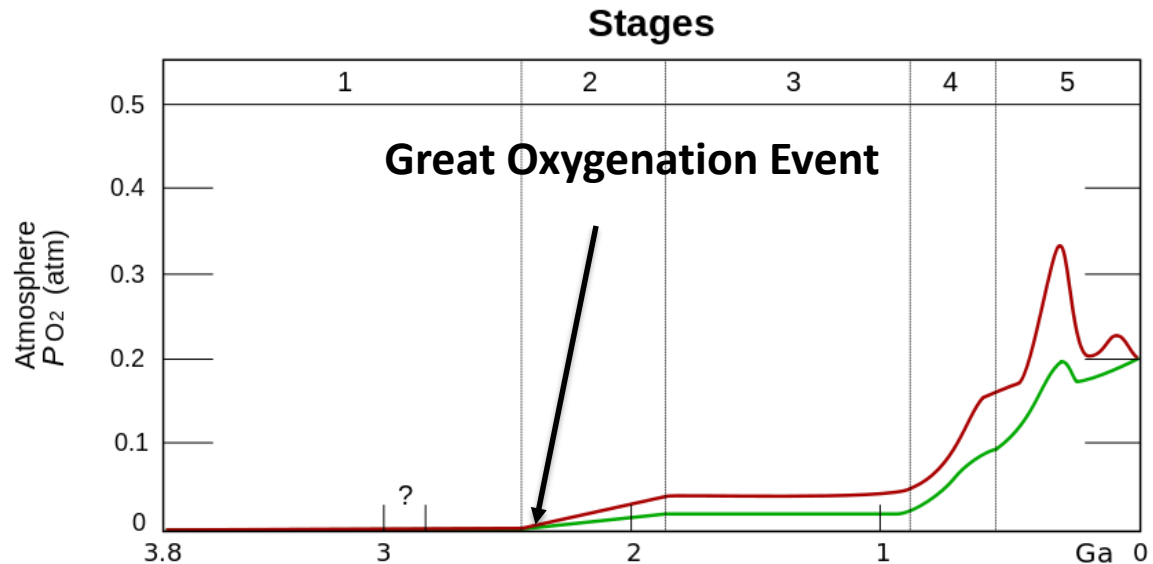
Cyanobactéries



les membranes
photosynthétiques
(thylacoïdes)

chlorophylle a (vert)
phycobilines (pigment, bleue)

Les Cyanobactéries ont modifié
l'atmosphère terrestre (en apportant
l'oxygène) il y a environ 2,3 milliards
d'années



Cyanobactéries

Proc. Nat. Acad. Sci. USA
Vol. 72, No. 6, pp. 2418-2422, June 1975

Phylogenetic Origin of the Chloroplast and Prokaryotic Nature of Its Ribosomal RNA

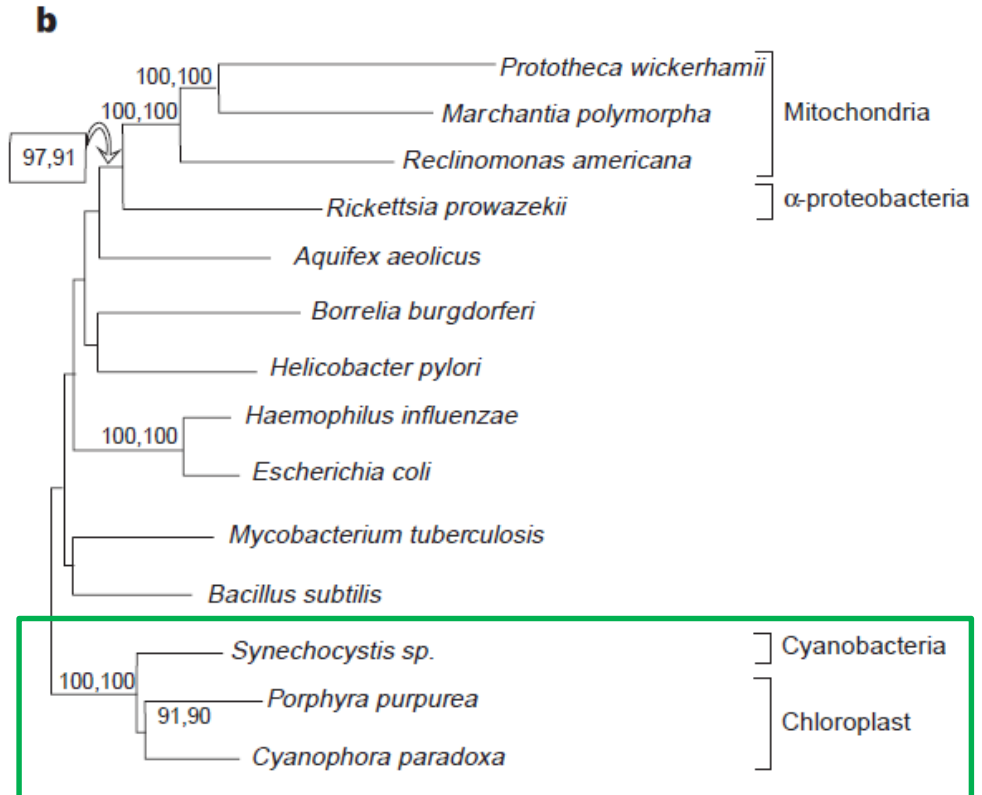
(*Euglena*/16S rRNA/evolution)

L. B. ZABLEN*†, M. S. KISSIL†, C. R. WOESE†‡*, AND D. E. BUETOW†

Departments of † Physiology and Biophysics, ‡ Genetics and Development, and * Microbiology

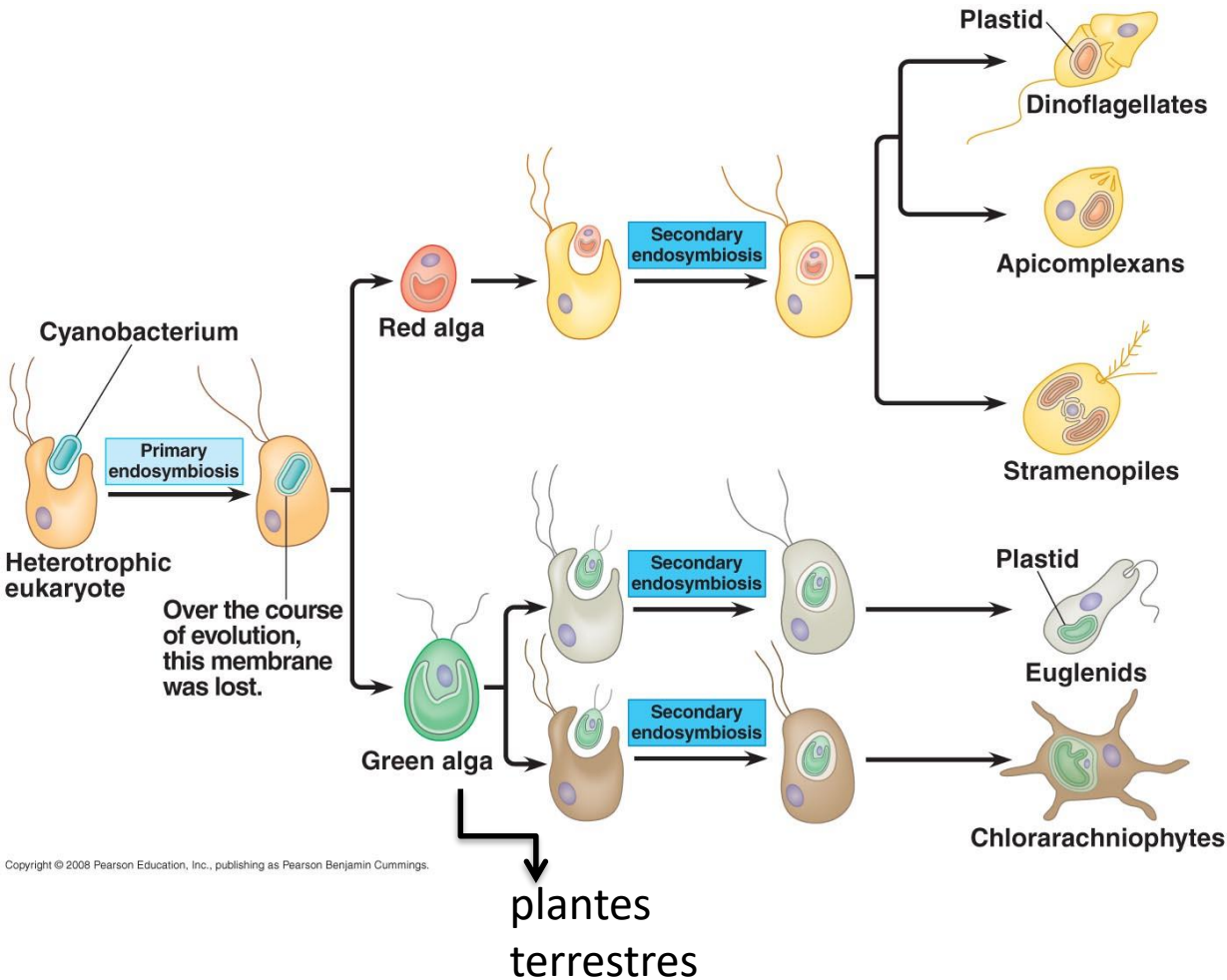
Communicated by C. Ladd Prosser, March 28, 1975

-les chloroplastes sont apparentés aux cyanobactéries → tous les eucaryotes photosynthétiques ont acquis cette capacité à partir des ancêtres des cyanobactéries



Cyanobactéries

L'endosymbiose entre une cyanobactérie ancestrale et une cellule eucaryote est à l'origine des plantes



Cyanobactéries

- seules certains procaryotes peuvent fixer l'azote atmosphérique!
- certaines Cyanobactéries ont la capacité d'effectuer la fixation d'azote *et* la photosynthèse oxygénique!

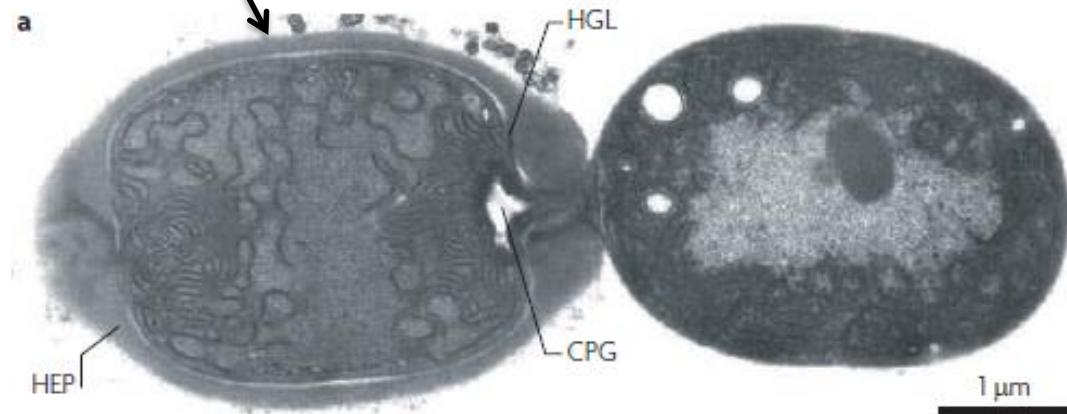


Cyanobactéries

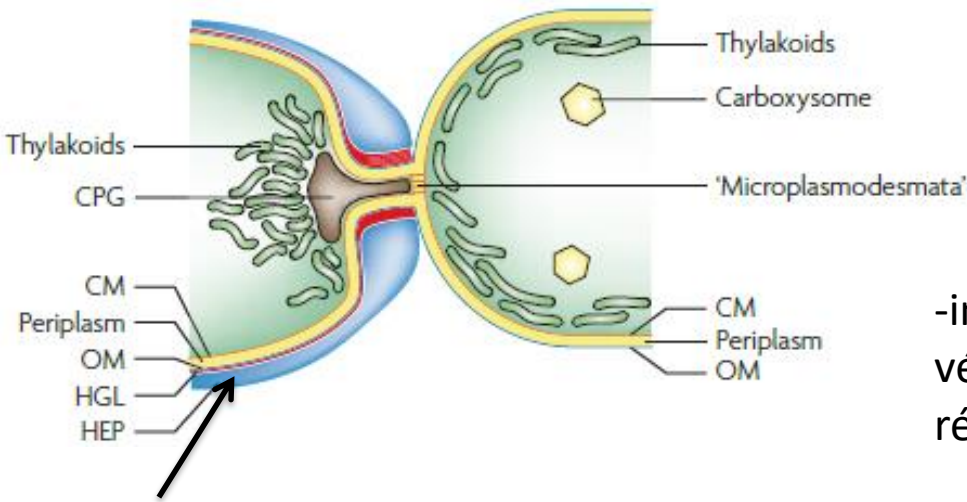
- seules certains procaryotes peuvent fixer l'azote atmosphérique!
- certaines Cyanobactéries ont la capacité d'effectuer la fixation d'azote *et* la photosynthèse oxygénique!
- nitrogénase (*nif*, N_2 réduit en NH_3) est hautement sensible à l'oxygène!?!)
- différentiation des cellules végétatives en *hétérocystes* → cellules spécialisés dans la fixation de N_2 (N_2 réduit en NH_3)



Anabena sp.



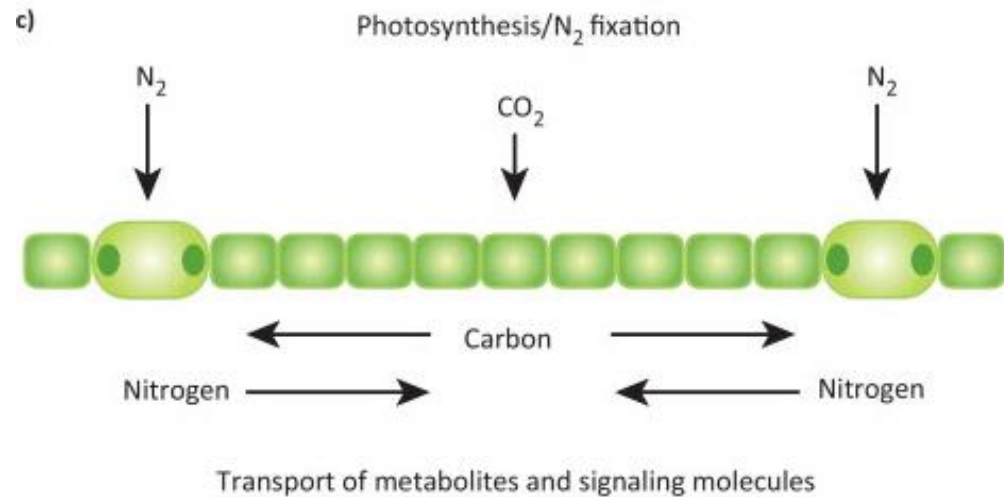
Cyanobactéries



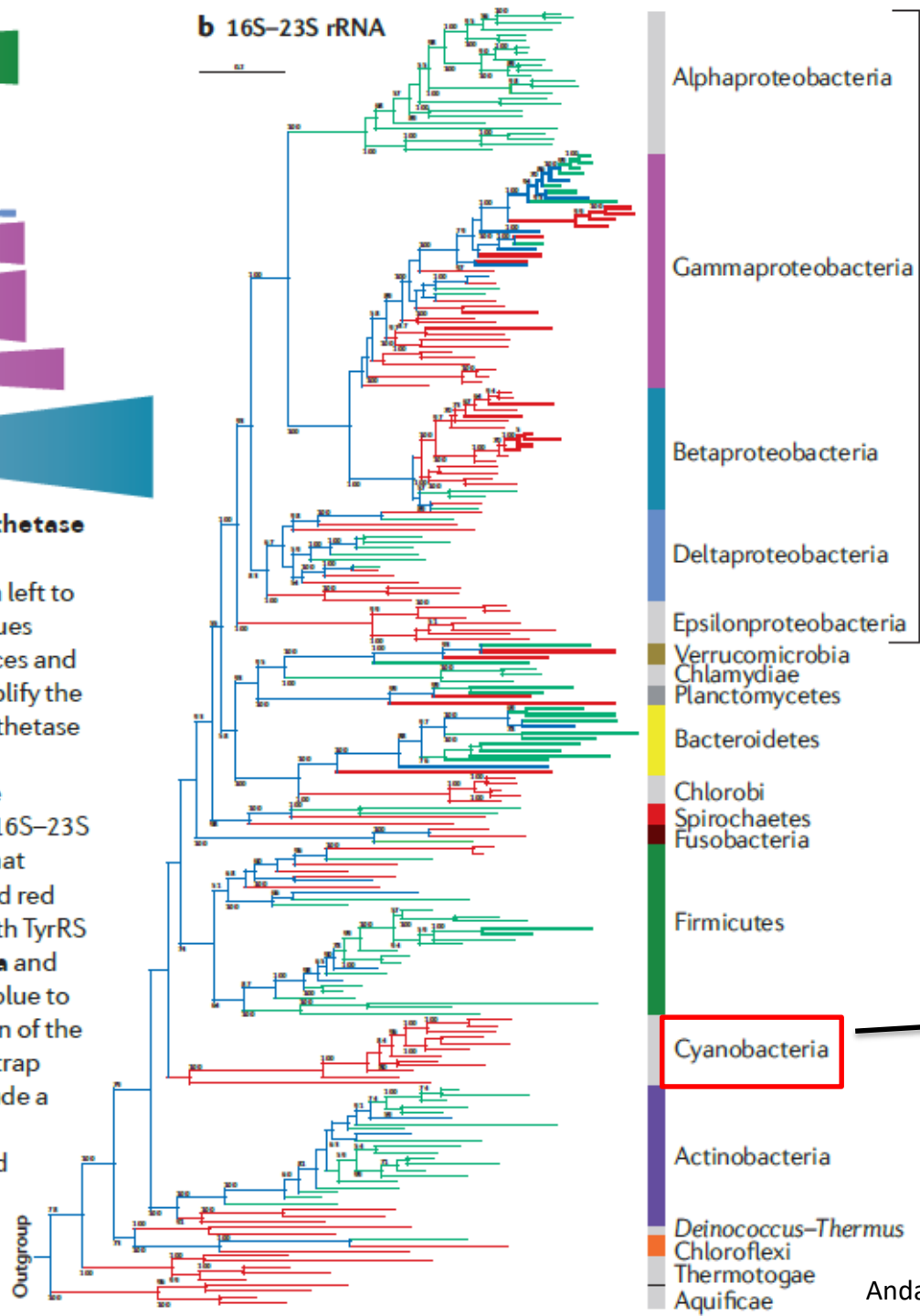
paroi renforcée (glycolipides)
ralenti la diffusion de O_2

-les hétérocystes ne possèdent pas de photosystème II (génération d'oxygène) et ne fixent pas le CO_2

-importation de carbone à partir des cellules végétatives apporte le pouvoir réducteur (N_2 réduit en NH_3)



b 16S-23S rRNA



Proteobacteria

pas de groupe sœur → une
séparation rapide des autres lignées
de bactéries
→ peu est connu sur leur évolution



