



EMI E0339

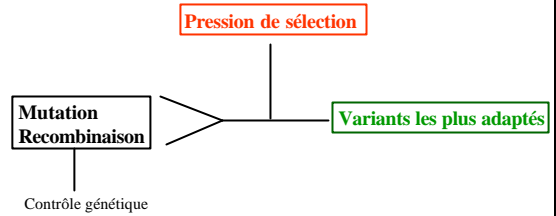


Histoire évolutive d'*Escherichia coli*, une bactérie versatile

JNI Strasbourg
11 juin 2004



Adaptation des organismes à leur environnement



Escherichia coli

➤ commensal du tube digestif

MAIS PARFOIS (RAREMENT)

➤ pathogène extra intestinal

- infection urinaire
- méningite néo-natale
- septicémie, pleurésie, abcès ...

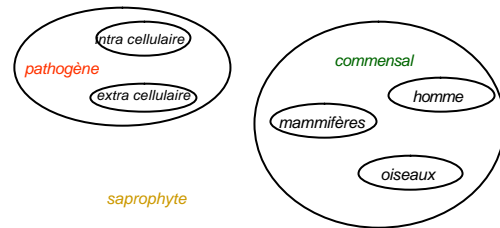
➤ pathogène intestinal

- entérotoxigène (ECET)
- entérohémorragique (ECEH)
- entéroinvasif (*Shigella* et ECEI)
- entéropathogène (ECEP)
- entéroaggrégatif (ECEA)
- diffuse aggrégatif (ECDA)

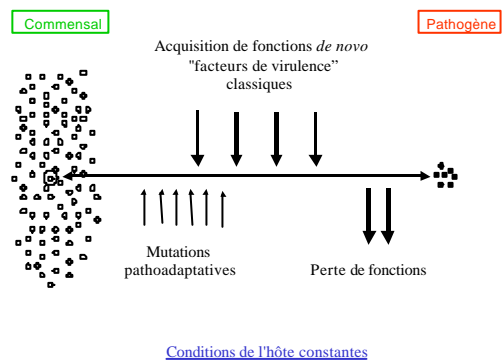
sévère

enfant

Les organismes s'adaptent à des niches différentes : spécialisation



Quels sont les paramètres écologiques et évolutifs qui permettent l'adaptation des microorganismes commensaux et pathogènes et le passage d'un état à l'autre ?

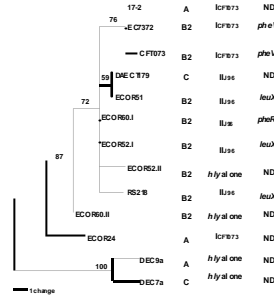


Comment reconstruire l'histoire évolutive des bactéries ?

>> Pas de fossiles bactériens

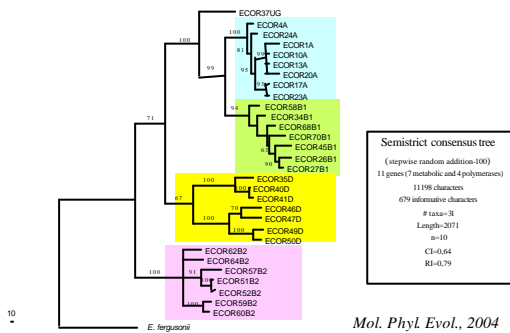
>> Les séquences d'ADN (et de protéines) des bactéries d'aujourd'hui sont le résultat de plusieurs milliards d'années d'évolution

L'histoire évolutive du gène *hly* est différente de celle des souches



Mol. Biol. Evol., 2004

Analyse simultanée sans transferts



Mol. Phyl. Evol., 2004

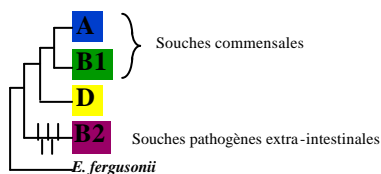
L'arrivée, la rétention et l'expression des facteurs de virulence dépend du fond génétique de la souche

