

Bio 14 : Organisation des génomes
--

Les attendus du programme officiel

La présentation des génomes et de leur organisation est l'occasion de préciser les points communs et les différences entre Eucaryotes, bactéries et virus. L'expression des génomes et son contrôle s'appuient uniquement sur des exemples eucaryotes et permettent de discuter du concept de gène. La présentation de la transmission des génomes au cours des divisions cellulaires permet de rappeler et comparer les principales caractéristiques des divisions mitotique et méiotique. Elles sont mises en lien avec leurs implications dans les processus de développement et de reproduction qui sont abordés par ailleurs dans le programme. Les processus de diversification des génomes sont l'occasion de comprendre la diversité génétique observée à l'échelle des populations et à l'échelle des espèces. Les mécanismes de maintien ou de réduction de la diversité génétique produite, soit par des tris sélectifs, soit par des processus aléatoires, sont abordés dans la partie sur l'évolution. Enfin, cette partie est l'occasion de présenter quelques techniques couramment utilisées au laboratoire pour étudier les génomes et leur expression.

L'ensemble des molécules d'ADN contenues dans une cellule et l'information qu'elles portent constitue son génome.

L'étude des génomes passe par une panoplie de techniques dites de biologie moléculaire. Des techniques de séquençage permettent de déterminer la séquence d'un fragment d'ADN puis de proche en proche la séquence des génomes. L'utilisation d'outils bioinformatiques permet d'identifier les différents types de séquences codantes et non codantes.

- Réaliser et analyser les résultats d'une électrophorèse d'ADN.
- Interpréter l'organisation des génomes à partir des résultats de séquençage.
- Exploiter les données de séquençage pour réaliser des alignements de séquences et comparer les séquences.

Précisions et limites :

Les principes généraux et les objectifs des différentes techniques évoquées sont à connaître mais les protocoles ne sont pas à mémoriser.

Pour le séquençage, seul le principe de la méthode de Sanger doit être connu.

La mise en œuvre pratique n'est exigible que pour l'électrophorèse. La maîtrise d'un logiciel d'alignement de séquences n'est pas exigible (la fiche technique du logiciel est fournie).

Chez les bactéries, le génome à localisation cytoplasmique est constitué d'un chromosome circulaire et éventuellement de plasmides. Le génome des bactéries est constitué presque exclusivement de régions codantes. Certaines sont associées à des régions régulatrices communes ce qui forme des opérons. Chez les Eucaryotes, on distingue le génome nucléaire et le génome des organites. Le génome nucléaire est constitué de chromosomes linéaires. L'ADN nucléaire des Eucaryotes est associé à des protéines dont des histones, constituant la chromatine. Il existe différents niveaux de condensation de la chromatine. Le génome nucléaire des Eucaryotes comporte une part importante de séquences non codantes aux rôles divers. La majorité de ces séquences est répétée. Les gènes eucaryotes sont généralement morcelés. Les virus ou particules virales sont des entités nucléoprotéiques comprenant un acide nucléique (sous forme d'ADN ou d'ARN) constituant le génome viral, et des protéines. On distingue des protéines à rôle structural, formant la capsid, et parfois des protéines à

- Comparer l'organisation du génome des bactéries, des Eucaryotes et des virus.
- Comparer le génome cytoplasmique eucaryote et celui des bactéries.
- Estimer la proportion de séquences codantes et non codantes dans les génomes des Eucaryotes, des bactéries et des virus.

- Illustrer la diversité structurale et la diversité d'hôte des virus.