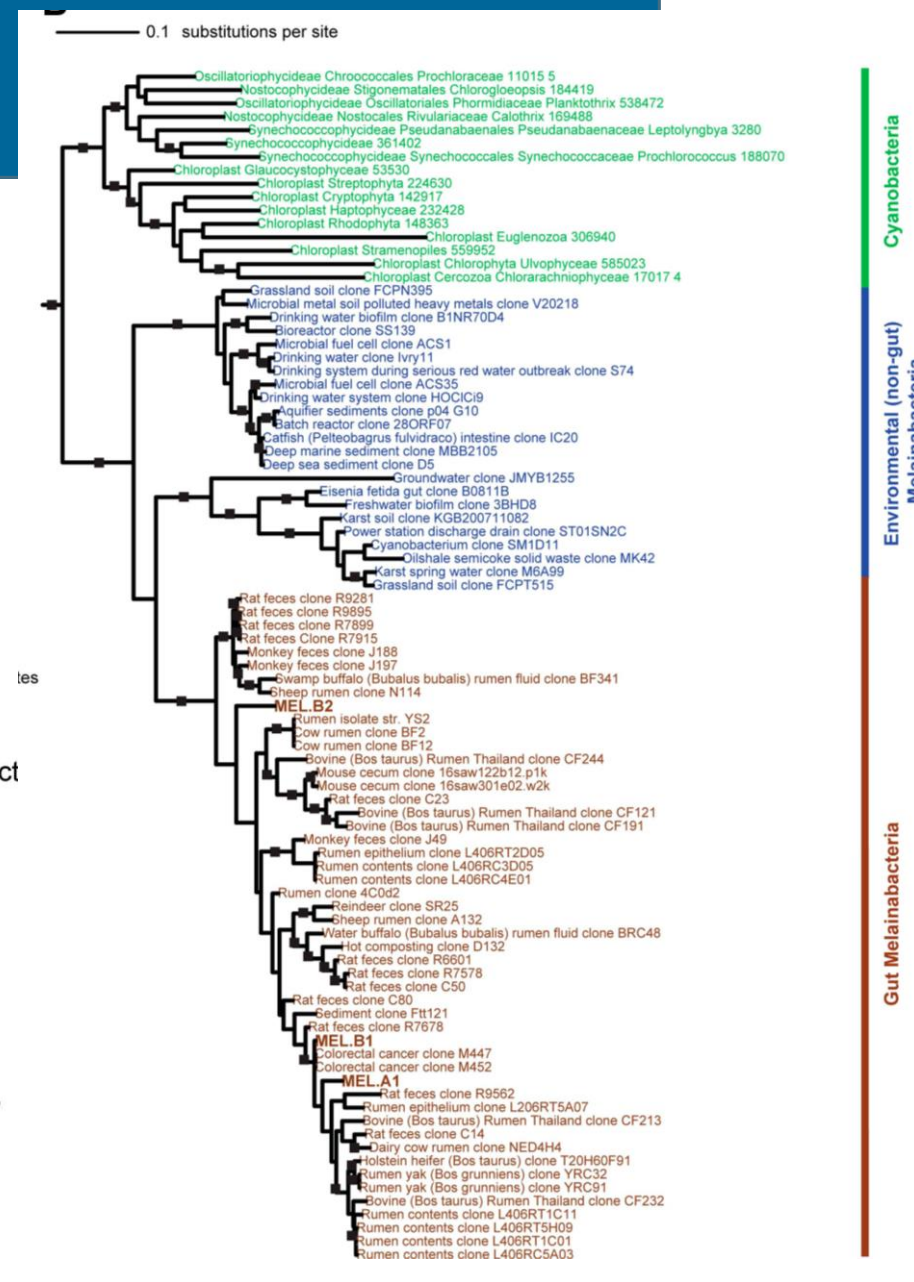


The human gut and groundwater harbor non-photosynthetic bacteria belonging to a new candidate phylum sibling to Cyanobacteria

Sara C Di Rienzi^{1†}, Itai Sharon^{2†}, Kelly C Wrighton², Omry Koren¹, Laura A Hug², Brian C Thomas², Julia K Goodrich¹, Jordana T Bell³, Timothy D Spector³, Jillian F Banfield^{2,4*}, Ruth E Ley^{1*}

-découverte en 2013 des bactéries non- photosynthétiques qui forment un groupe sœur avec les cyanobactéries (16S rDNA)

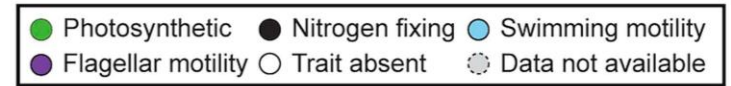
Cyanobactéries



Di Rienzi et al. eLife 2013;2:e01102.

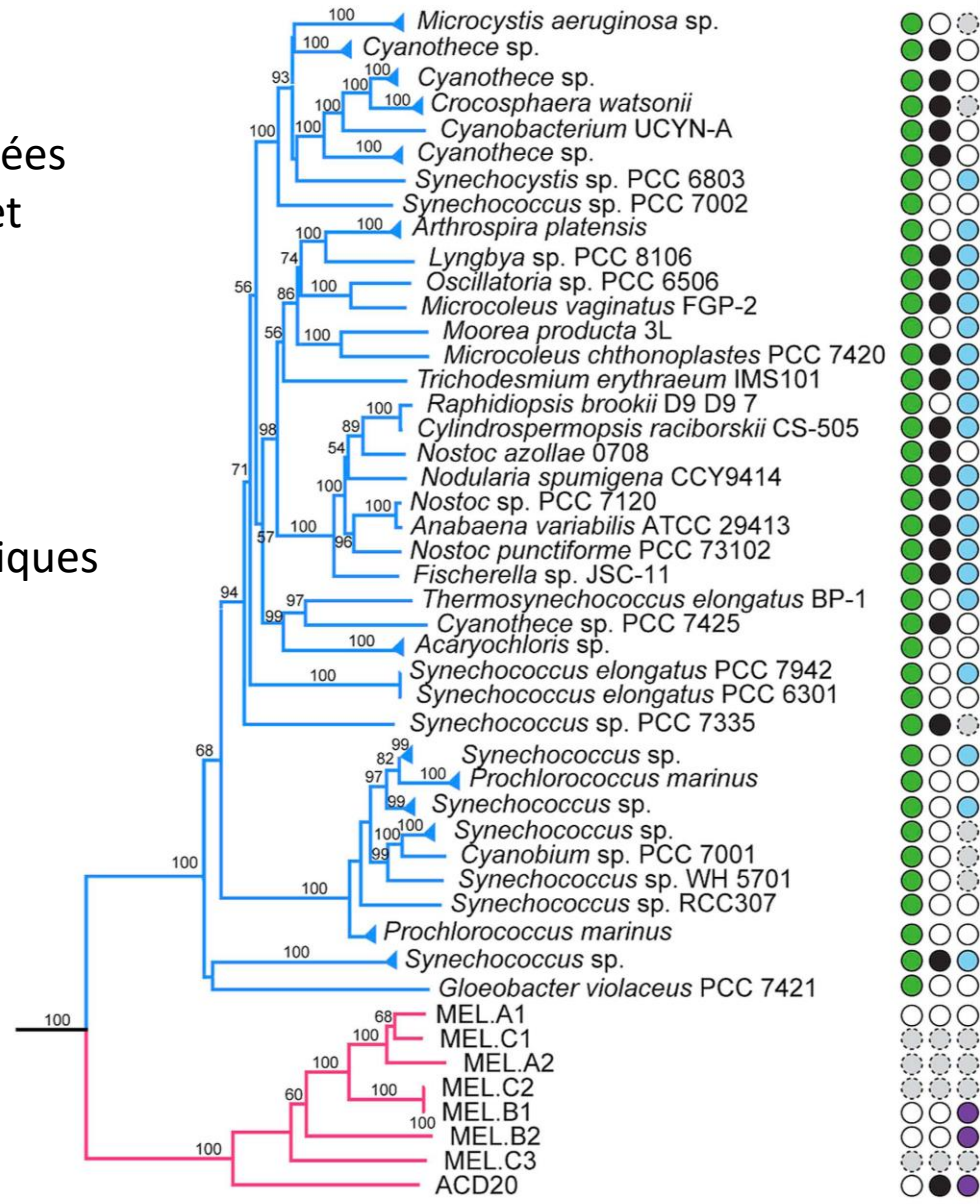
Cyanobactéries

D



-reconstruction des génomes à partir des données métagénomiques → génomique comparative et analyse phylogénétique (gènes *nif* – nitrogen hydrogenase)

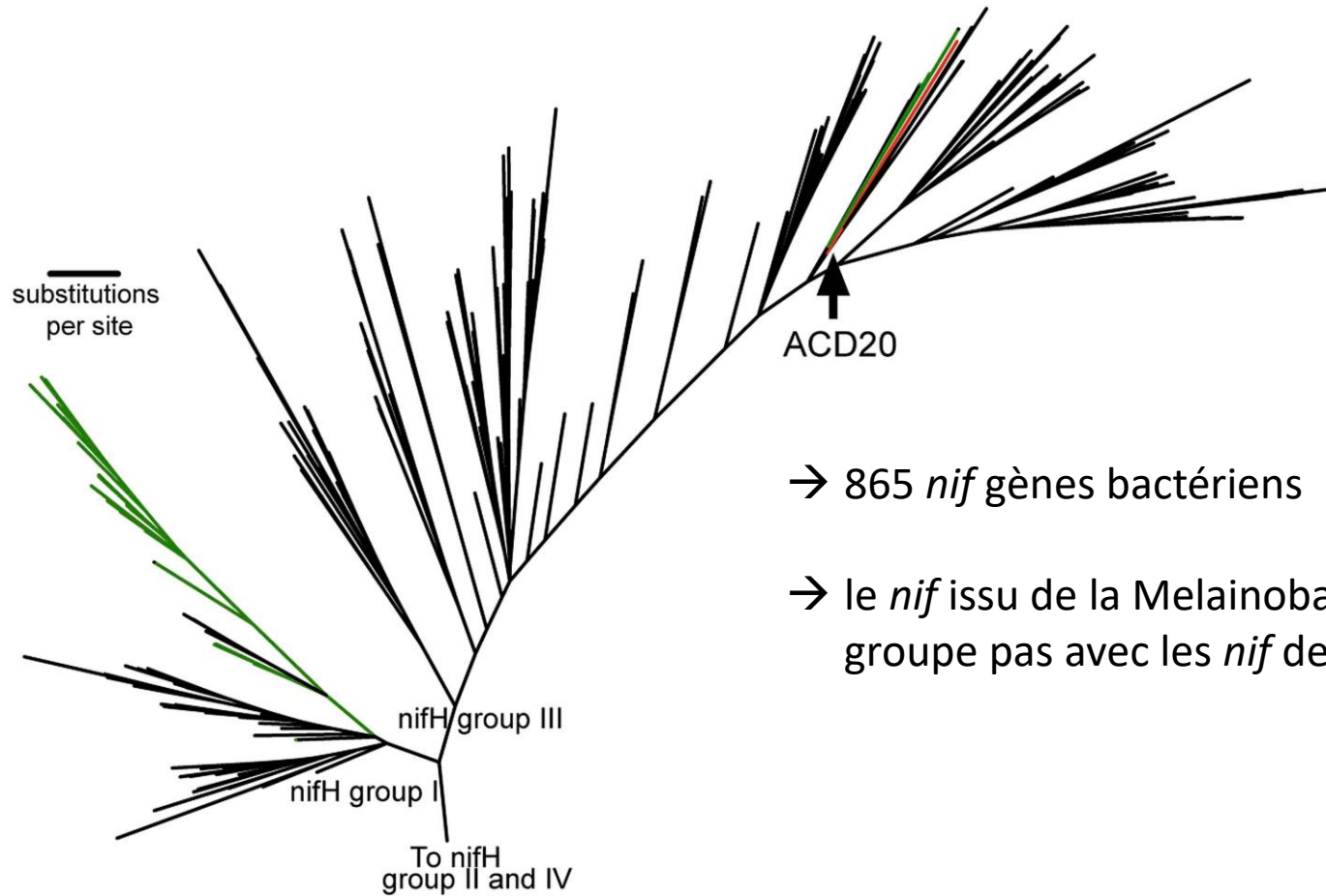
- Melanobactéries ne sont pas photosynthétiques
- Capacité de fixer l'azote N2



0.3 substitutions per site Di Rienzi et al. eLife 2013;2:e01102.

Cyanobactéries

→ Capacité de fixer l'azote N₂



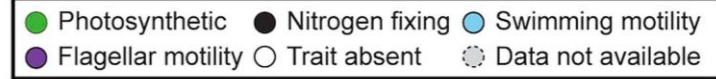
→ 865 *nif* gènes bactériens

→ le *nif* issu de la Melainobactéries ne groupe pas avec les *nif* des cyanobactéries

Di Rienzi et al. eLife 2013;2:e01102.

Cyanobactéries

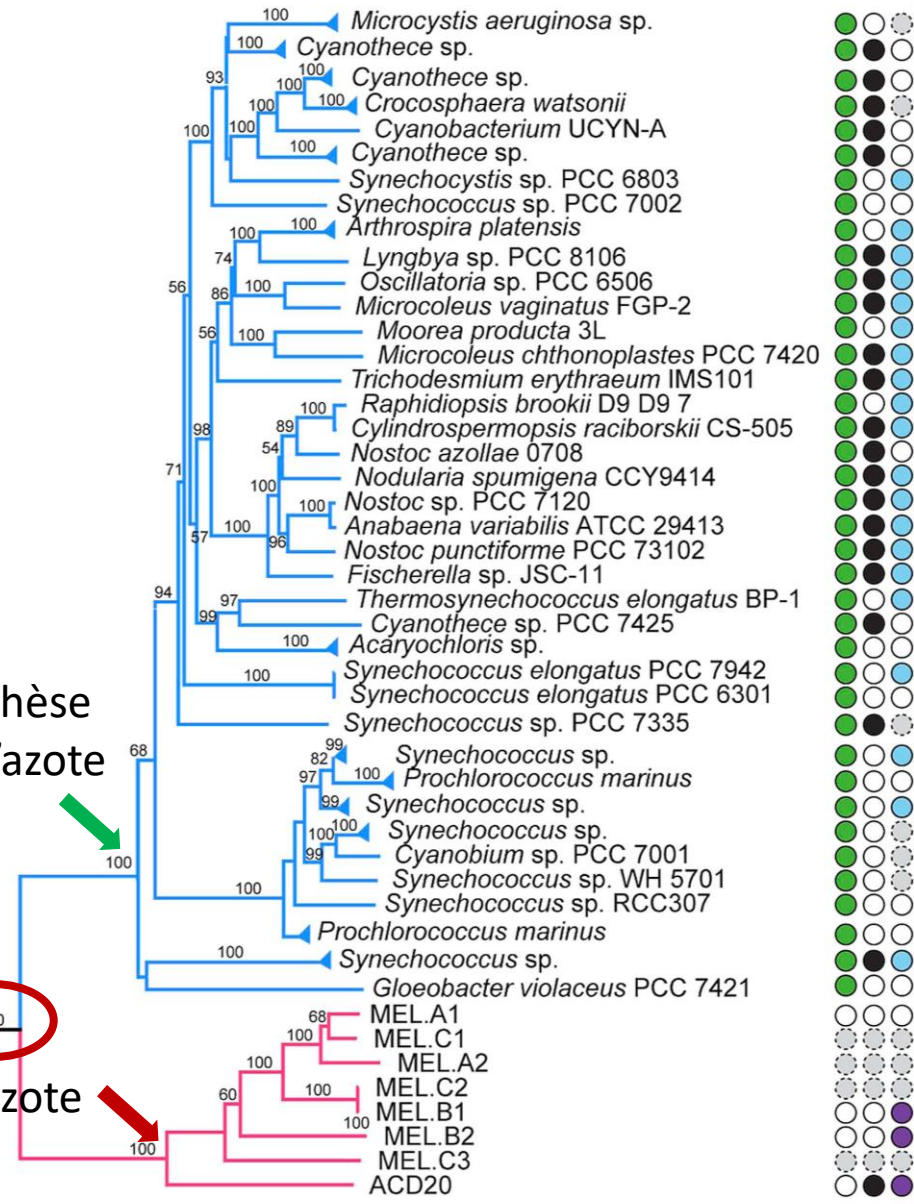
D



- la capacité d'effectuer la photosynthèse a été acquise dans la lignée conduisant aux cyanobactéries
- la capacité de fixer l'azote a été acquise indépendamment
- l'ancêtre était un organisme anaérobie fermentative, non-photosynthétique sans la capacité de fixer l'azote

Photosynthèse
Fixation d'azote

Fixation d'azote



0.3 substitutions per site Di Rienzi et al. eLife 2013;2:e01102.

Cyanobactéries

→ la capacité d'effectuer la photosynthèse a été acquise dans la lignée conduisant aux cyanobactéries : comment ?

brief communications

Bacterial photosynthesis genes in a virus

A bacteriophage may protect itself and its host against a deadly effect of bright sunlight.