- Egalement vrai pour les :
Shigella et ECEI
ECEH
ECET
- Fond génétique A, B1 et E (hors B2 et D = extraintestinales)

J. Mol. Evol., 2003 ; *Mol. Biol. Evol.*, 2004

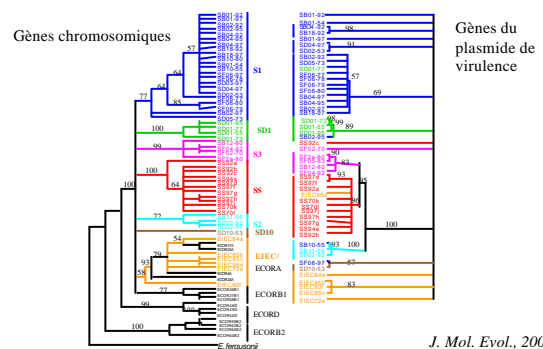
Scénarios évolutifs de la virulence : relation phylogénie / virulence

- Données épidémiologiques et modèle animal :
P Lien entre le groupe phylogénétique B2 et la virulence extra-intestinale



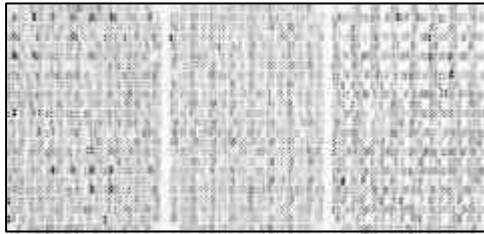
J. Infect. Dis., 1998 ; *Infect. Immun.*, 1999 ; *Microbiology*, 2001

Histoire évolutive des *Shigella* et ECEI



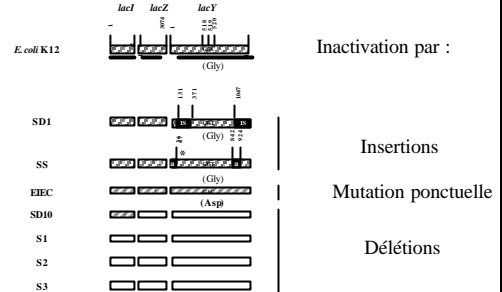
J. Mol. Evol., 2003

Membranes à haute densité d'échantillons (4290 gènes de *E. coli* K12)



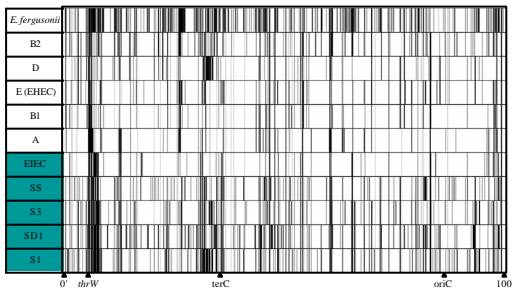
Hybridation avec une sonde d'ADN génomique de K12

L'exemple de l'opéron lactose

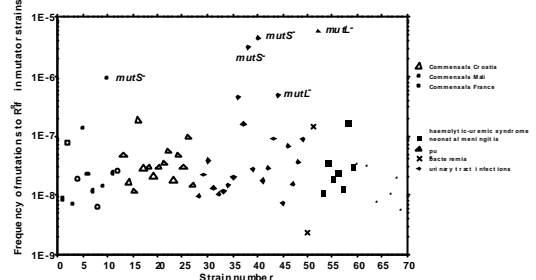


J. Mol. Evol., 2003

Les *Shigella* et ECEI présentent des délétions spécifiques

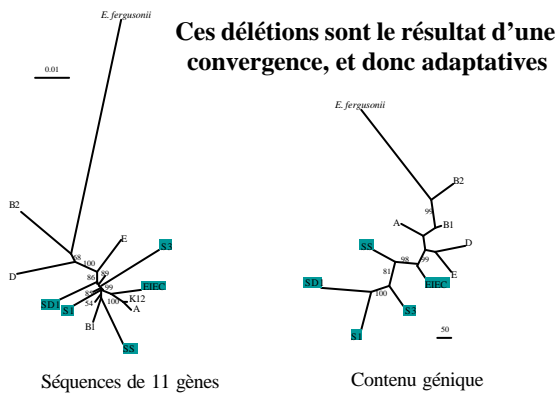


High polymorphism of mutation rates in commensal and pathogenic *Escherichia coli* natural isolates

