



La diversification du vivant.

2) Des horizontaux de gènes modifient les génomes et participent à la diversification du vivant

Correction TP4

Dans l'histoire de la vie, nous sommes restés étroitement liés avec les bactéries et les virus. Ainsi, les virus et les bactéries nous transmettent de temps à autre quelques-uns de leurs gènes. Et vice-versa...

C'est ce que l'on appelle le '**transfert horizontal**' de l'information génétique (s'oppose au transfert vertical, de parents à enfants lors de la reproduction sexuée).

a) Mise en évidence.

Doc A page 42

Principe de construction d'un arbre phylogénétique à partir des données moléculaires :

Plus 2 espèces vont présenter de similitudes au niveau de la séquence de molécules homologues, plus leur lien de parenté sera étroit, plus elle partageront un ancêtre commun récent (dont elles ont hérité cette molécule)

Comparez les 2 arbres : Notez l'ancêtre commun le plus récent des poissons « rouges »

Arbre 1 : comparaison de l'ARN 16S	Arbre 2 comparaison du gène de la lectine II-AFP
L'ancêtre commun des poissons notés en rouge est situé au niveau du premier nœud évolutif, il est très ancien.	L'ancêtre commun des poissons notés en rouge est situé au 3 ^e nœud évolutif, il est plus récent.

Les 2 arbres faisant apparaître 2 histoires évolutives contradictoires, on ne peut imaginer un transfert vertical d'un gène qui serait apparu en premier chez l'ancêtre commun de tous ces poissons.

On doit faire l'hypothèse d'un **transfert horizontal**.

b) mécanismes de transfert horizontaux.

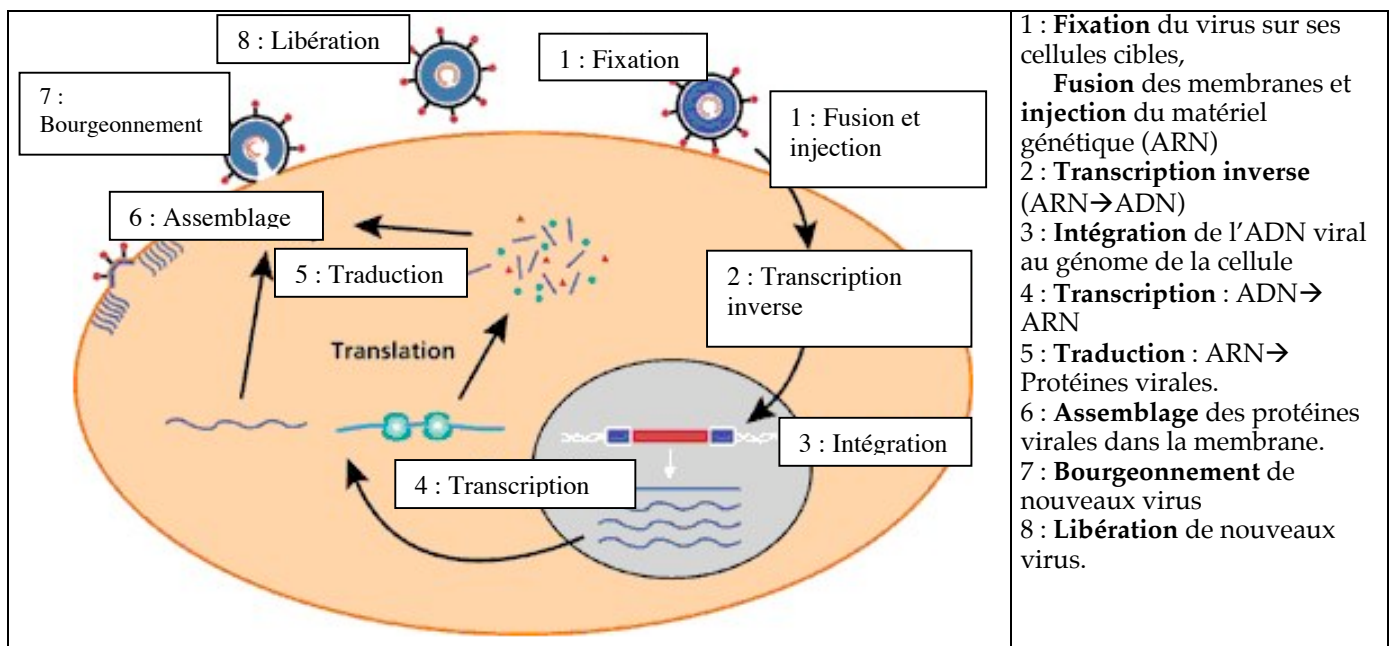
- Rôle des virus.