Cyanobacteria contribute to the overall photosynthetic production of oxygen in the oceans, but they are susceptible to infection by viruses and also to photo-inhibition when sunlight is too intense. Here we show that the genomic sequence of one such virus, a bacteriophage known as S-PM2, encodes the D1 and D2 proteins that are key components of one of the photosynthetic reaction centres (photosystem II, PSII), which are crucial sites of damage in photo-inhibition. The presence of this

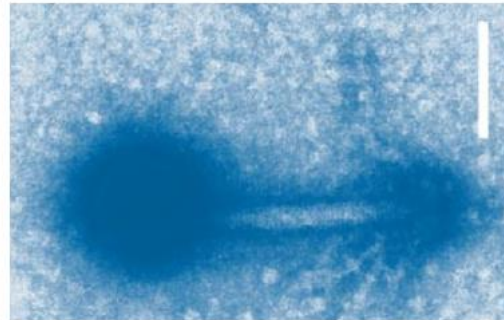
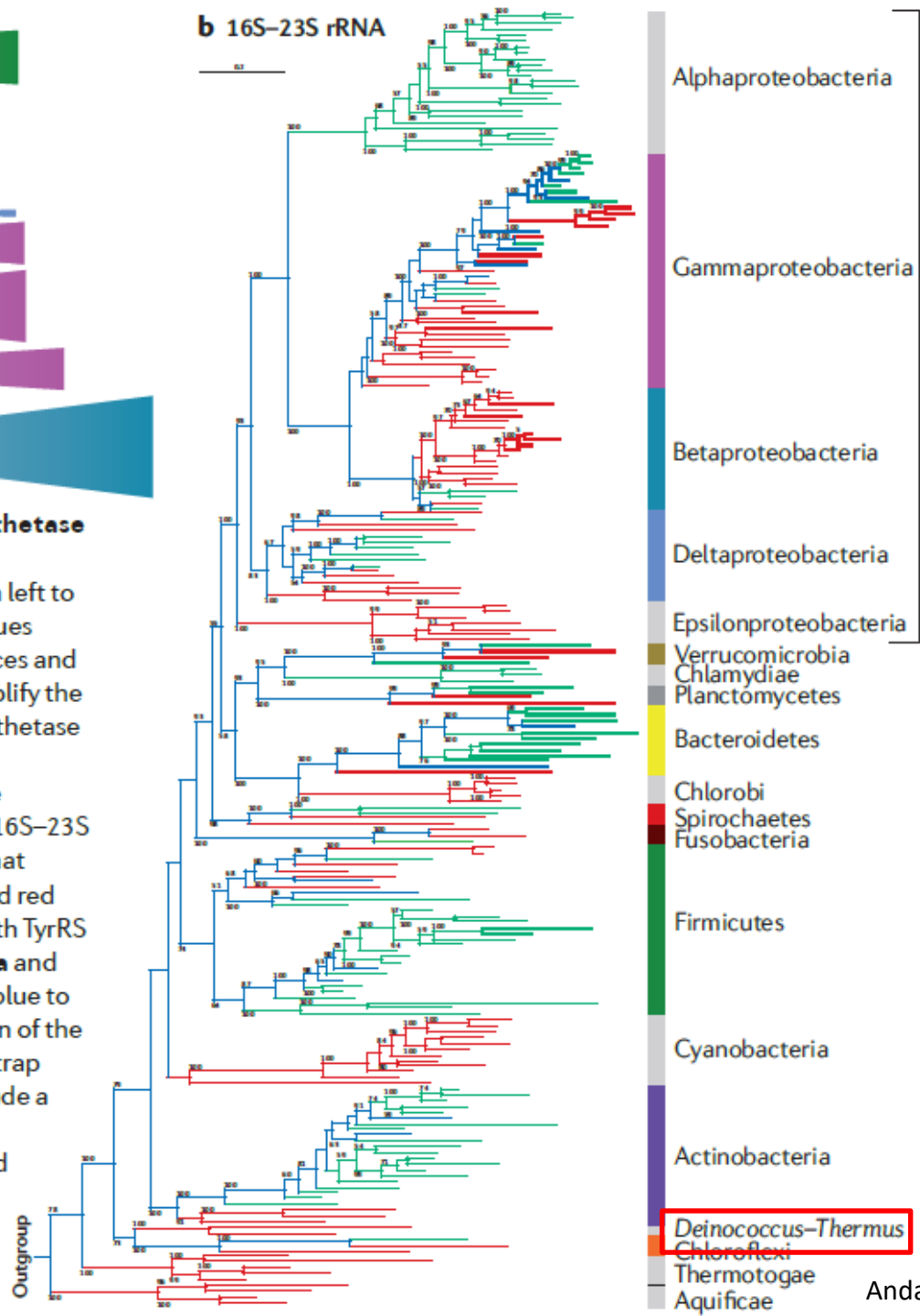


Figure 1 The bacteriophage S-PM2 (here artificially coloured blue), which infects marine cyanobacteria. Scale bar, 100 nm.

information). There is homology in the DNA sequences, indicating that S-PM2 might have acquired the gene horizontally from its *Synechococcus* host. Presumably, *psbD* was acquired independently, given the presence of two unrelated intervening genes.

The expression of virus-encoded D1 and D2 proteins in infected cells would allow a repair cycle to operate in PSII after the host's protein synthesis had been shut down, thereby maintaining the cells' photosynthetic activity and the concomitant evolution of

b 16S-23S rRNA



Alphaproteobacteria

Gammaproteobacteria

Betaproteobacteria

Deltaproteobacteria

Epsilonproteobacteria

Verrucomicrobia

Chlamydiae

Planctomycetes

Bacteroidetes

Chlorobi

Spirochaetes

Fusobacteria

Firmicutes

Cyanobacteria

Actinobacteria

Deinococcus-Thermus

Chloroflexi

Thermotogae

Aquificae

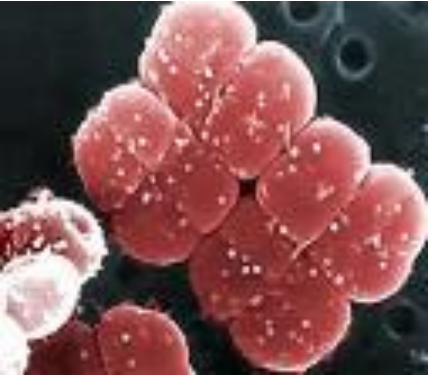
Proteobacteria

synthetase

From left to right, values decrease and increase, respectively, to simplify the comparison of synthetase and red and blue to the position of the bootstrap values. The legend includes a red box around the Deinococcus-Thermus group.

Deinococcus/Thermus

Deinococcus radiodurans



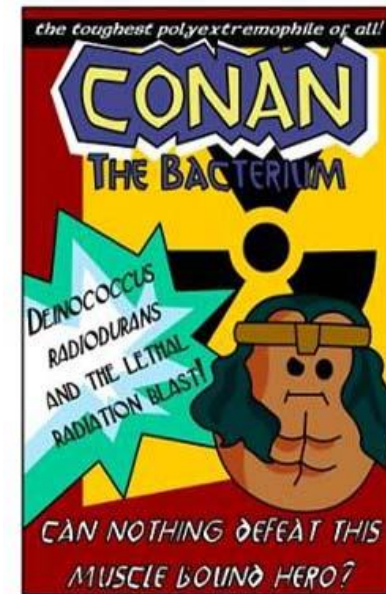
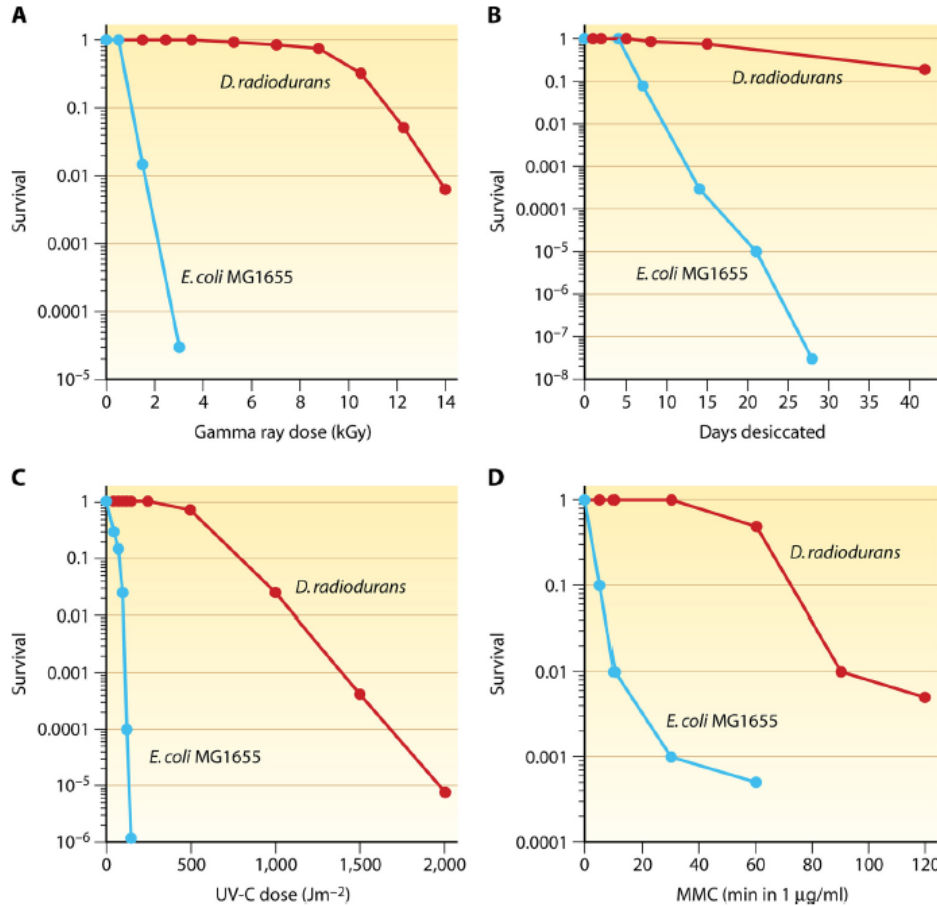
→ Découvert en 1956 → stérilisation de la viande en conserve par les doses de radiation létales pour les organismes vivants. Tous? Non! Un microorganisme irréductible a résisté...



→ 10 kGy → 2000 x la dose létale pour l'homme

Deinococcus/Thermus

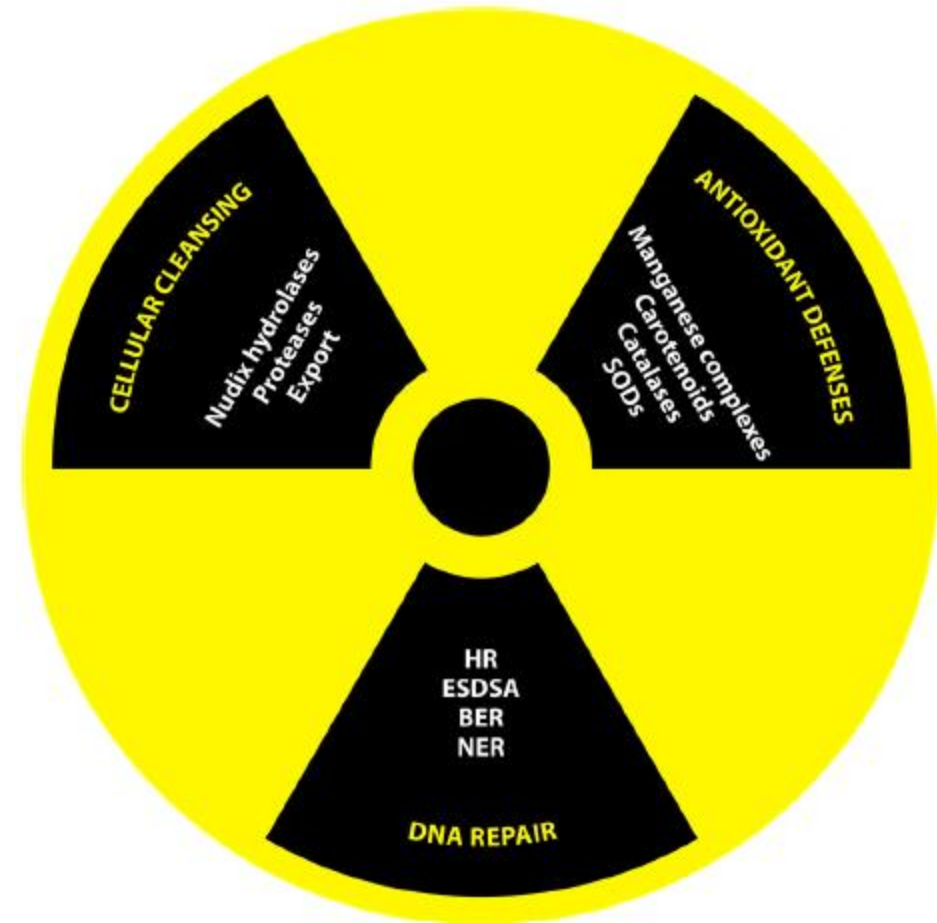
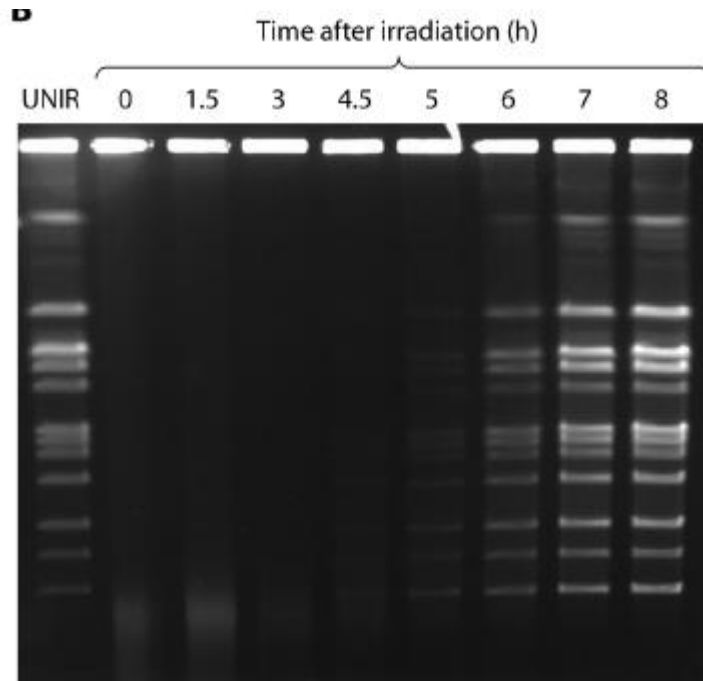
→ extrême résistance aux agents endommageant l'ADN (UV, rayonnements gamma, dessiccation, Mitomycin C)



SLADE AND RADMAN (2011) MICROBIOL. MOL. BIOL. REV.

Deinococcus/Thermus

14 kGy!



SLADE AND RADMAN (2011) MICROBIOL. MOL. BIOL. REV.

Deinococcus/Thermus

Thermus aquaticus



60-70°C

An Important Hot Spring



The author sampling along the Yellowstone River (1964)



Thomas Brock

Deinococcus/Thermus

Thermus/Deinococcus: physiologie générale similaire mais une grande différence en terme de résistance au stress!

BMC Evolutionary Biology

2005

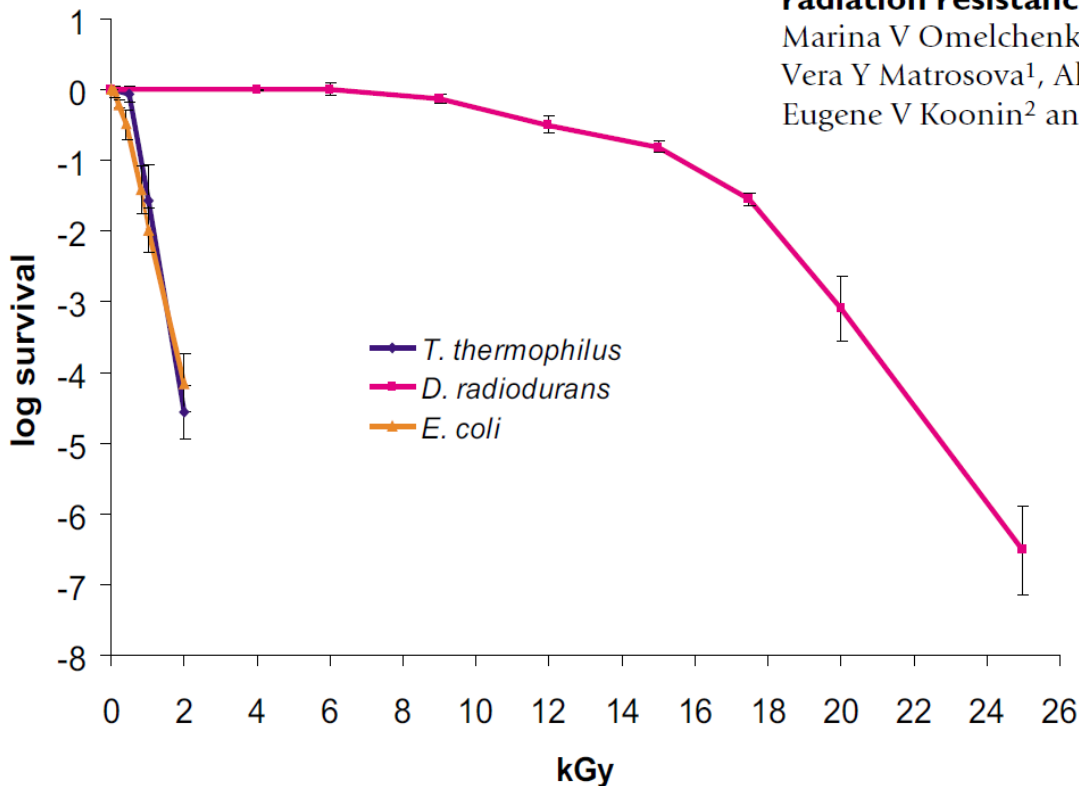


Open Access

Research article

Comparative genomics of *Thermus thermophilus* and *Deinococcus radiodurans*: divergent routes of adaptation to thermophily and radiation resistance

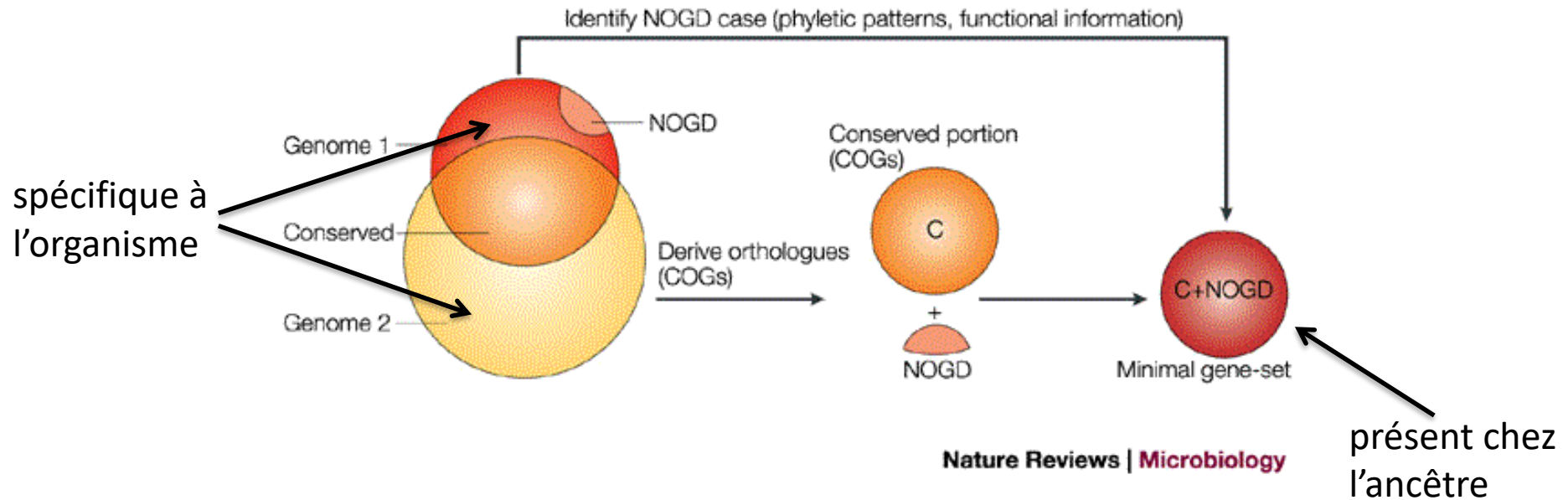
Marina V Omelchenko^{1,2}, Yuri I Wolf², Elena K Gaidamakova¹, Vera Y Matrosova¹, Alexander Vasilenko¹, Min Zhai¹, Michael J Daly¹, Eugene V Koonin² and Kira S Makarova^{*2}



-les deux lignées forment un groupe monophylétique: un ancêtre en commun → quelle était sa nature et comment les deux lignées ont évolué?