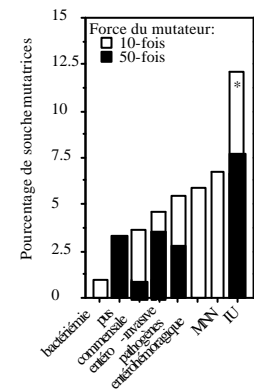


I. Matic, M. Radman, F. Taddei, B. Picard, C. Dolt, E. Bingen, E. Deramur and J. E. Hion
Science (1997) vol.277 p. 1833

Ces délétions sont le résultat d'une convergence, et donc adaptatives

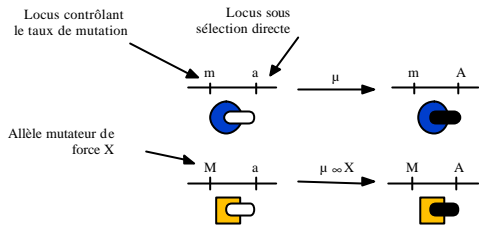


Plus de mutateurs parmi les souches d'infections urinaires

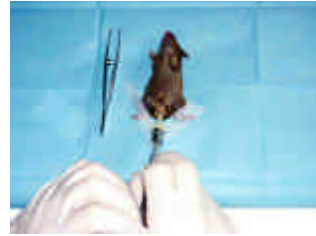


J. Bacteriol., 2002

Un modèle à deux locus bialléliques

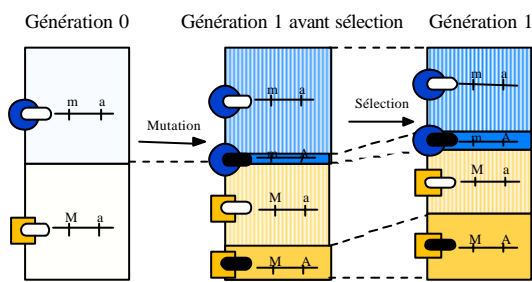


Une approche d'évolution expérimentale en modèle animal d'infection urinaire



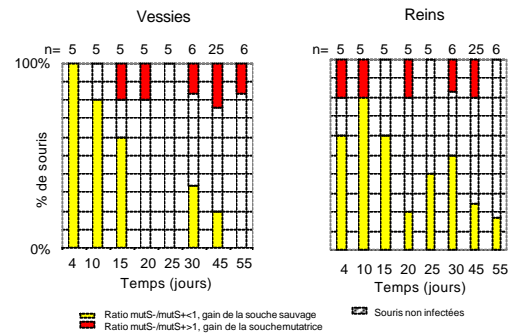
Infect. Immun., sous presse

Sélection des allèles mutateurs



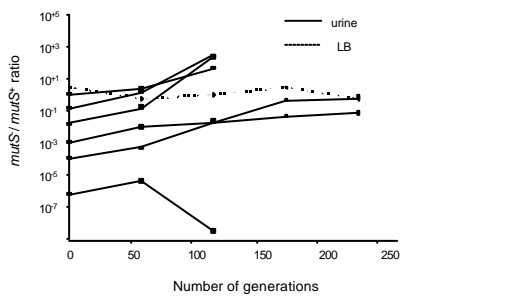
Genetics, 1999 ; PNAS, 2000

Persistance du phénotype mutateur au cours de l'infection



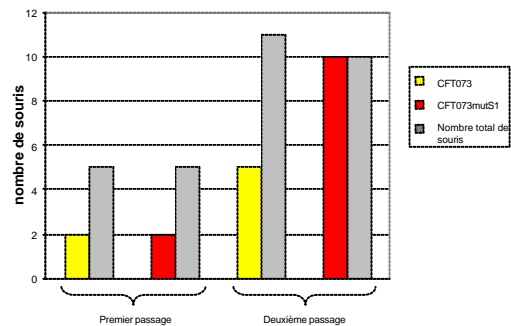
Le mutateur est avantageé en urine

Compétitions CFT073 sauvage (*mutS⁻*) / CFT073 *mutS1*(*mutS⁺*)