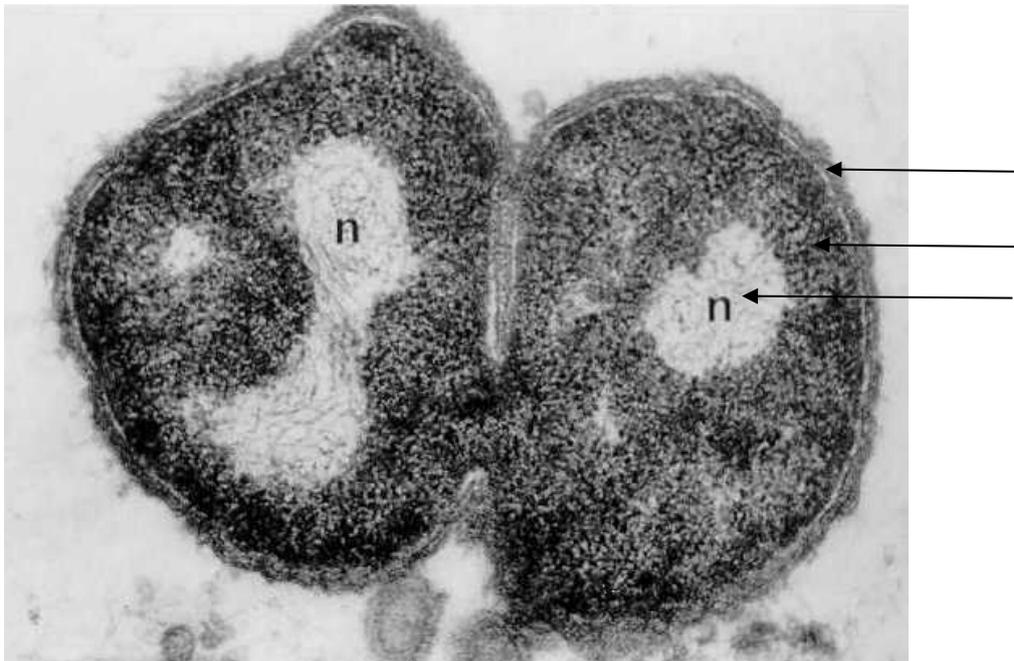
rôle enzymatique. Les virus sont très divers et possèdent parfois une enveloppe lipoprotéique.

Précisions et limites :

On se limite à mentionner la présence de protéines structurales associées à l'ADN chez les bactéries, sans détailler l'organisation moléculaire du chromosome bactérien. On se limite à la présentation de la structure de l'opéron lactose chez E. coli.

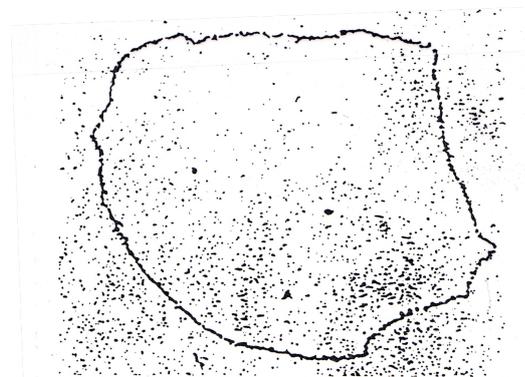
Aucune monographie de chaque virus n'est attendue. Il s'agit de montrer la diversité structurale (organisation structurale, taille, présence ou non d'une enveloppe, nature de l'information génétique) et la diversité d'hôte à l'aide de trois exemples, sans rentrer dans les détails des cycles de multiplication : bactériophage lambda, VMT, un coronavirus zoonotique.