Deinococcus/Thermus

Génomique comparative:



« non-orthologous gene displacement »

Koonin, Nature Reviews Microbiology 1, 127-136 (November 2003)

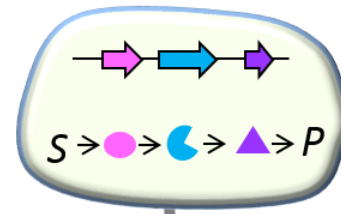
Ancêtre commun

gènes ancestraux :

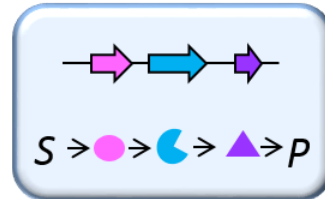
a, b, c

voie métabolique ancestrale

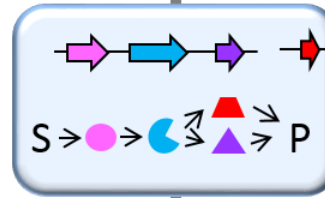
$A + B + C$



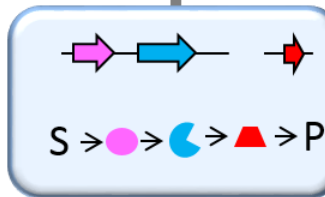
Divergence



acquisition du gène *z* → *Z*:
même activité que *C*



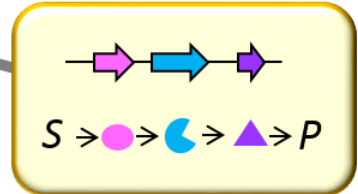
Perte du gène *c*



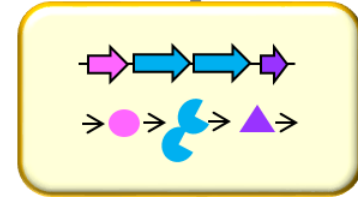
Espèce 1

voie métabolique:

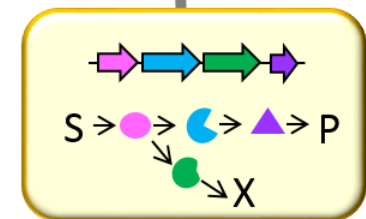
$A + B + Z$



duplication de *b* : *b1* et *b2*



divergence de *b2*, acquisition
d'une nouvelle fonction par *B2*



Espèce 2

voie métabolique:

$A + B1 + C$

nouvelle voie métabolique:

$A + B2$

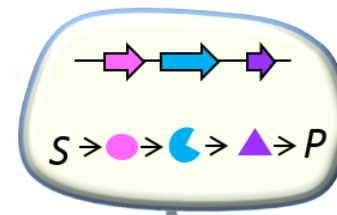
Ancêtre commun

gènes ancestraux :

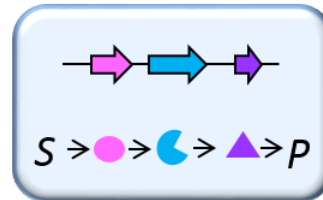
a, b, c

voie métabolique ancestrale

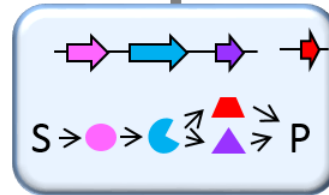
$A + B + C$



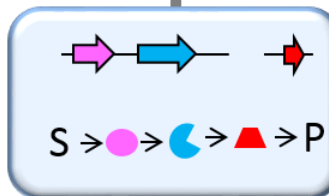
Divergence



acquisition du gène *z* → **Z**:
même activité que *C*



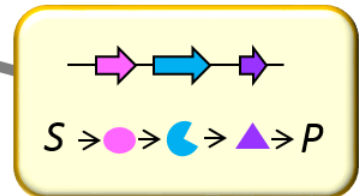
Perte du gène *c*



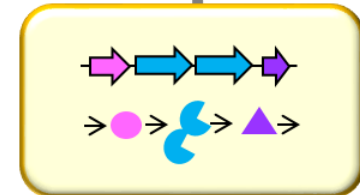
Espèce 1

voie métabolique:

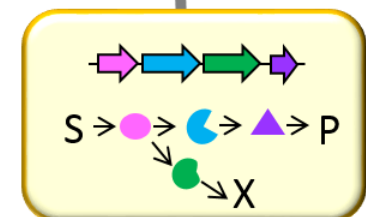
$A + B + Z$



duplication de *b* : **b1** et **b2**



divergence de **b2**, acquisition
d'une nouvelle fonction par **B2**



Espèce 2

voie métabolique:

$A + B1 + C$

nouvelle voie métabolique:

$A + B2$

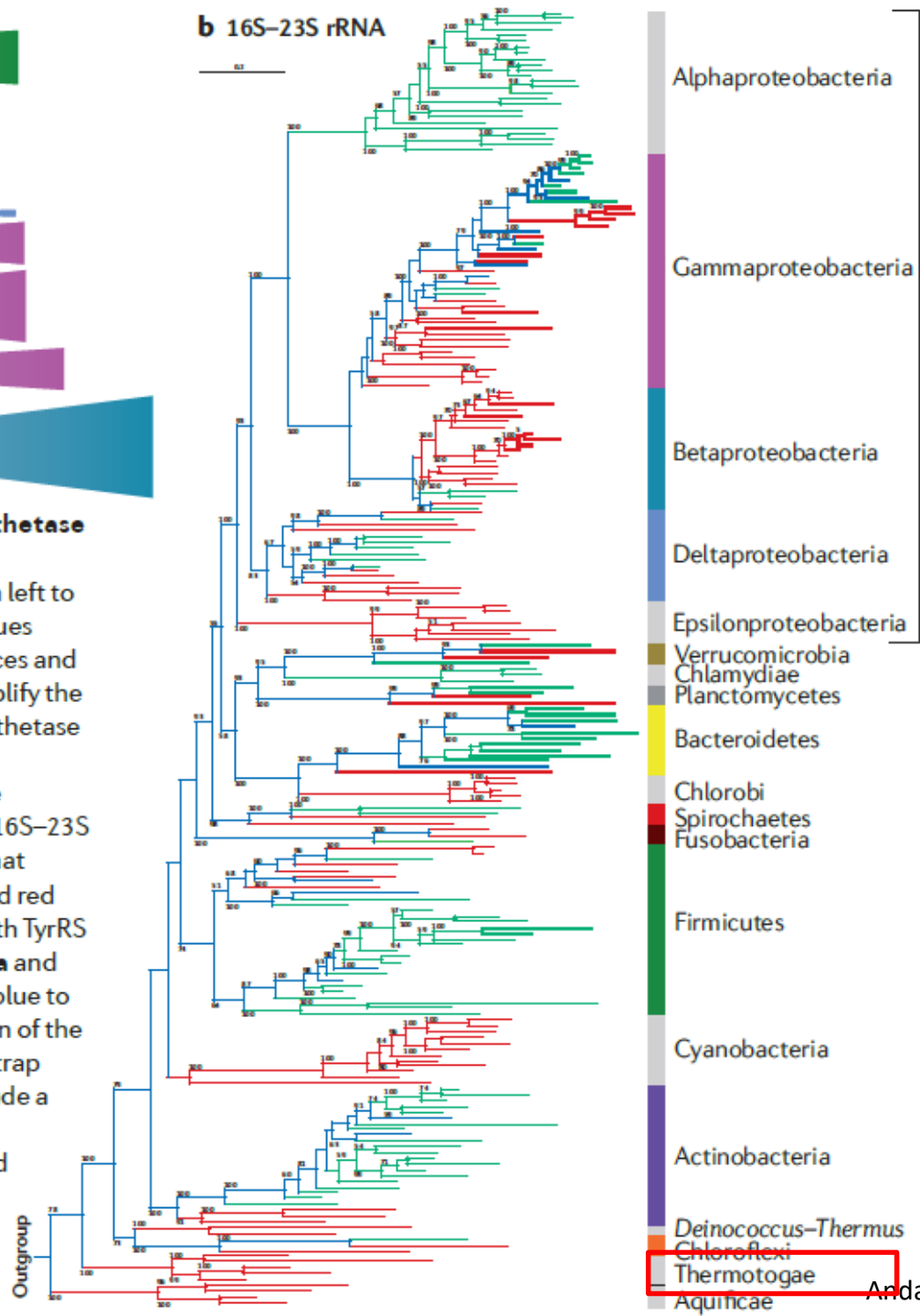
→ Les séquences *a* (ou *b*)
de l'espèce 1 et 2 sont
des **orthologues**

→ Les séquences **b1** et
b2 de l'espèce 2 sont
des **paralogues**

→ *z* et *c* ne sont pas
homologues: les
protéines **Z** et **C** sont des
analogues fonctionnels =
« non-orthologous gene
displacement »

→ La recherche des
analogues fonctionnels
est difficile à automatiser
= detective work

b 16S-23S rRNA



Proteobacteria

Alphaproteobacteria

Gammaproteobacteria

Betaproteobacteria

Deltaproteobacteria

Epsilonproteobacteria

Verrucomicrobia

Chlamydiae

Planctomycetes

Bacteroidetes

Chlorobi

Spirochaetes

Fusobacteria

Firmicutes

Firmicutes

Firmicutes

Firmicutes

Firmicutes

Cyanobacteria

Cyanobacteria

Cyanobacteria

Actinobacteria

Actinobacteria

Actinobacteria

Deinococcus-Thermus

Chloroflexi

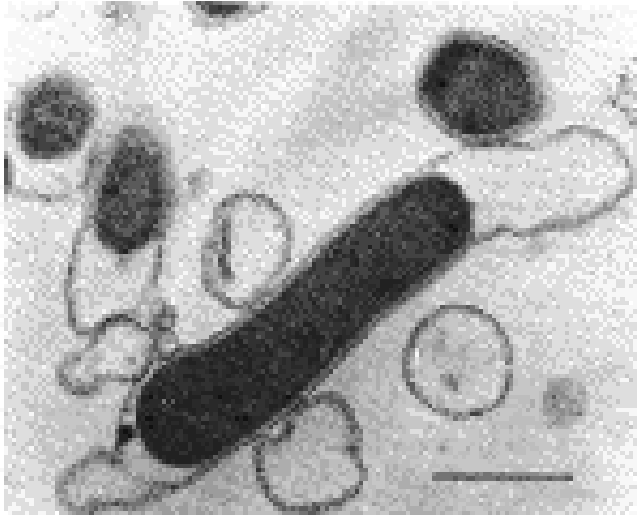
Thermotogae

Aquificae

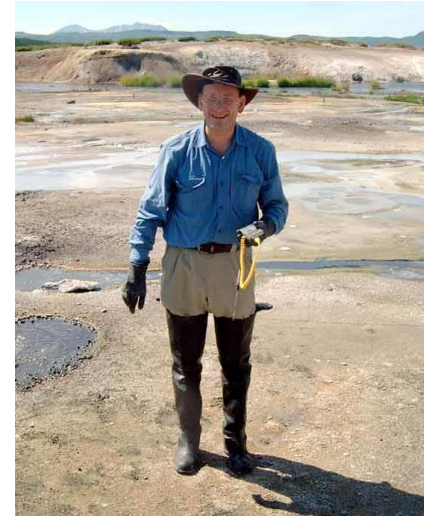
ynthetase
d
om left to
values
ances and
implify the
ynthetase
d
hite
ed 16S-23S
a that
and red
both TyrRS
art a and
ed blue to
tion of the
otstrap
clude a
B
acid

Thermotogae

Thermotogales



- optimum de croissance 80°C
- isolé à partir d'une source chaude à Vulcano (Italie)
- doté d'une enveloppe particulière « toge » - rôle et composition peu connus
- anaérobie, chimio-organotrophe, fermentatif



Karl O. Stetter

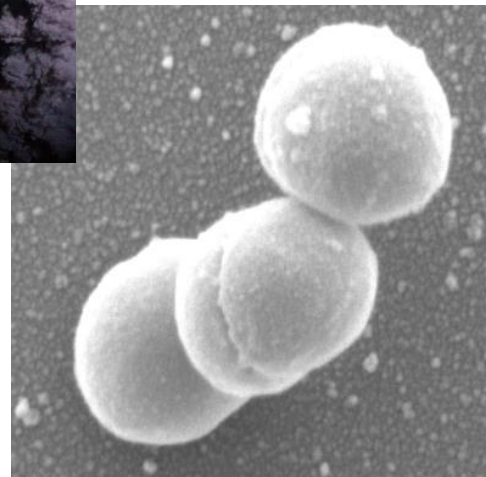
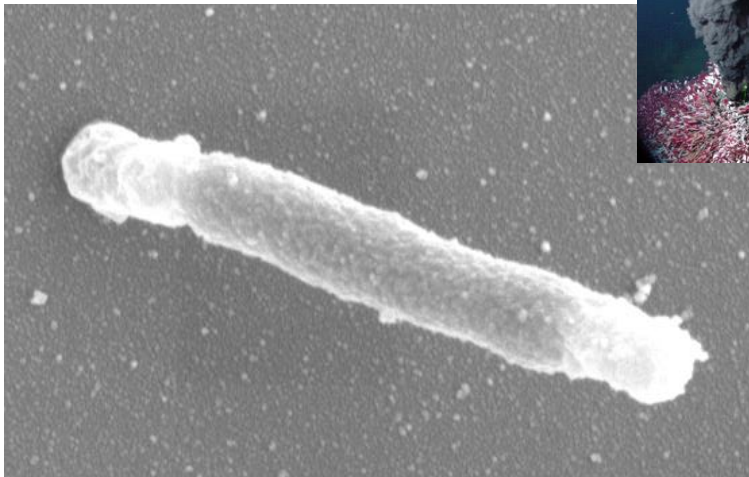
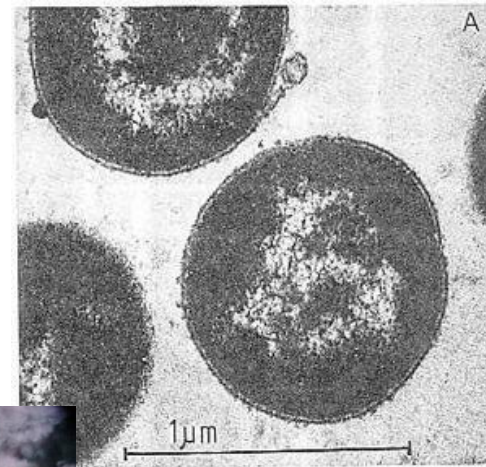
Thermotoga
Thermodesulfobacterium

Thermotogae

Thermotoga maritima (Bactéries)



Thermococcus Sp. 5-4 (Archées)



Evidence for lateral gene transfer between Archaea and Bacteria from genome sequence of *Thermotoga maritima*

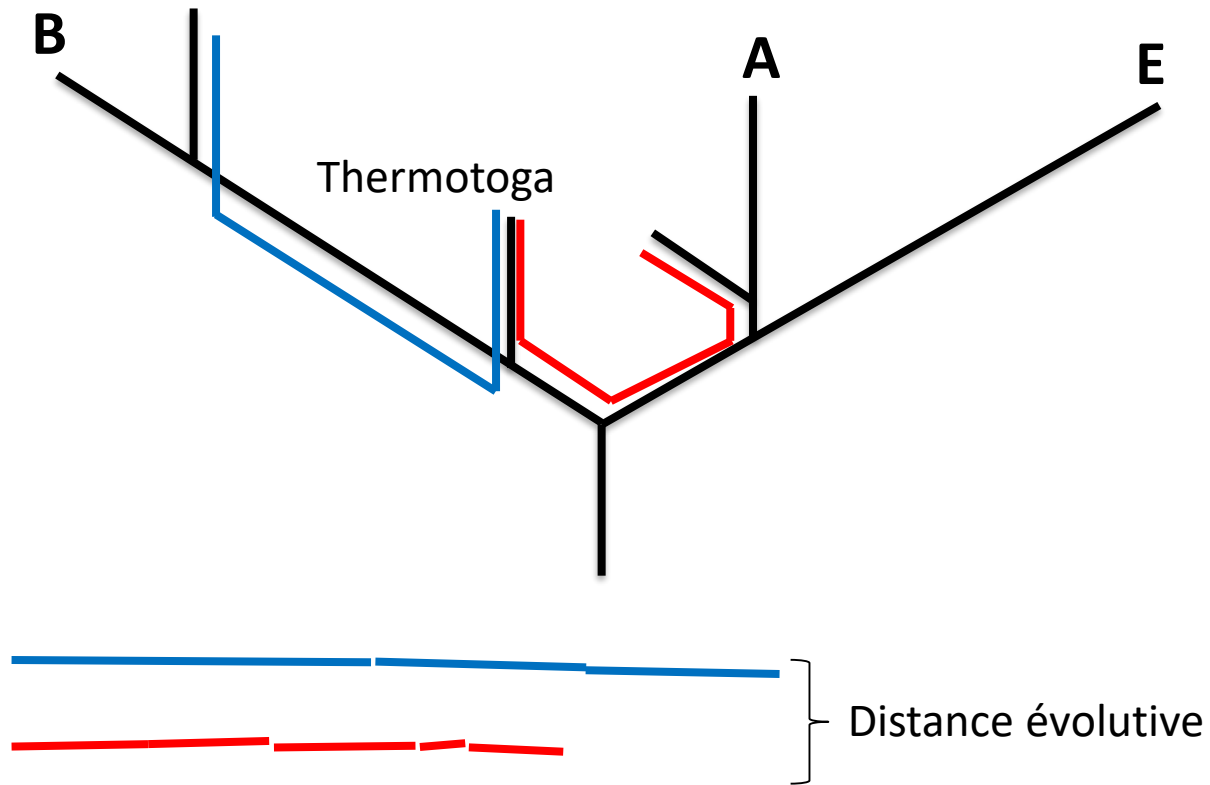
Karen E. Nelson, Rebecca A. Clayton, Steven R. Gill, Michelle L. Gwinn, Robert J. Dodson, Daniel H. Haft, Erin K. Hickey, Jeremy D. Peterson, William C. Nelson, Karen A. Ketchum, Lisa McDonald, Teresa R. Utterback, Joel A. Malek, Katja D. Linher, Mina M. Garrett, Ashley M. Stewart, Matthew D. Cotton, Matthew S. Pratt, Cheryl A. Phillips, Delwood Richardson, John Heidelberg, Granger G. Sutton, Robert D. Fleischmann, Jonathan A. Eisen, Owen White, Steven L. Salzberg, Hamilton O. Smith, J. Craig Venter & Claire M. Fraser

The Institute for Genomic Research, 9712 Medical Center Drive, Rockville, Maryland 20850, USA

- recherche BLAST: 25 % des gènes dont le 1^{er} « hit » est une protéine issue d'archées
 - conservation des opérons
 - environ 50 régions (entouré des répétitions) dans le génome comportent des fréquences de G et C inhabituelles
 - des régions existent avec un codon biais différents
- le transfert horizontal de gènes *massif* entre les *Thermotoga* et Archées (Thermococcales)

Thermotogae

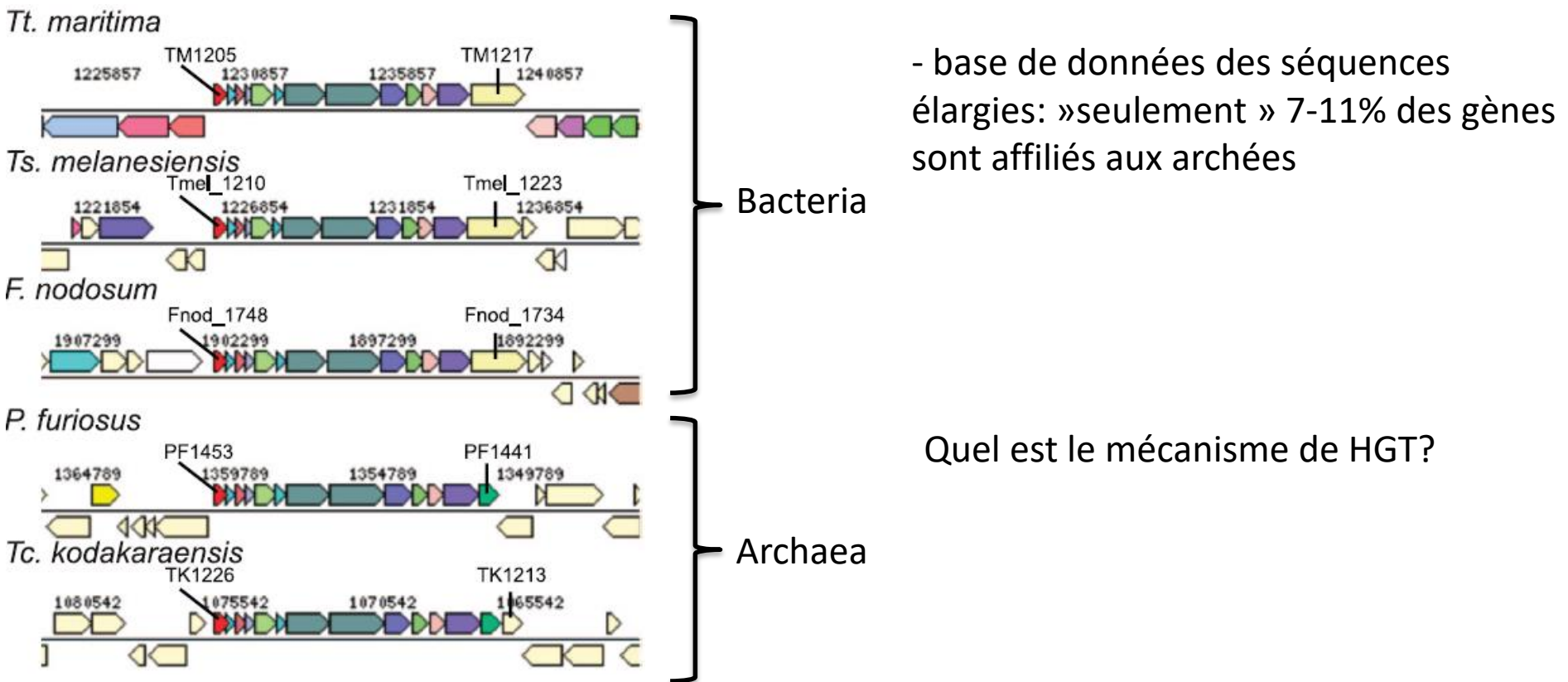
-recherche BLAST: 25 % des gènes dont le 1^{er} « hit » est une protéine issue d'archées –
surement une surestimation!