Doc B page 43

Cycle viral d'un retrovirus

<http://svtcollege.pagesperso->

orange.fr/Cartable_svt/troisieme/protection%20organisme/cycle%20VIH%201/cycle%20VIH%201.html



Visualiser les séquences virales : (taper viral genome dans la recherche)

http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/mapview/map_search.cgi?taxid=9606

L'analyse du génome humain a révélé, entre autres, **que 8 à 10 % de la séquence est d'origine virale !** ...alors que seulement ~1.5 % de la séquence du génome 'code' pour des protéines !

Les rétrovirus infectieux possèdent la propriété remarquable **de s'intégrer dans l'ADN de nos chromosomes**. En général, les cellules infectées sont des cellules somatiques qui ne sont pas impliquées dans la transmission de notre patrimoine génétique. Cependant, lorsqu'un rétrovirus parvient à infecter une cellule de la lignée germinale, le rétrovirus intégré peut se transmettre à la descendance comme n'importe quel gène : il devient alors un « rétrovirus endogène ».

Le génome de tous les vertébrés est ainsi envahi par de telles structures et le séquençage systématique d'un grand nombre de génomes, dont ceux de l'homme et de la souris, montre que les rétrovirus endogènes **représentent près de 8% du matériel génétique de ces espèces**.

Fort heureusement, la plupart des rétrovirus endogènes sont inactifs, en raison d'altérations génétiques, ou de la répression de leur expression par différents systèmes de contrôle développés par la cellule.

Les séquences d'ADN virales **sont des vestiges de l'infection, datant de plusieurs millions d'années, des cellules germinales de nos ancêtres primates par des rétrovirus**. La plupart de ces séquences sont inactives: elles ont subi des modifications les rendant incapables de coder pour la moindre protéine...

Les vestiges des génomes des rétrovirus endogènes peuvent contenir 3 gènes viraux typiques:

- « env » (code pour des protéines « enveloppe ») fusiogènes, elles permettent la fusion entre le virus et la cellule cible)
- « pol » (code pour une polymérase impliquée dans la réplication de l'ADN du virus)
- « gag » (code pour les protéines de la capsides du virus).

Doc page 57

Quelques rares éléments sont cependant toujours capables de produire des protéines d'origine rétrovirale.

Parmi celles-ci, on trouve des protéines d'enveloppe (env) exprimées à la surface de certaines cellules et qui ont gardé une des propriétés de leur ancêtre « rétrovirus », à savoir la capacité à faire fusionner deux membranes lipidiques entre elles.

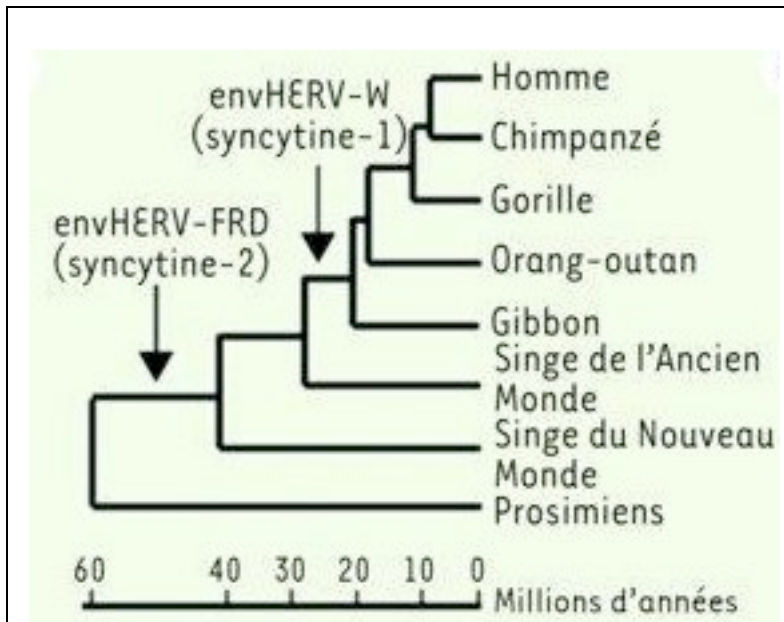
Cette propriété est essentielle pour le rétrovirus car elle lui permet d'entrer dans la cellule par un mécanisme de fusion de la membrane virale avec celle de la cellule infectée.