Document 1 : le nucléoïde bactérien



1 μ m

Document 2 : le chromoïde bactérien

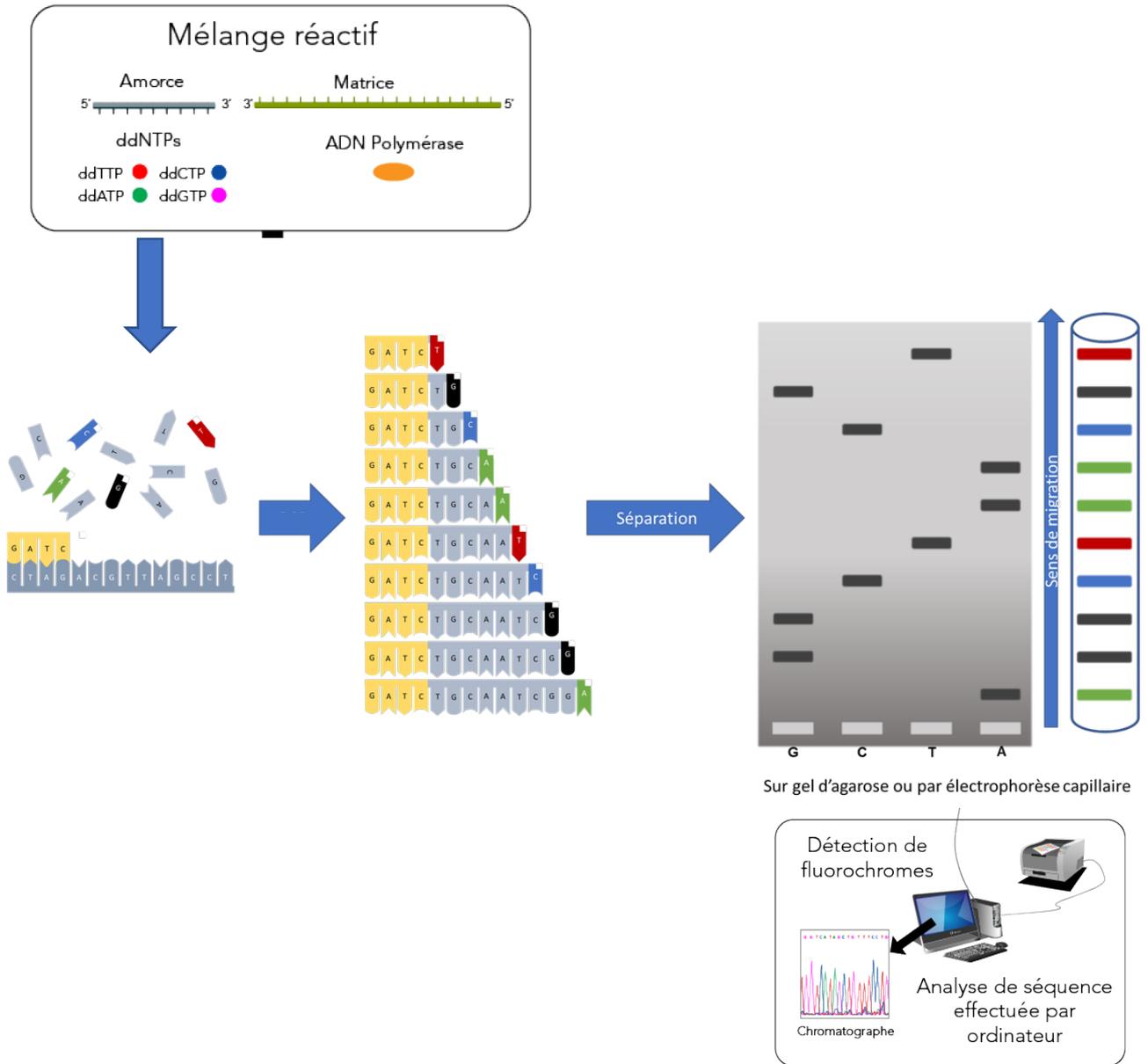


Nucléoïde bactérien étalé.

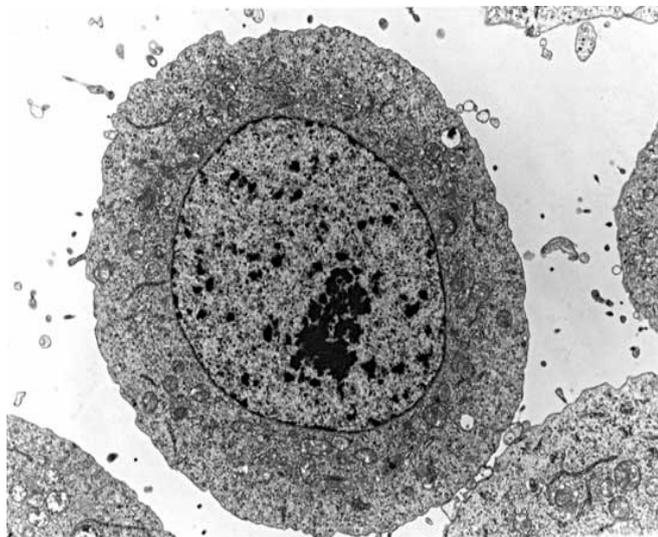
Les grains d'argent, situés dans la gélatine (restes de l'émulsion) recouvrant les nucléoïdes étalés, marquent l'emplacement des atomes de ^{3}H -thymidine sous-jacents (incorporés dans l'ADN bactérien); leur emplacement indique donc le contour du nucléoïde.

Chromoïde radioactif, extrait et étalé. X 10 000.