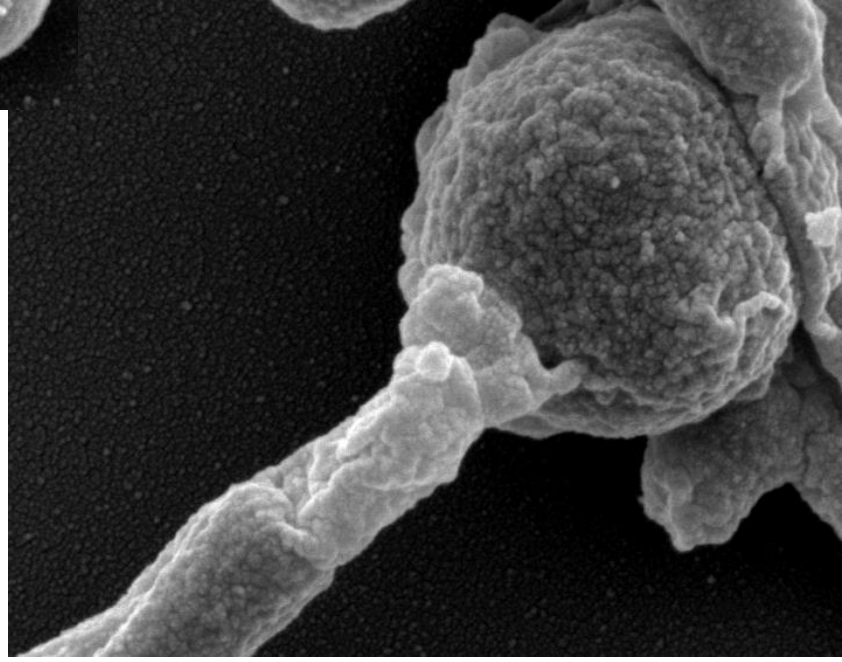
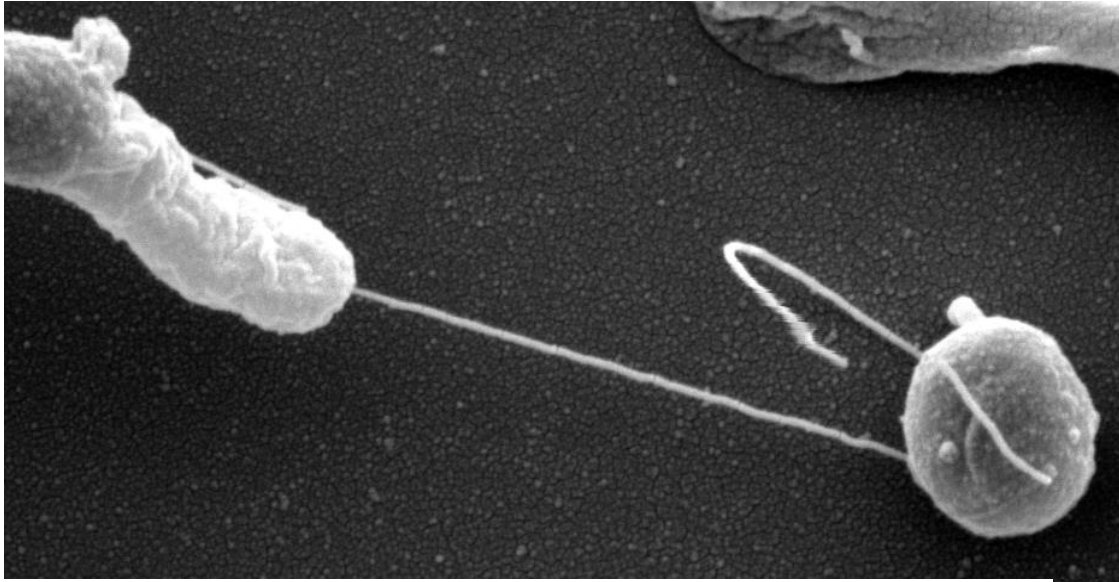
On the chimeric nature, thermophilic origin, and phylogenetic placement of the Thermotogales

2009

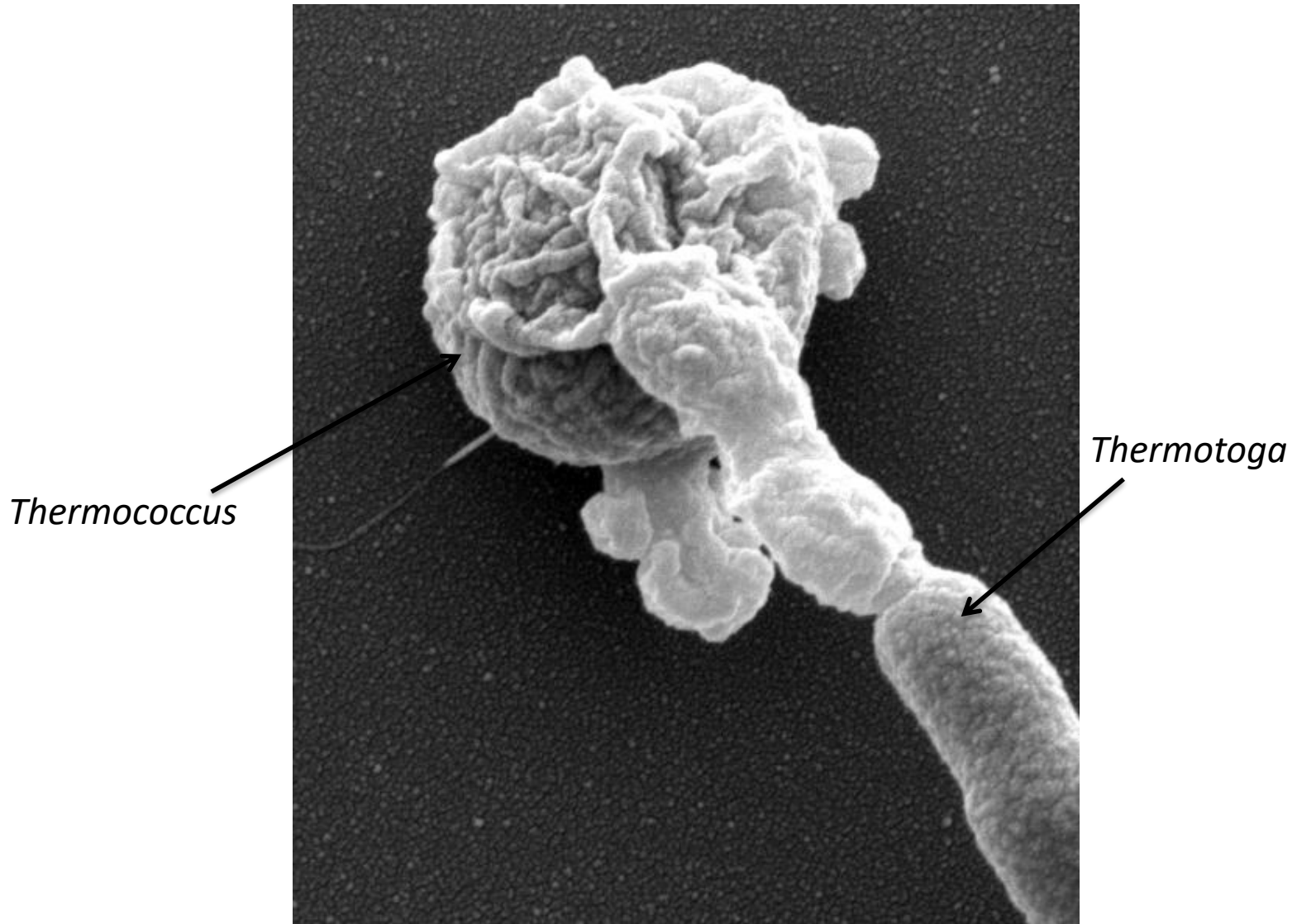
Olga Zhaxybayeva^a, Kristen S. Swithers^b, Pascal Lapierre^c, Gregory P. Fournier^b, Derek M. Bickhart^b, Robert T. DeBoy^d, Karen E. Nelson^d, Camilla L. Nesbø^{e,f}, W. Ford Doolittle^{a,1}, J. Peter Gogarten^b, and Kenneth M. Noll^b



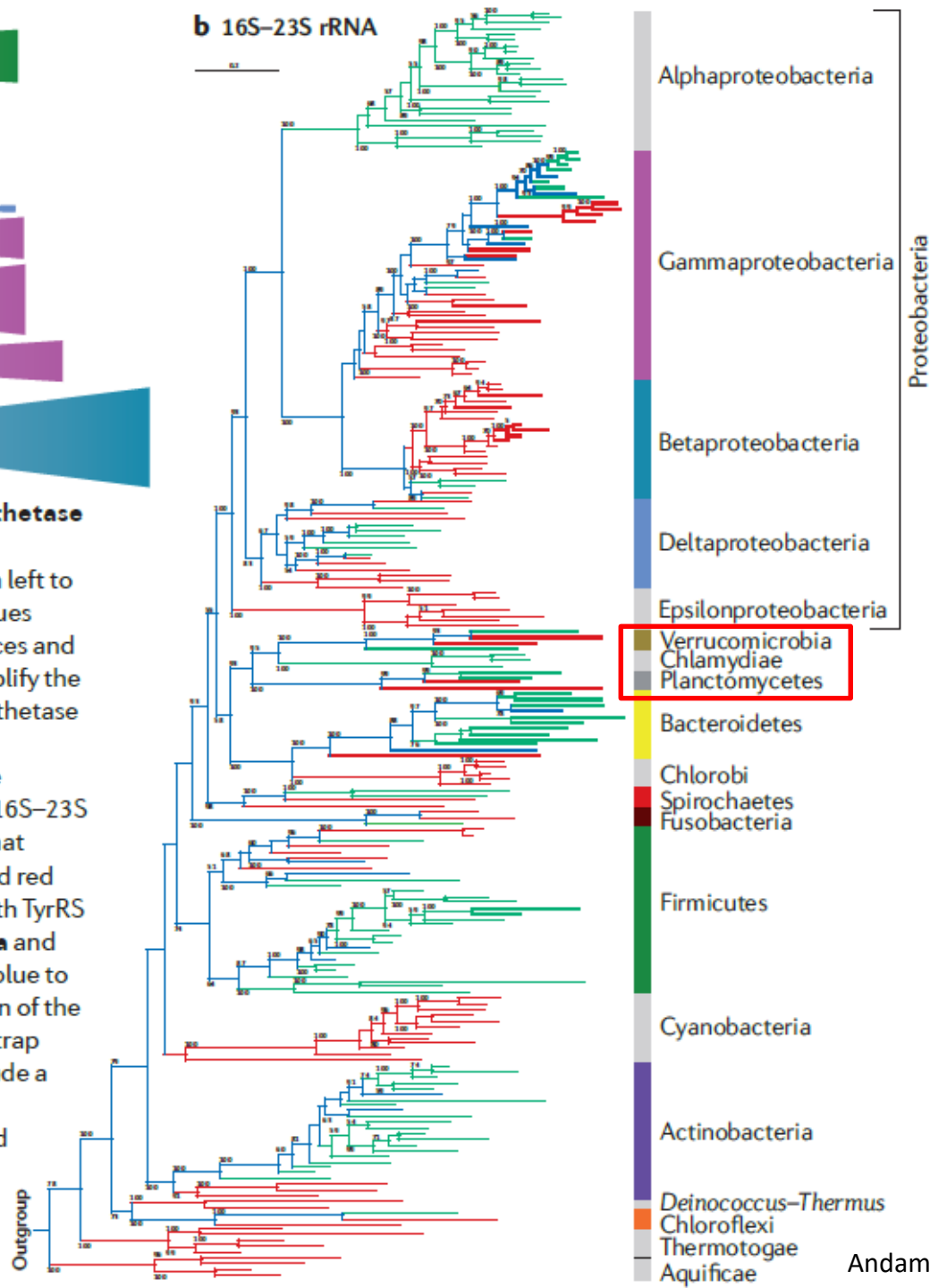
Thermotogae



Thermotogae



b 16S–23S rRNA



Planctomycetes

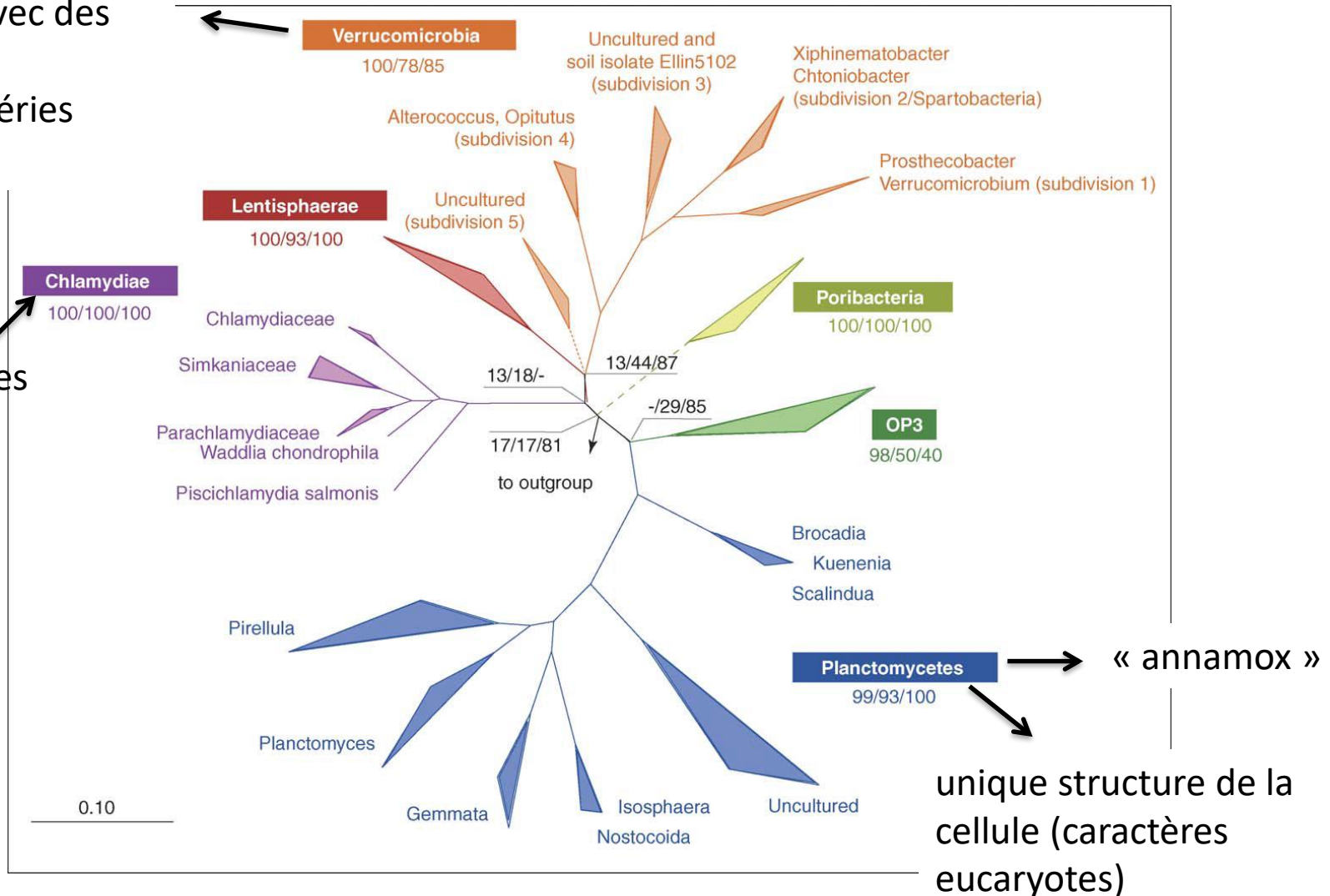
Verrucomicrobia

Chlamydiae

PVC superphylum

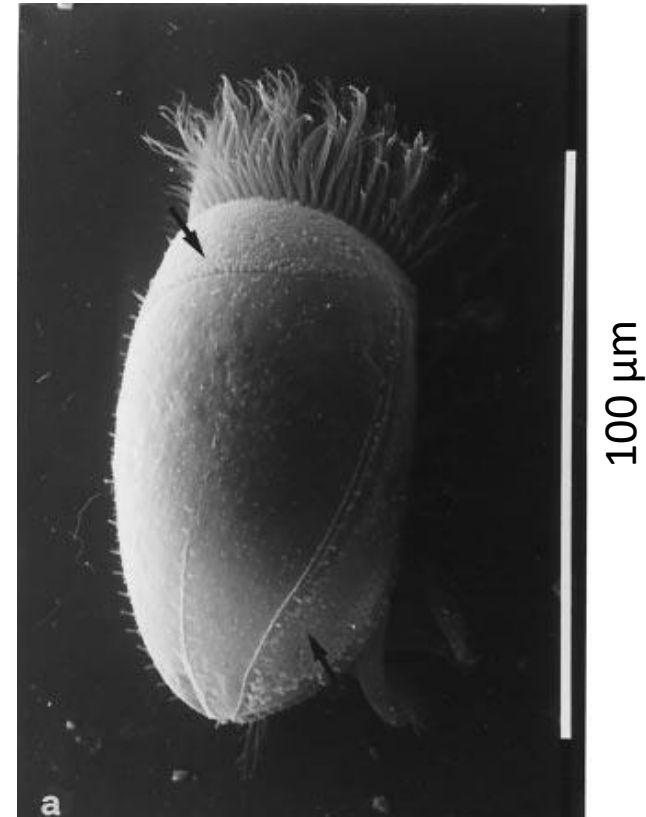
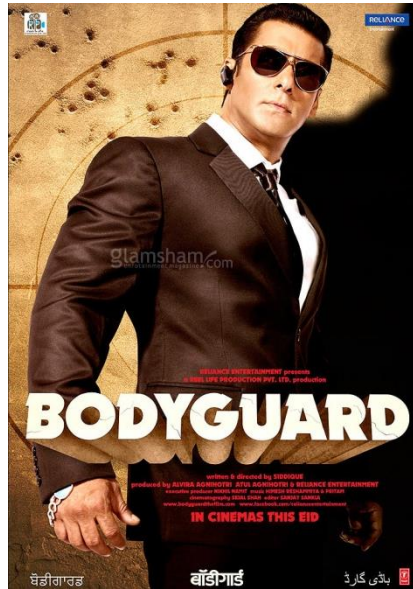
association avec des eucaryotes ;
10% des bactéries dans le sol

pathogènes



PVC superphylum - Verrucomicrobiales

Euplotidium sp. est un cilié marin protégé par un garde corps suicidaire équipé d'une lance!