C'est le cas pour deux gènes du génome humain d'origine rétrovirale, (chromosome 7) exprimés spécifiquement au niveau du placenta, et qui possèdent effectivement la capacité de faire fusionner des cellules entre elles, dans des tests réalisés sur des cellules en culture. Ces phénomènes de fusion cellulaire conduisent à la formation de structures géantes appelées « syncytia », constituées par la réunion de cellules individuelles en une seule « nappe » cellulaire multinucléée. Cette propriété a conduit à nommer les deux gènes en question **gènes de « syncytines »**, et à faire l'hypothèse que les protéines codées par ces fameux gènes pourraient être responsables de la formation d'un constituant essentiel du placenta appelé le syncytiotrophoblaste. Cette structure cellulaire constitue une interface continue et une zone d'échange entre le sang maternel et le sang fœtal. Elle joue un rôle crucial pour la survie du fœtus et serait nécessaire pour l'établissement de la tolérance immunitaire materno-fœtale.

Chez quelles espèces retrouve-t-on une protéine similaire à la syncytine humaine ?

L'ancêtre du gène de la syncytine est le gène viral 'env'.

On note que les similitudes sont beaucoup plus nombreuses avec le chimpanzé qu'avec le babouin : on peut faire l'hypothèse que le gène viral de la syncytine était présent chez l'ancêtre commun du babouin et de l'Homme mais il a subi des mutations qui l'ont modifié chez l'ancêtre commun de l'homme et du chimpanzé puis le gène a évolué indépendamment dans les 2 lignées.



Les syncytines ont 'récupéré' les propriétés fusio-gènes des gènes viraux 'env'.

Le rétrovirus à l'origine des syncytines aurait été 'capturé' par un ancêtre primate, il y a 45 à 70 millions d'années.

La syncytine n'est retrouvée que chez les descendants de ces primates (les simiens).

NB : on retrouve des séquences comparables chez les rongeurs. Ce résultat indique, qu'à plusieurs reprises au cours de l'évolution des mammifères, des gènes d'enveloppe de rétrovirus ont été capturés et conservés pendant plusieurs dizaines de millions d'années, de manière indépendante à la fois dans la branche des primates et celle des rongeurs.

Une hypothèse peut alors être faite, selon laquelle l'apparition des mammifères placentaires il y a près de 100 millions d'années pourrait être liée à la « capture fondatrice » d'un rétrovirus – dont on sait qu'ils sont apparus bien avant les mammifères- qui aurait permis de passer d'un mode de développement embryonnaire « externe », chez les animaux qui pondent des œufs, à un mode « interne » dans lequel l'embryon est alimenté et protégé du système immunitaire de la mère par son placenta.

Ces résultats démontrent que l'infection d'espèces ancestrales par des rétrovirus infectieux, la transmission verticale des rétrovirus intégrés, et la capture de leur gène d'enveloppe sont des phénomènes aléatoires qui ont contribué à l'établissement de fonctions essentielles pour les mammifères.

➤ **Le rôle des bactéries.**

Exercice :

Les algues du genre *Porphyra* constituent un élément de base dans la confection des sushis aliments très consommés par les Japonais, et qu'ils parviennent à digérer facilement, contrairement aux occidentaux.

Doc 1 : Ces algues contiennent dans leur paroi des glucides complexes (les porphyranes) qui ne sont dégradés que par des protéines spécifiques : porphyranases.

Ces enzymes, absentes dans les cellules humaines sont présentes dans de nombreuses bactéries marines dont *Zobéliea galactinovorans*

Doc. 2 : Des gènes codant pour les porphyranases ont été recherchés dans les bactéries constituant la flore intestinale d'individus japonais (J) et nord américains (NA)