Infect. Immun., sous presse


Exaltation de la virulence pour le phénotype mutateur



INSERM E0339
 "Ecologie et évolution des microorganismes"

Olivier Tenaillon
 Bénédicte Gérard
 Patricia Escobar-Páramo
 Olivier Clermont
 Tony Le Gall
 Françoise Labat
 Christine Amarin
 Olivier Pradillon
 Emmanuelle Salgado
 Louis Gary
 Erick Denamur

INSERM U571
 Ivan Matic
 François Taddei
 Miroslav Radman

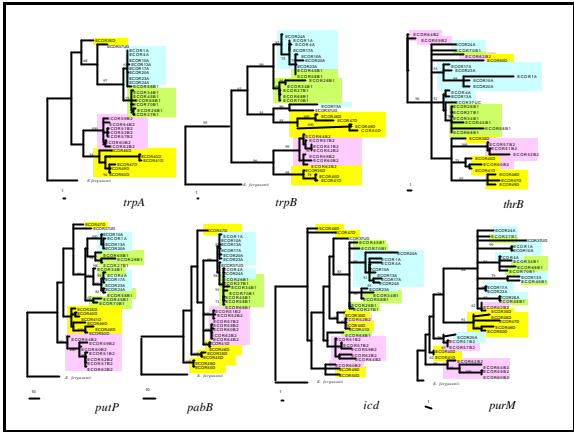


Muséum National d'Histoire Naturelle
 Guillaume Lecointre

INSERM U 535
 Pierre Darlu

Laboratoire de Microbiologie CHU Brest
 Bertrand Picard
 Stéphanie Gouriou

Laboratoire de Microbiologie Hôp. R. Debré
 Edouard Bingen
 Stéphane Bonacorsi



Bactérie	Homme
Reproduction et brassage du matériel génétique <u>dissociés</u>	Reproduction et brassage du matériel génétique <u>associés</u>
- reproduction clonale	- méiose
- "sexe" des bactéries transformation conjugaison transduction	

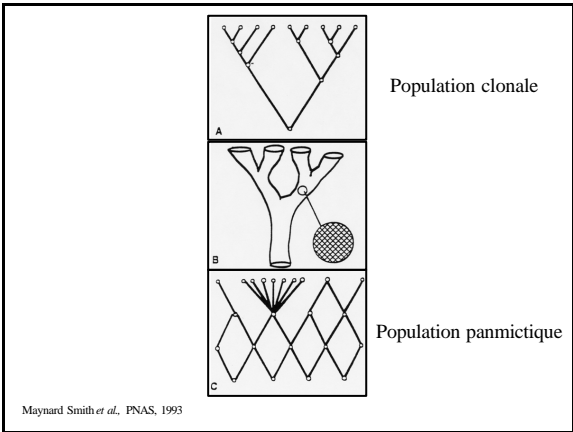
Les souches de méningites néonatales appartiennent à 70 % au groupe phylogénétique B2

AFC basée sur l'analyse des données du ribotypage

QuickTime™ et un décompresseur TIFF (LZW) sont requis pour visionner cette image.

- Souches de référence ECOR
- ↳ Souches de méningites

J. Infect. Dis., 1998



- Les souches des autres infections extraintestinales appartiennent aussi majoritairement au groupe phylogénétique B2.
- Les facteurs de virulence type adhésine, toxine, système de captation du fer, capsule sont retrouvés essentiellement chez les souches du groupe phylogénétique B2.
- Les souches commensales appartiennent majoritairement aux groupes phylogénétiques A et B1 et sont dépourvues de facteurs de virulence.

Infect. Immun., 1999 ; Microbiology 2001

**Lien entre le groupe phylogénétique B2 et
la virulence extra-intestinale**