Euplotidium sp.

→ porte des bactéries (Verrucomicrobiales, 16S rRNA) dans une bande dorsale → *epixenosomes* (« external alien bodies »)

Petroni et al., (2000) PNAS 97: 1813-1817

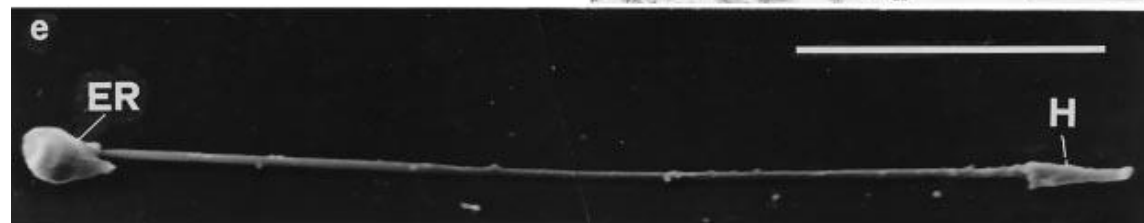
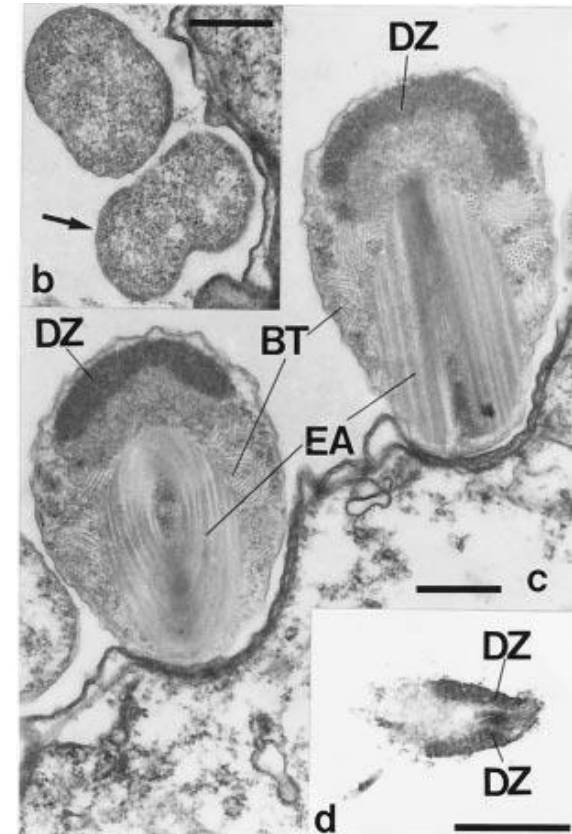
PVC superphylum - Verrucomicrobiales

Deux étapes dans le cycle reproductif:

- I. (b) organisation cellulaire typique d'une bactérie et une division par fission binaire
- II. (c) cellules plus grandes et ovoides; ADN compacté (ressemblance au chromatine, DZ); un faisceau des tubules (ressemblance aux microtubules, interaction avec les IgG anti tubulin, BT) ;
(e) appareil extrusif (éjecté suite au stimuli, adrénaline, EA)



40 μm !

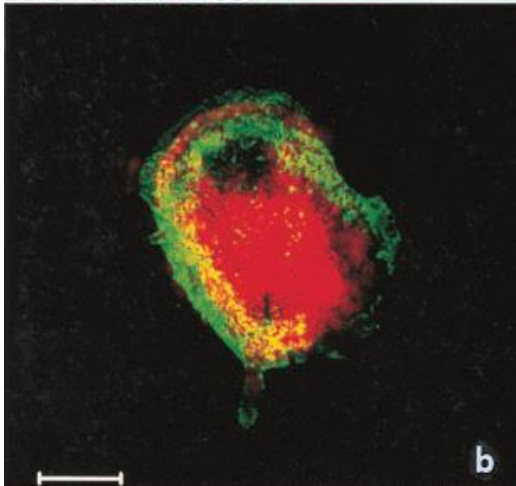
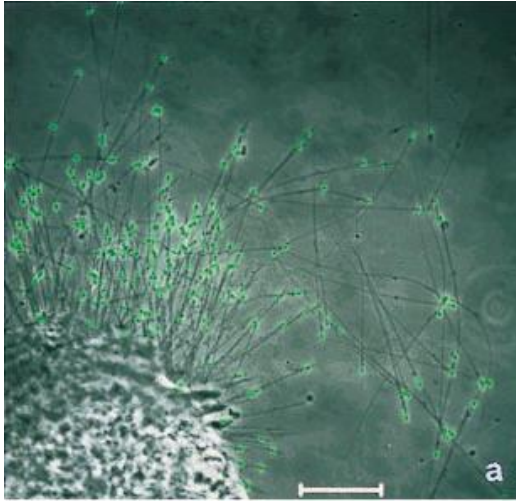


PVC superphylum - Verrucomicrobiales

Une relation symbiotique?

-les bactéries ne sont pas nécessaires pour la survie du cilié (dans un environnement non-compétitif)

-en absence des bactéries les ciliés sont proie (plus facile) à d'autres ciliés



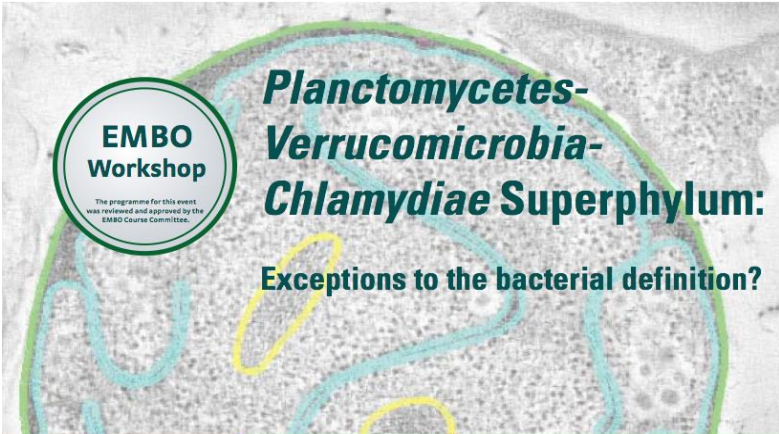
Quel est l'avantage pour la bactérie???

rouge: sonde spécifique à *Euplotidium* sp.

vert: sonde spécifique à la bactérie

http://schaechter.asmblog.org/schaechter/2007/01/ciliate_007.html

PVC superphylum



EMBO Workshop
The programme for this event was reviewed and approved by the EMBO Course Committee.

Planctomycetes-Verrucomicrobia-Chlamydiae Superphylum: Exceptions to the bacterial definition?

28 February - 2 March, 2013 | Heidelberg, Germany

The *Planctomycetes-Verrucomicrobia-Chlamydiae* (PVC) superphylum is an assemblage of bacterial phyla that exhibit distinctive cellular properties, widespread environmental distribution, unique physiologies & unusual associations with eukaryotic hosts.



This EMBO workshop will be the first one to focus on the characterization and fundamental understanding of the PVC members.

ORGANIZER
Damien DEVOS
Center for Organismal Studies,
Heidelberg University, DE

CO-ORGANIZERS
Christian JOGLER
DSMZ, DE
John A. FUERST
University of Queensland, AU

CONTACT
Ute Volbehr
Center for Organismal Studies, DE
ute.volbehr@cos.uni-heidelberg.de

SPEAKERS
Vincent Daubin UCB Lyon FR
Elisabeth Harry Sydney Technical University AU
James McInerney NUI Maynooth IE
Martin Pilhofer CALTECH US
Rachel Santarella-Mellwig EMBL, Heidelberg DE
Laura Van Niftrik Radboud University NL
Naomi L Ward Wyoming University US



EMBO
excellence in life sciences

<http://events.embo.org/13-PVC>

Registration Deadline: February 15, 2013
Abstract Submission Deadline: January 15, 2013

PVC superphylum - Planctomycetes

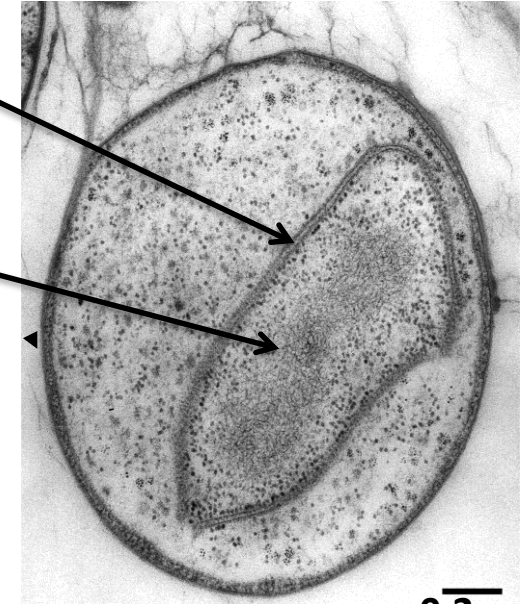
Planctomyces
Gemmata
Pirellula

Bactéries à noyau???
 Absence de PG !

-découverte en 1991

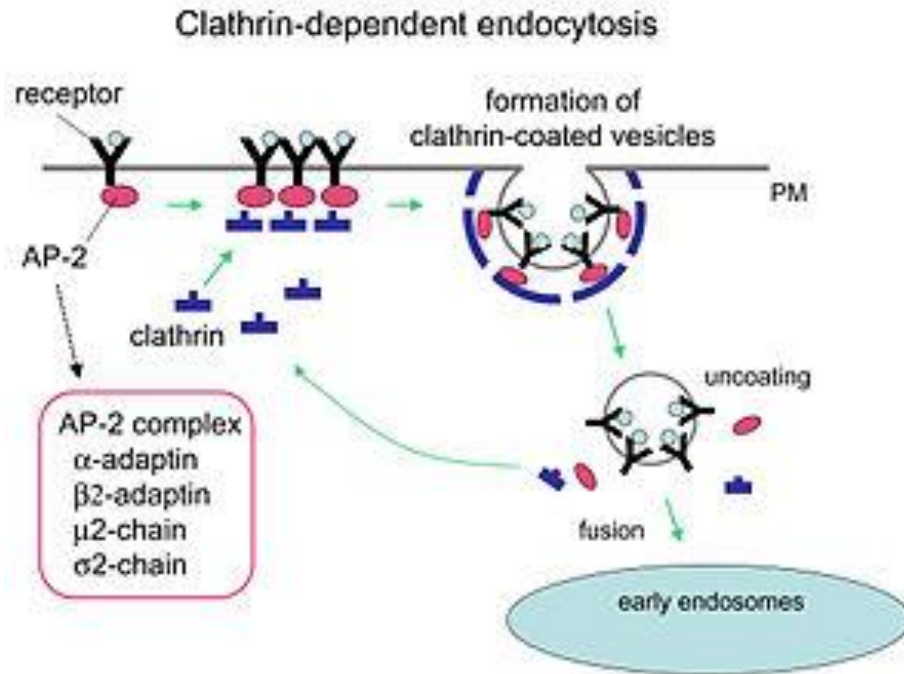
enveloppe
 nucléaire?

Nucléoïde?

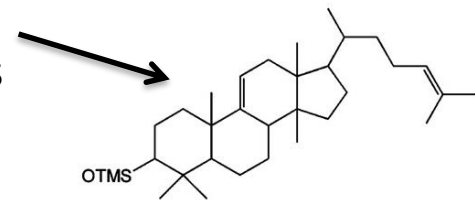


0.2 μm

Gemmata obscuriglobus –
 TEM cryotomographie



synthèse
 des stérols



Lien évolutif avec les Eukaryotes?

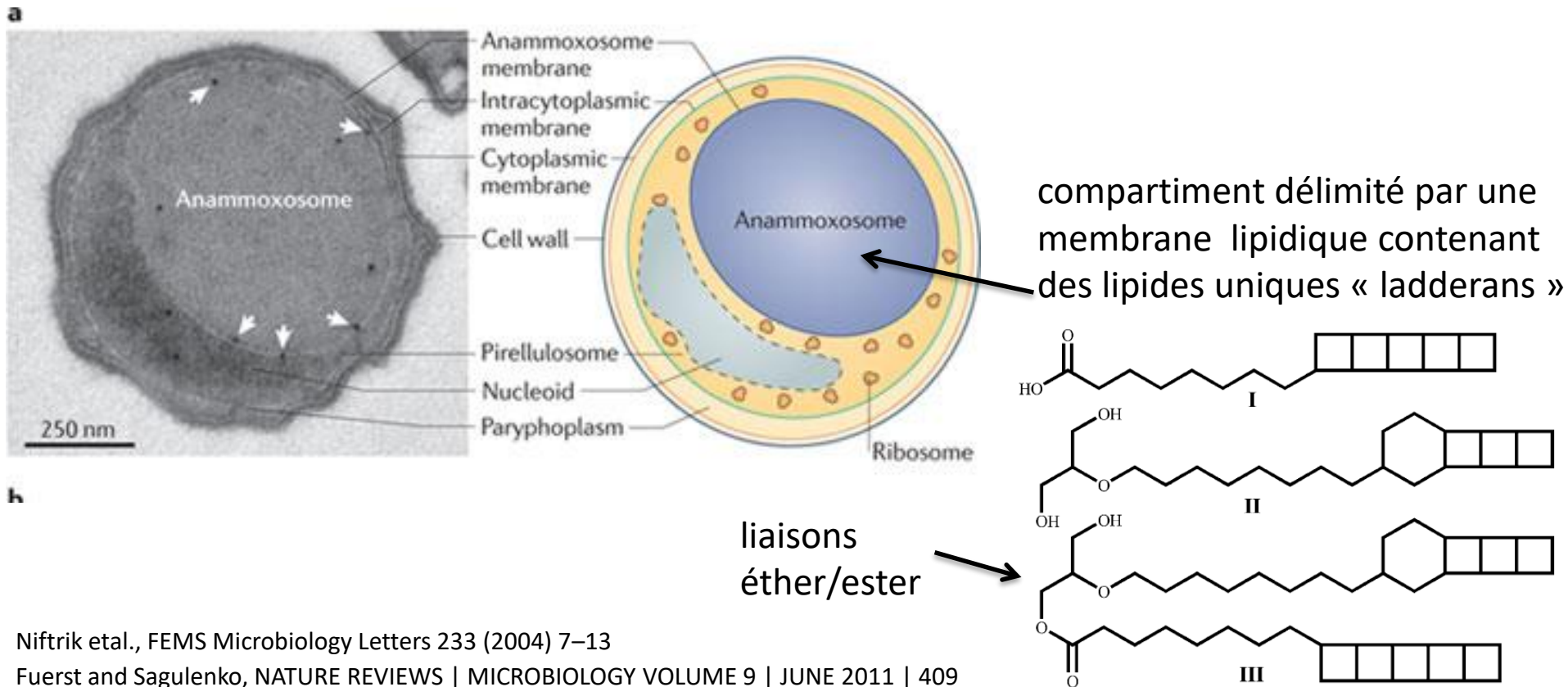
Fuerst JA, Webb RI (1991) PNAS 88:8184–8188.

Ann Pearson et al. PNAS 2003;100:15352-15357

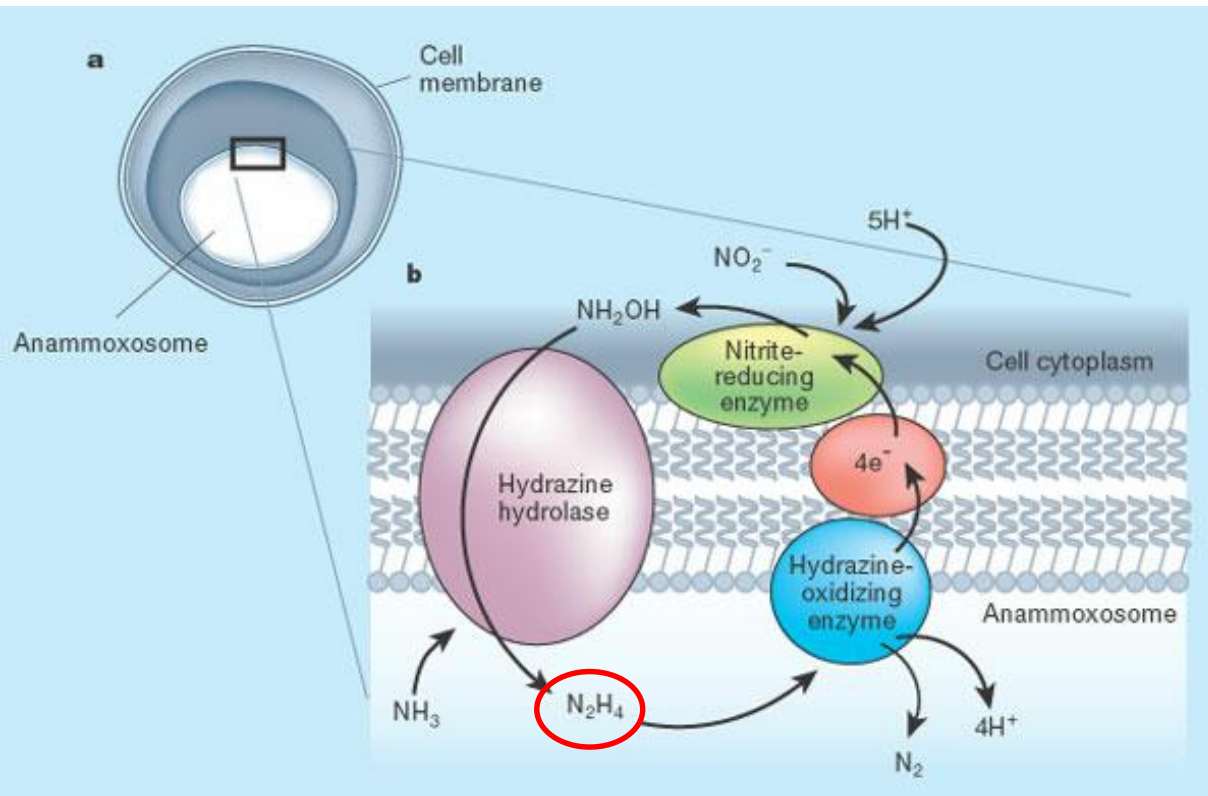
PVC superphylum - Planctomycetes

Pourquoi une membrane interne aussi atypique ?