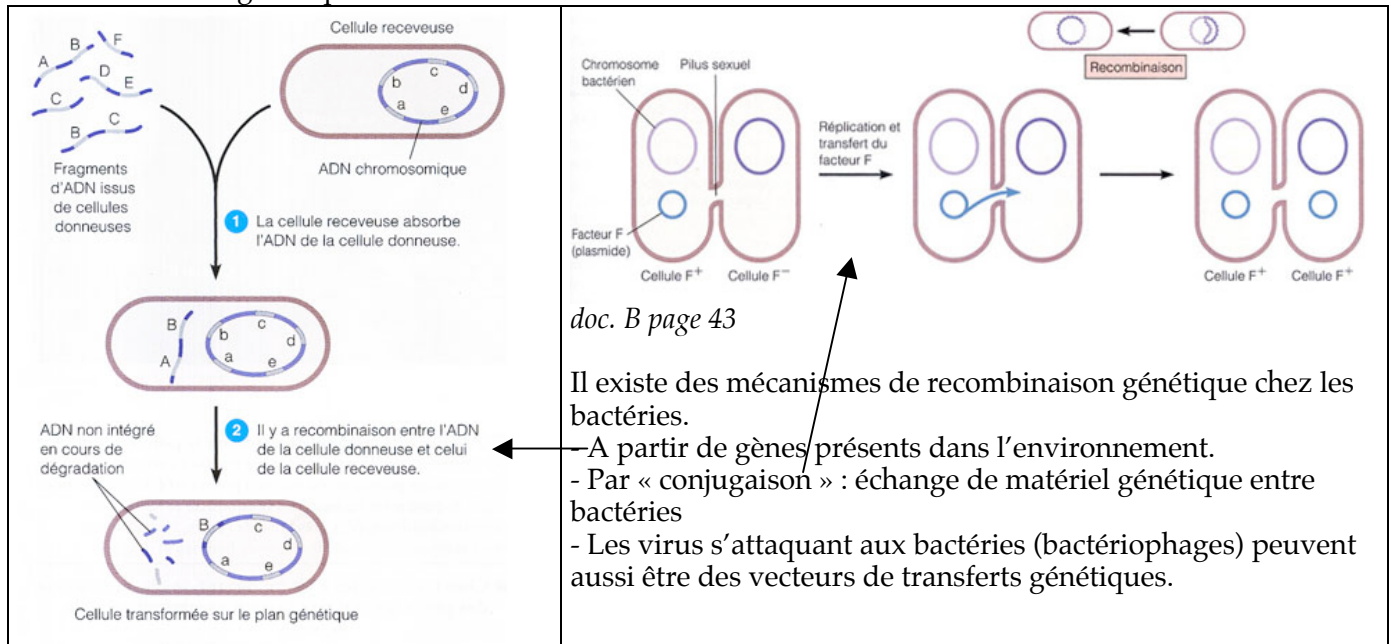
Dans cette étude, la bactérie *Zobéliea* n'est jamais retrouvée dans la flore intestinale des individus.

Recherche de séquences similaires à la porphyranase de *Z. g.* dans la flore intestinale de quelques individus.

Individus testés	J1	J2	J 13 (fils de J2)	J4	J5	NA (18 testés)
Nombre de séquences similaires à la porphyranase	3	1	2	0	1	0
% d'identité de séquence	83, 84, 93 %	84%	87, 94 %	-	100%	-

Saisie	Interprétation
<p>-<u>Chez les Japonais</u>, on trouve des séquences similaires à la porphyranase, avec des similitudes très élevées (83 → 100%),</p> <p>-Contrairement aux <u>Nord Américains</u>,</p> <p>-Alors qu'aucune bactérie <i>Lobéliea</i> n'est présente.</p>	<p>On peut faire l'hypothèse que les bactéries de la flore intestinale des Japonais ont intégré les gènes des porphyranases, ce qui a modifié leurs génomes et leur a conféré la propriété de produire ces enzymes.</p> <p>Les Japonais peuvent ainsi digérer les porphyranes.</p> <p><i>Mais comment un tel transfert est-il possible ?</i></p>

Doc 3 : Transfert génétique chez les bactéries.



Saisie	Interprétation
<p>Les bactéries sont capables :</p> <ul style="list-style-type: none"> - D'intégrer des fragments d'ADN présents dans le milieu à leur génome. - D'échanger du matériel génétique par conjugaison - De capter les gènes transmis par des virus 	<p>On peut faire l'hypothèse que les gènes des porphyranases ont été transférés aux bactéries de la flore intestinale des Japonais. Elles ont ainsi acquis la capacité de synthétiser des porphyranases et de digérer les porphyranes.</p>

Les bactéries peuvent ainsi être transformées génétiquement, acquérir de nouvelles fonctions et donner aux organismes qui les abritent, éventuellement, de nouvelles capacités qui peuvent représenter des avantages sélectifs.

➤ D'autres exemples :

<p>Ascidies</p> <p>Animaux vivants fixés et dont la tunique (« enveloppe externe») est constituée de cellulose, composé présent spécifiquement dans le monde végétal</p>		<p>Transfert bactérien des gènes impliqués dans la synthèse de la cellulose.</p>
<p>Nématodes</p> <p>Capables de digérer la cellulose contrairement aux autres animaux</p>		<p>Transfert bactérien du gène de la cellulase, enzyme permettant la digestion de la cellulose.</p>
<p>Pucerons</p> <p>La couleur orange du corps est due à la présence de caroténoïdes, molécules non synthétisées par les animaux.</p>		<p>Transfert des gènes nécessaires à la synthèse des caroténoïdes à partir de champignons</p>