Document 3 : technique de séquençage selon Sanger



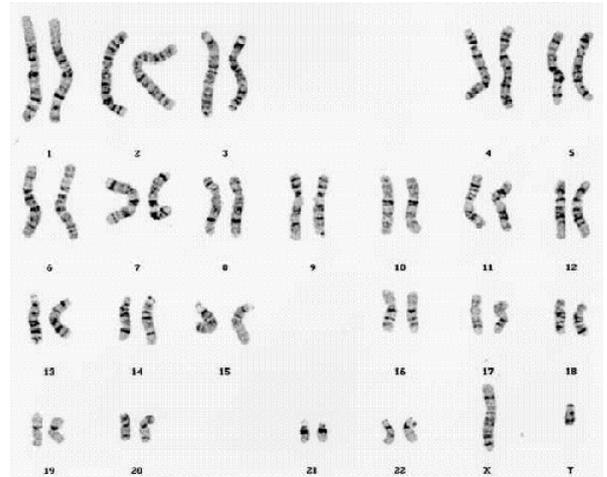
Document 4 : le noyau de cellule eucaryote (5µm)



Document 5 : le caryotype

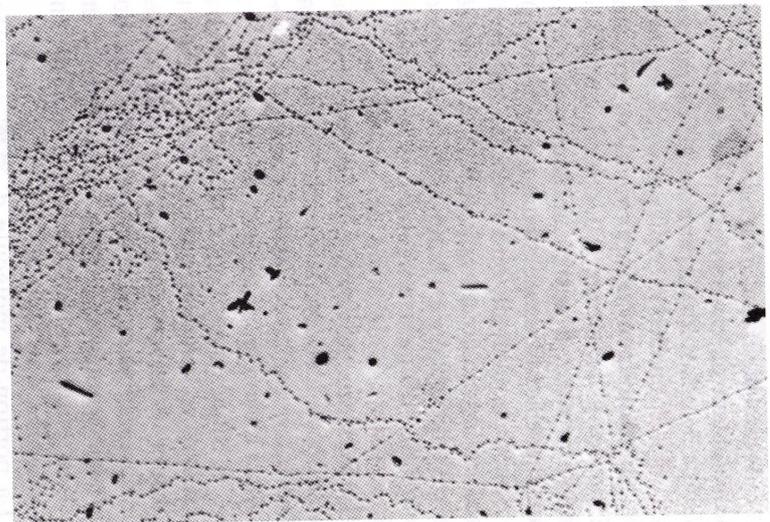
Exemple du caryotype humain

2 μ m

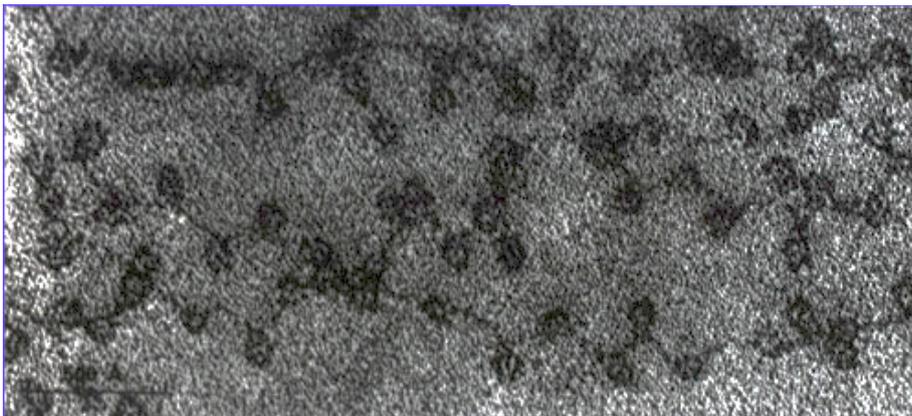


Document 6 : le nucléofilament

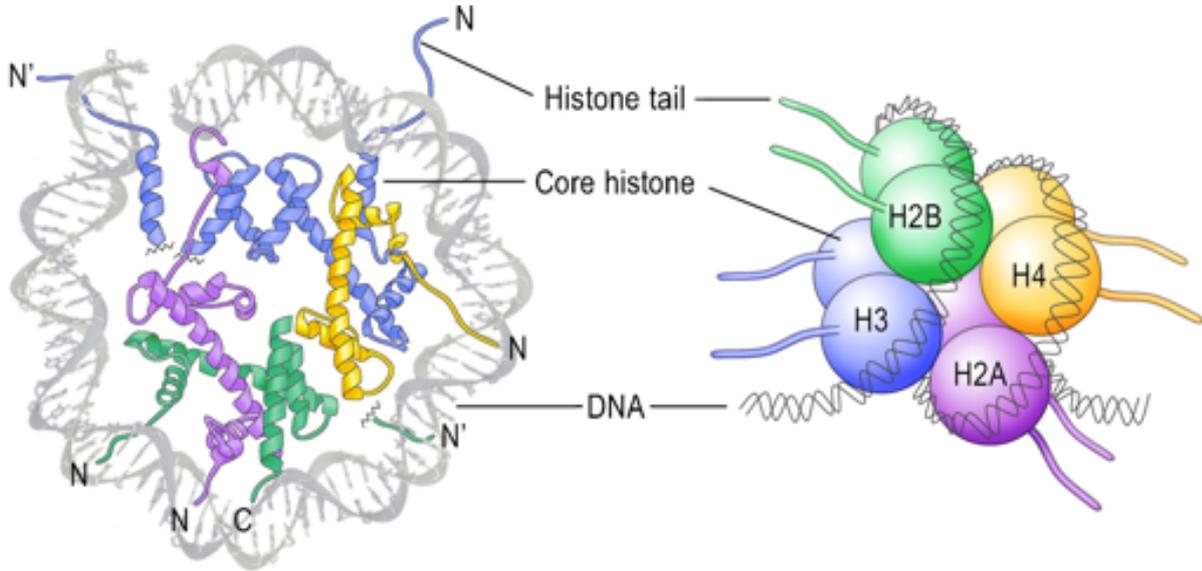
X 100 000



X 500 000

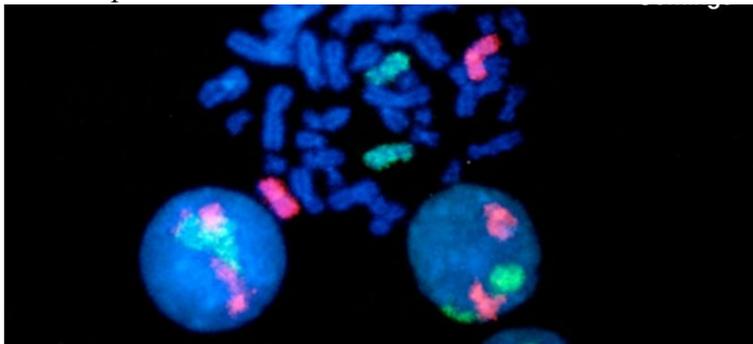