Anammox planctomycetes:
chimolithotrophes – oxydation anaérobie de NH_3 en N_2
-production de 50% de N_2 atmosphérique



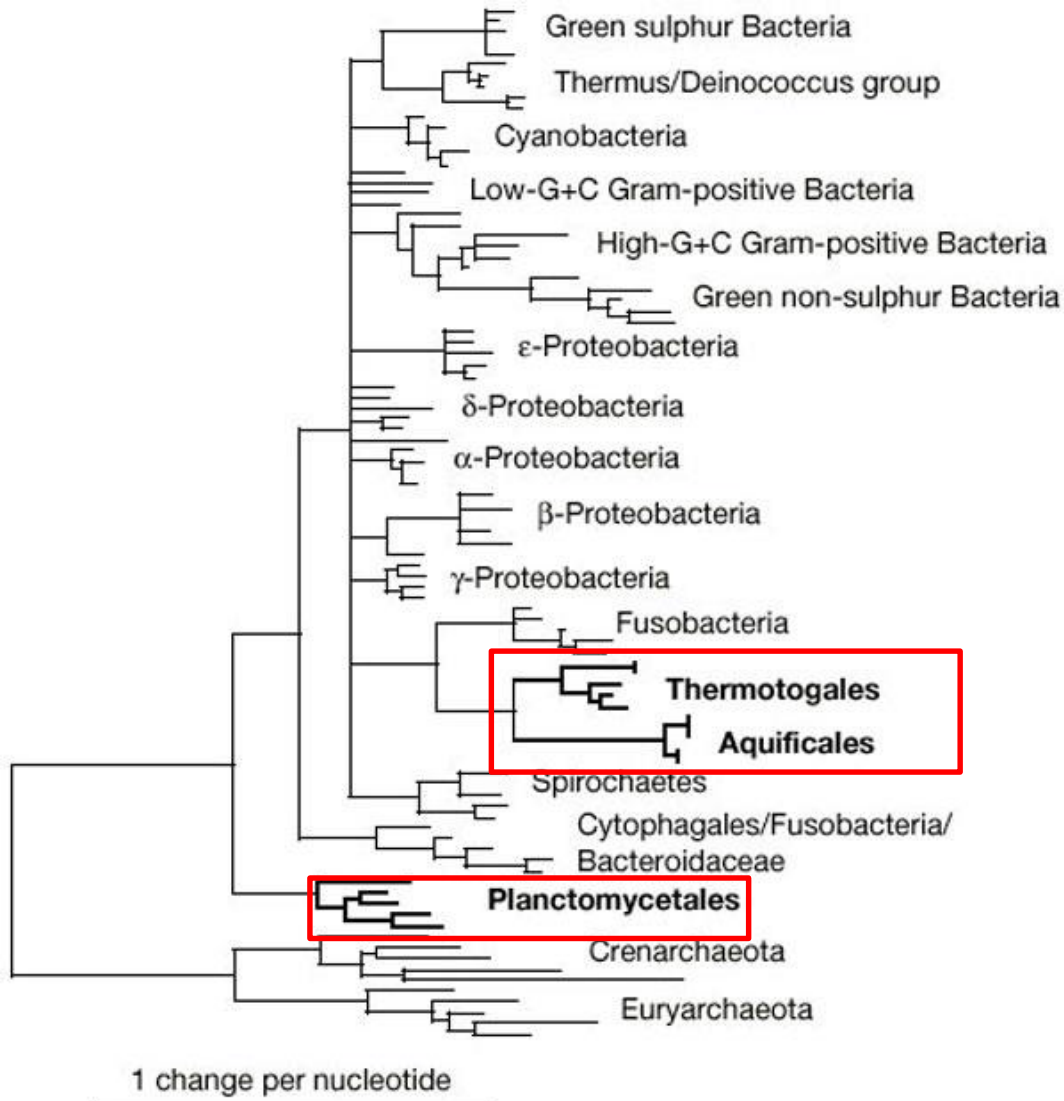
PVC superphylum - Planctomycetes



-l'hydrazine est hautement toxique – les « ladderans » limitent la diffusion vers le cytoplasme (augmentation de la densité de la membrane)

-génération d'un gradient de protons à travers la membrane → converti en ATP par une ATP synthase → ressemblance à la mitochondrie

Bacteria



-analyse de 16S rDNA, uniquement les *positions qui évoluent lentement* (supposé avoir subi moins de multiples substitutions)

-Planctomycetales sont à la base de l'arbre

- les hyperthermophiles groupent avec les Fusobacteries

-l'ancêtre des bactéries était mésophile et la thermophilie est une adaptation secondaire chez les Thermotogales et les Aquificales → HGT Archées!

L'origine et l'évolution des bactéries est une question majeure non-résolue

RESEARCH ARTICLE

Coleman et al., 2021, Science

BACTERIAL PHYLOGENY

A rooted phylogeny resolves early bacterial evolution

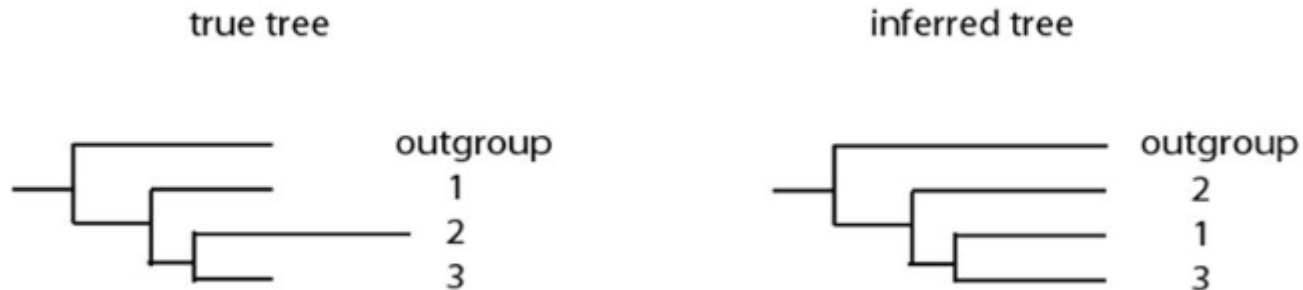
Gareth A. Coleman^{1†}, Adrián A. Davín^{2†}, Tara A. Mahendrarajah³, Lénárd L. Szánthó^{4,5}, Anja Spang^{3,6}, Philip Hugenholtz^{2‡*}, Gergely J. Szöllősi^{4,5,7‡*}, Tom A. Williams^{1‡*}

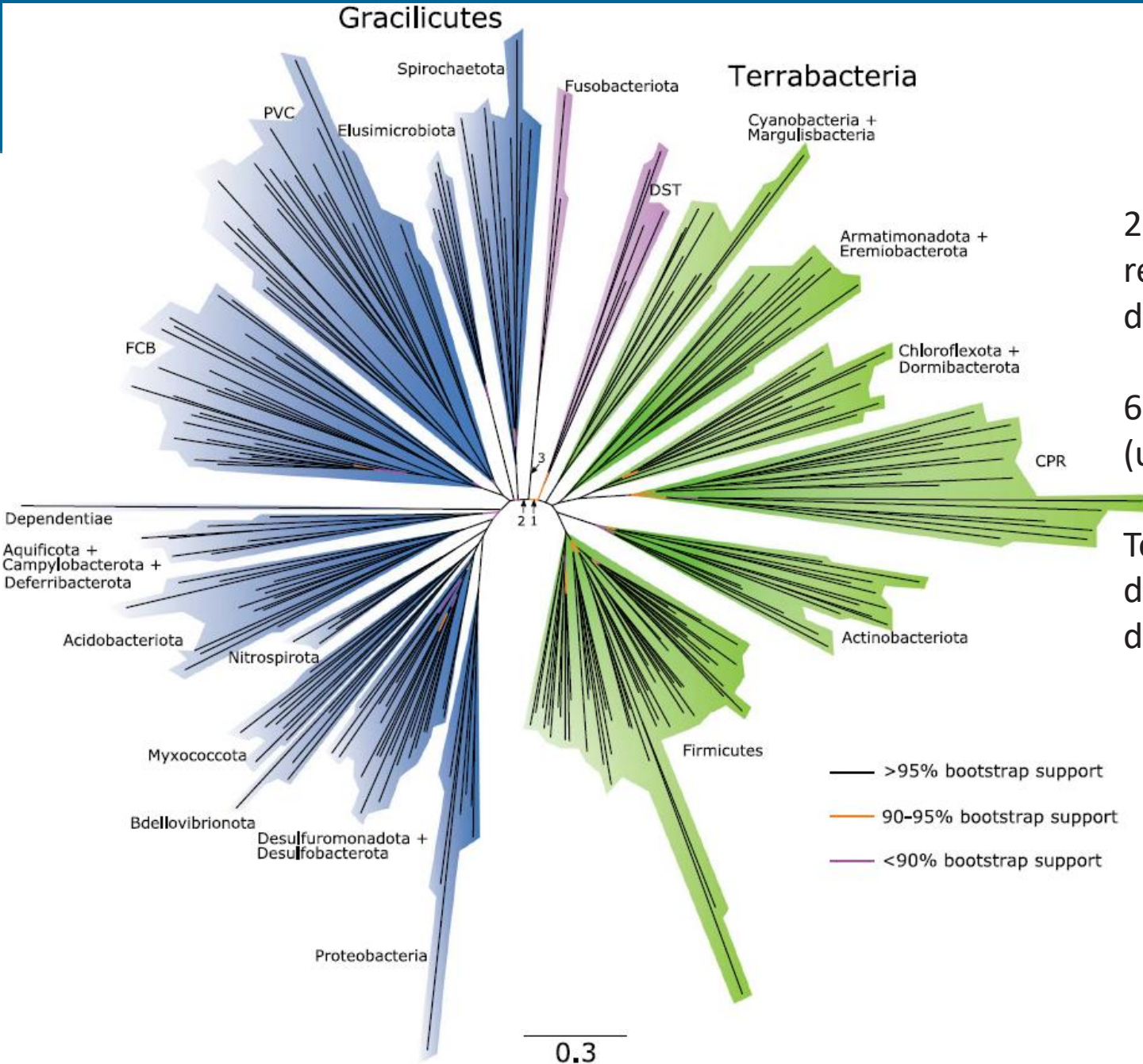
A rooted bacterial tree is necessary to understand early evolution, but the position of the root is contested. Here, we model the evolution of 11,272 gene families to identify the root, extent of horizontal gene transfer (HGT), and the nature of the last bacterial common ancestor (LBCA). Our analyses root the tree between the major clades Terrabacteria and Gracilicutes and suggest that LBCA was a free-living flagellated, rod-shaped double-membraned organism. Contrary to recent proposals, our analyses reject a basal placement of the Candidate Phyla Radiation, which instead branches sister to Chloroflexota within Terrabacteria. While most gene families (92%) have evidence of HGT, overall, two-thirds of gene transmissions have been vertical, suggesting that a rooted tree provides a meaningful frame of reference for interpreting bacterial evolution.

« Despite the abundance of genomic sequence data, the root of the bacterial tree and the nature of the most recent common ancestor of Bacteria have remained elusive. The problem is that even with the help of new data, tracing billions of years of bacterial evolution back to the root has remained challenging because standard phylogenetic models do not account for the full range of evolutionary processes that shape bacterial genomes. »

Bacteria

- Identification robuste des évènements de HGT et de duplication de gène peut être utilisée pour enraciner l'arbre des bactéries sans utilisation d'un outgroup ! On appelle cette approche « réconciliation » des arbres de gènes avec les arbres d'espèces (cf. Williams et al., 2017, PNAS).
- Cela permet d'éviter l'artefact d'attraction de longues branches





265 génomes
 représentatifs de la
 diversité bactérienne

62 gènes marqueurs
 (une copie)

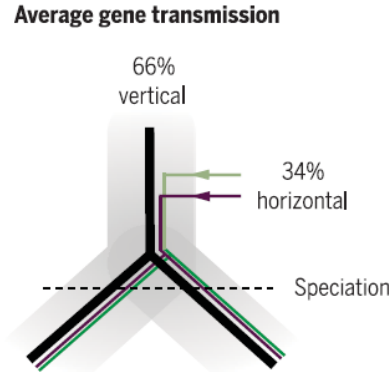
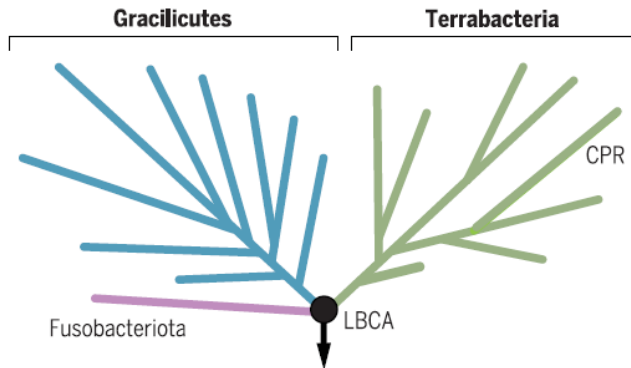
Test statistiques pour
 distinguer entre
 différentes racines

— >95% bootstrap support
 — 90-95% bootstrap support
 — <90% bootstrap support

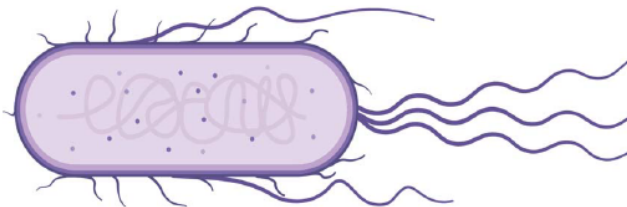
0.3

Bacteria

Rooted bacterial tree of life



Last bacterial common ancestor (LBCA)



- Rod-shaped cell
- Diderm with outer membrane
- Motility and chemotaxis
- CRISPR-Cas system

● Ribosomes ● DNA/nucleoid

Malgré des nombreux HGT la transmission verticale des gènes est la composante majeure d'évolution des bactéries – représentation de l'évolution sous forme d'un arbre phylogénétique est justifié

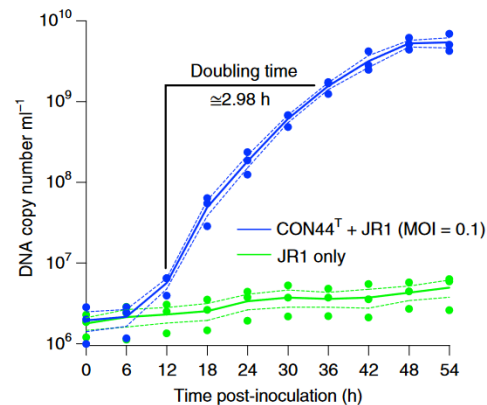
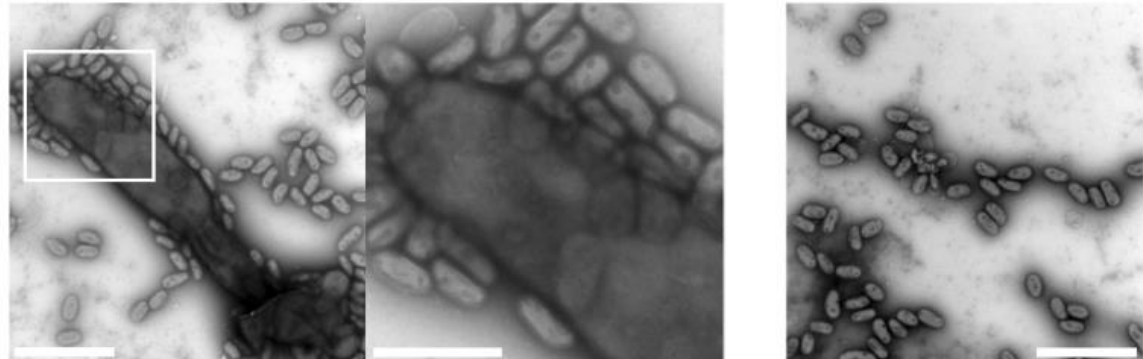
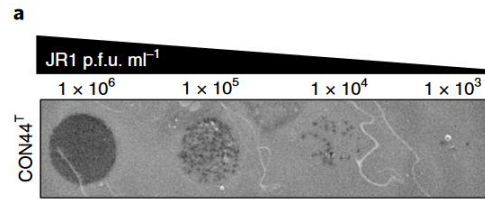
CPR ne sont pas des organismes « primitifs » mais ont évolué depuis les ancêtres « free living » par évolution réductive

Cocultivation of an ultrasmall environmental parasitic bacterium with lytic ability against bacteria associated with wastewater foams

Steven Batinovic^{1,3}, Jayson J. A. Rose^{1,3}, Julian Ratcliffe², Robert J. Seivour¹ and Steve Petrovski^{1,3*}

	JR1
Species	' <i>Candidatus M. amalyticus</i> '
Location	Australia
Year isolated	2019
Source	Activated sludge
Culture collection	
Genome length (bp)	1,081,308
Guanine-cytosine content	50.40%
16S identity to CON44 ^T	NT
ANI to CON44 ^T	NT
Genes	1173
rRNA operons	1
tRNA	43
CRISPR	0
Plasmids (size in bp)	0
Accession number	CPO45921

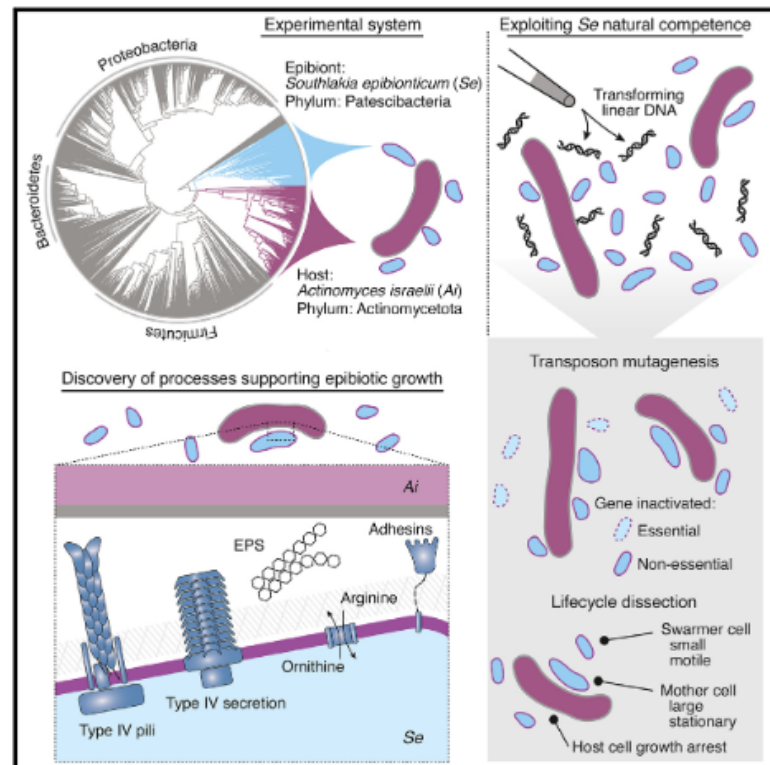
Candidatus « *Mycosynbacter amalyticus* » induit des plages de lyse...



...et se réplique en présence de la bactérie hôte

Genetic manipulation of Patescibacteria provides mechanistic insights into microbial dark matter and the epibiotic lifestyle

Graphical abstract

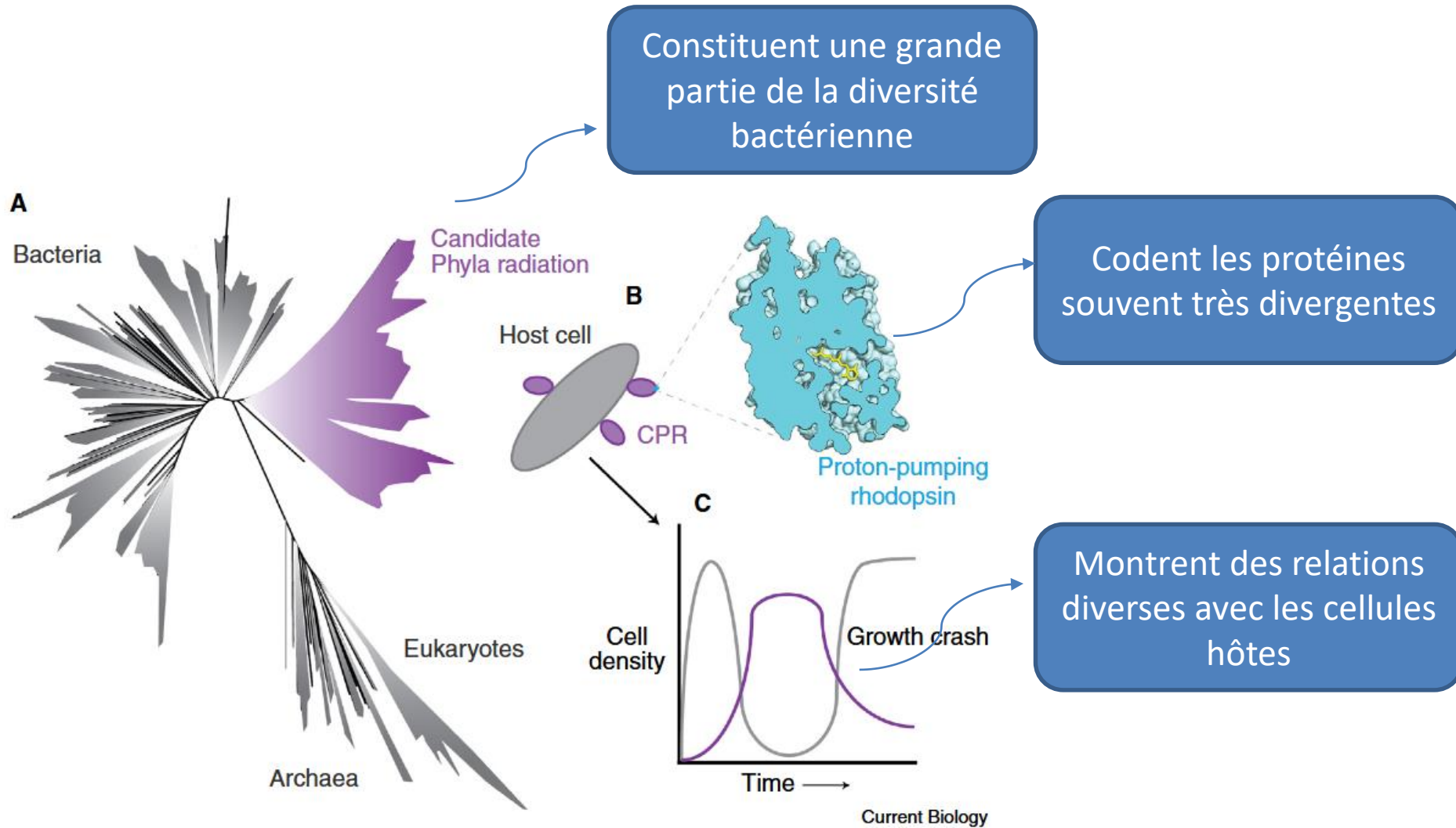


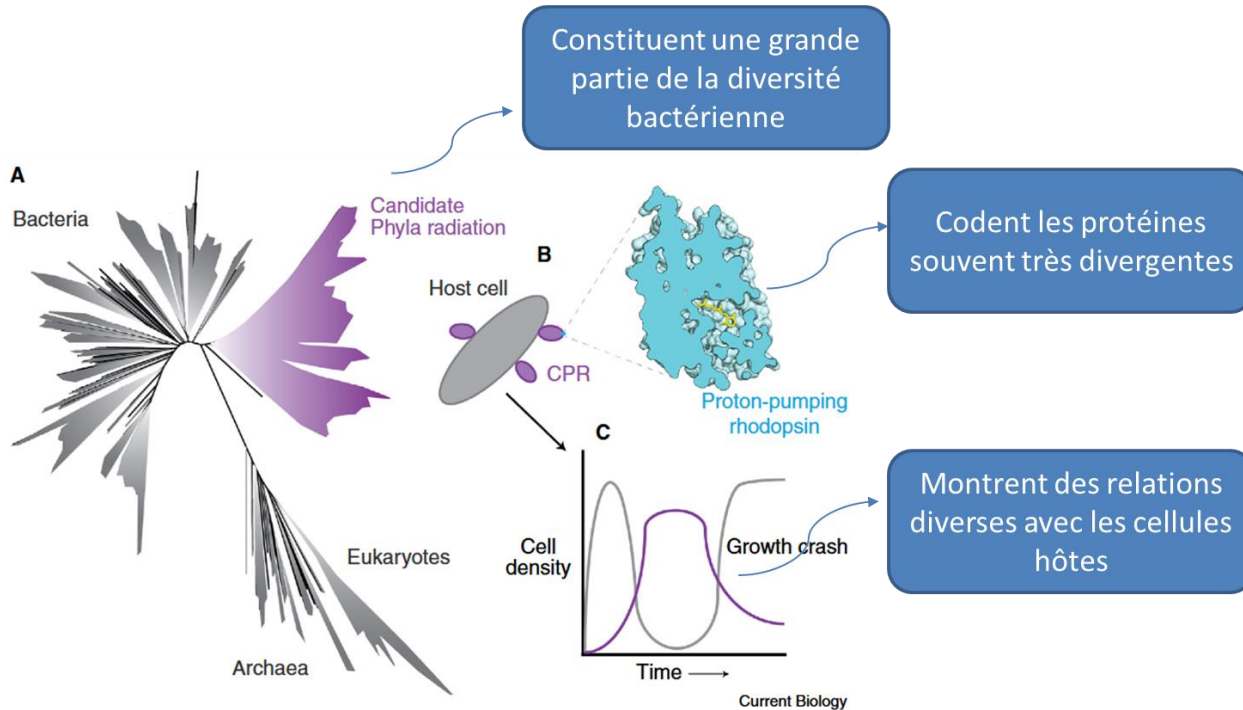
n.m. et adj. (du grec [epi] = dessus ; et [bio-] = vie, existence). **Organisme qui vit sur un autre être vivant.**

In brief

Discovery and exploitation of natural competence in Patescibacteria enables visualization of the bacterial epibiont lifecycle and dissection of its genetic underpinnings.

CPR





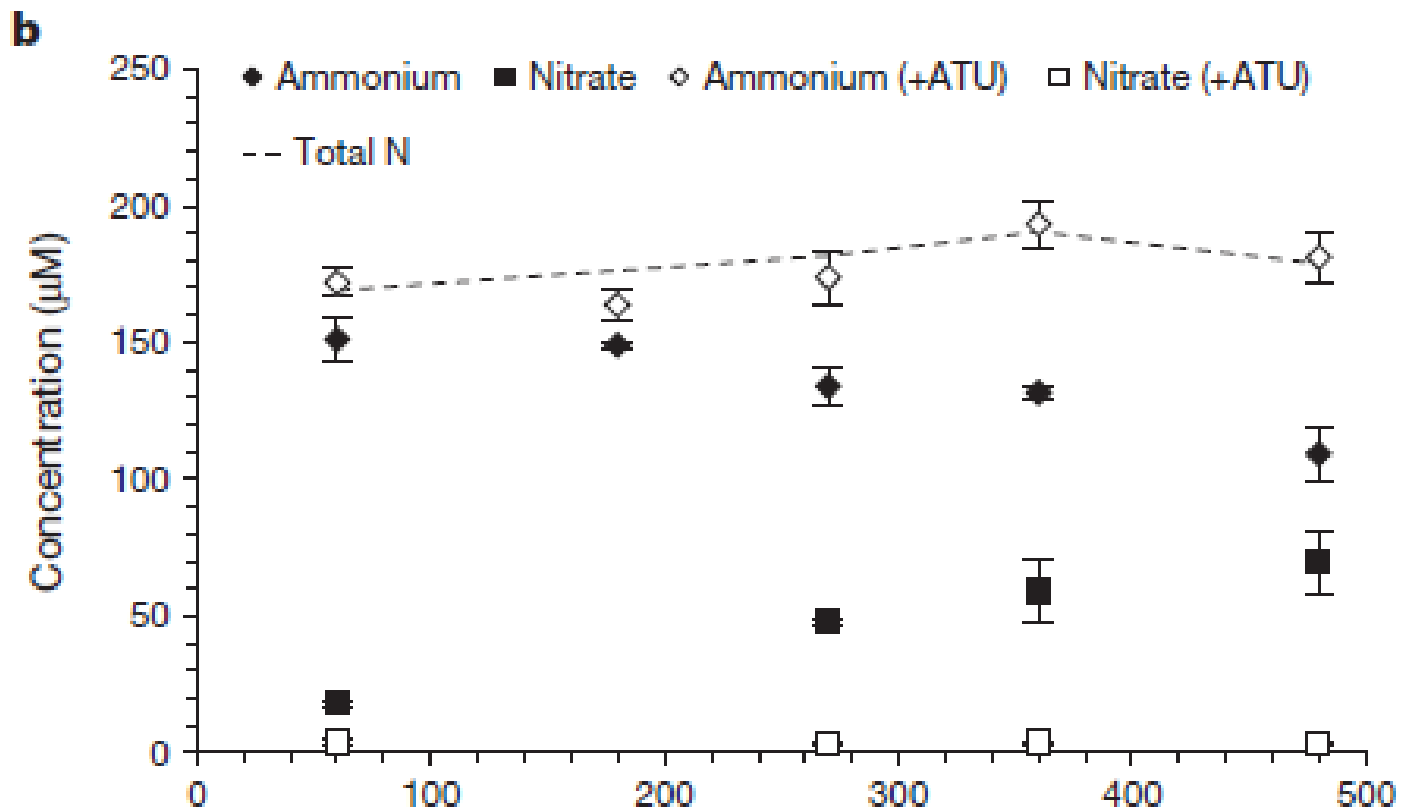
Placement sur l'arbre du vivant (bactéries) ?

Quelle est la force majeure derrière l'évolution des gènes ? Adaptation à l'hôte, environnement... ?

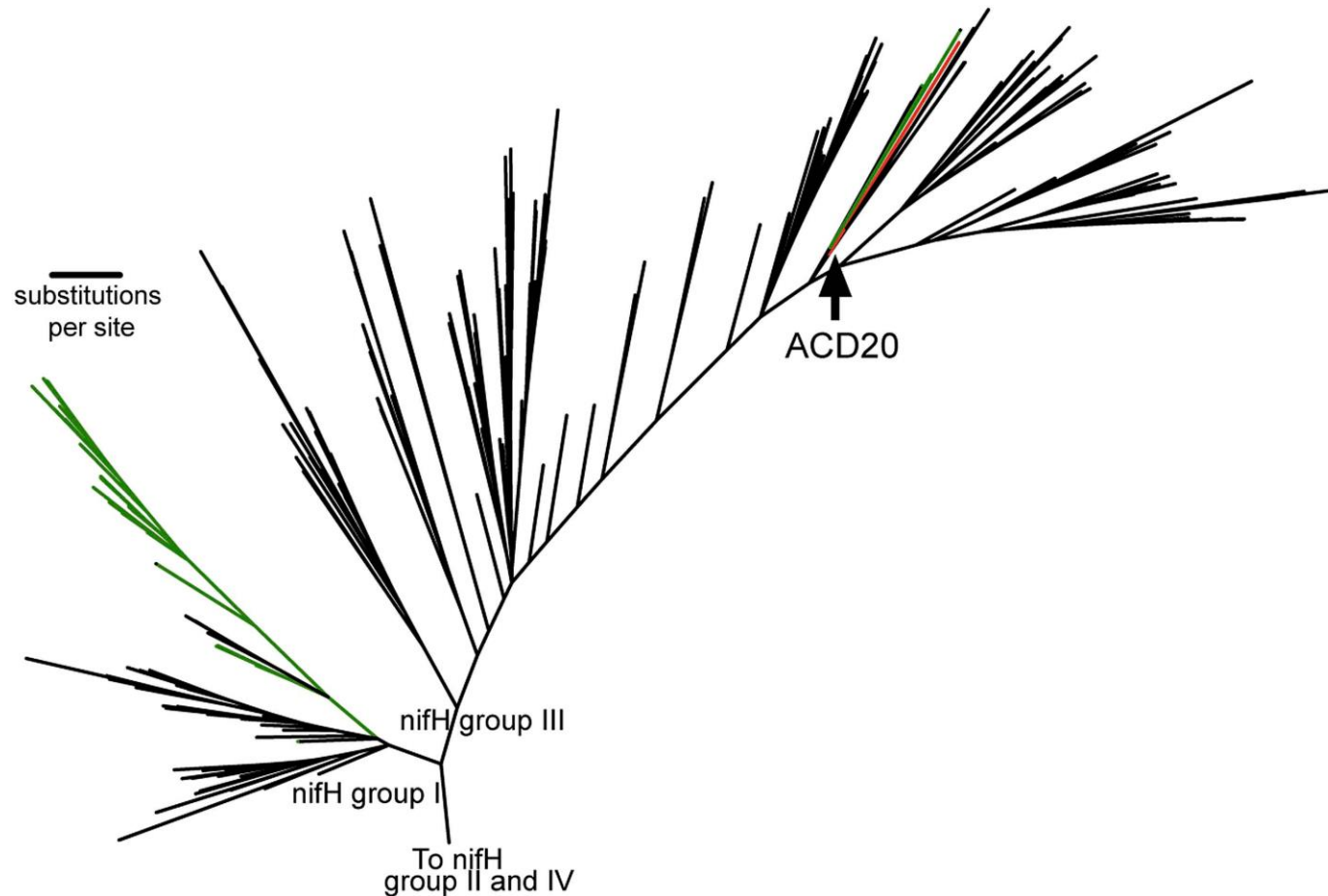
Quelle est la nature des relations CPR-hôte à travers des différentes branches des CPR?

Questions de révision

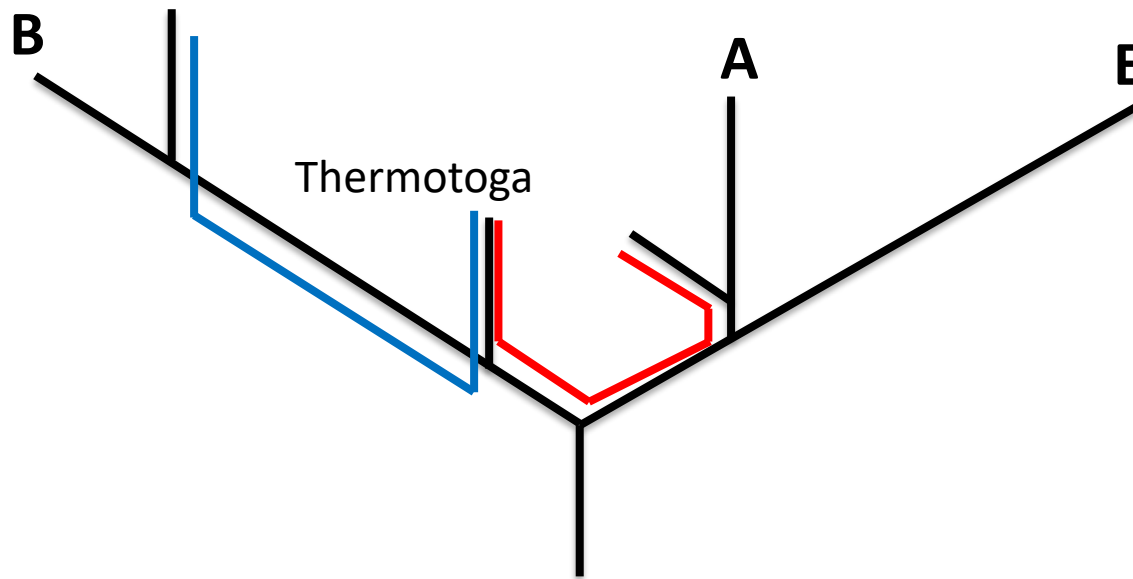
1. Qu'est ce que c'est une bactérie annamox? Pour répondre à cette question, appuyez vous sur les données ci-dessous de l'article qui décrit leur découverte en 2015. ATU correspond à un inhibiteur d'ammonium oxydase.



2. Les gènes *nif* confèrent aux cyanobactéries la capacité de fixer l'azote (N_2). Le groupe sœur de cyanobactéries, les Melainobactéries codent pour un orthologue de ces gènes (ACD20). La phylogénie de 865 *nif* gènes bactériens est présentée ci-dessous. Les gènes *nif* issus de Cyanobactéries sont indiqués en vert. Au vu de cette phylogénie est-il raisonnable de proposer que l'ancêtre commun de Melainobactéries et des Cyanobactéries était capable de fixer l'azote? Justifiez.



3. Les recherches par BLAST des gènes orthologues les plus proches peut des fois conduire à une surestimation du nombre de gènes ayant été acquis par transfert horizontal. Expliquez cela en s'appuyant sur le schéma ci-dessous.



4. Définissez la génomique comparative en vous appuyant sur la figure ci-dessous. Dans ce type d'analyse le phénomène de remplacement non-orthologue de gènes (NOGD) pose problème. Expliquez pourquoi.