Document 7 : le modèle d'un nucléosome

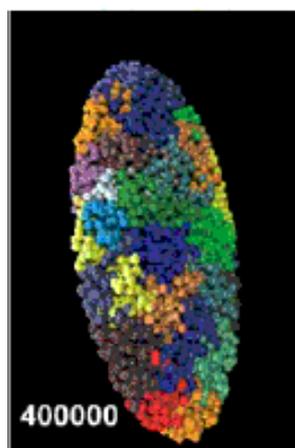


Document 8 : Les territoires chromosomiques dans le noyau

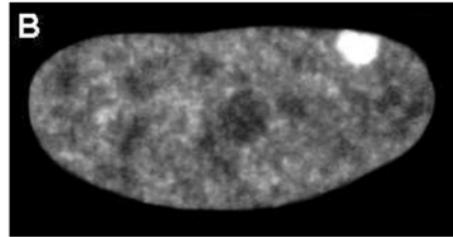
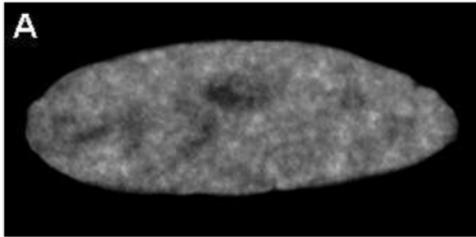
Approche expérimentale :



Résultat : un noyau régionalisé

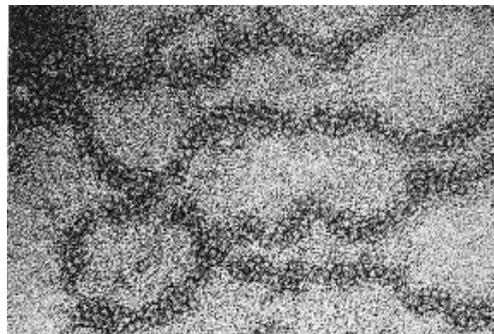


Cas particulier du corpuscule de Barr : mise en évidence du corpuscule par immunocytochimie
A- noyau de cellule XY
B-noyau de cellule XX

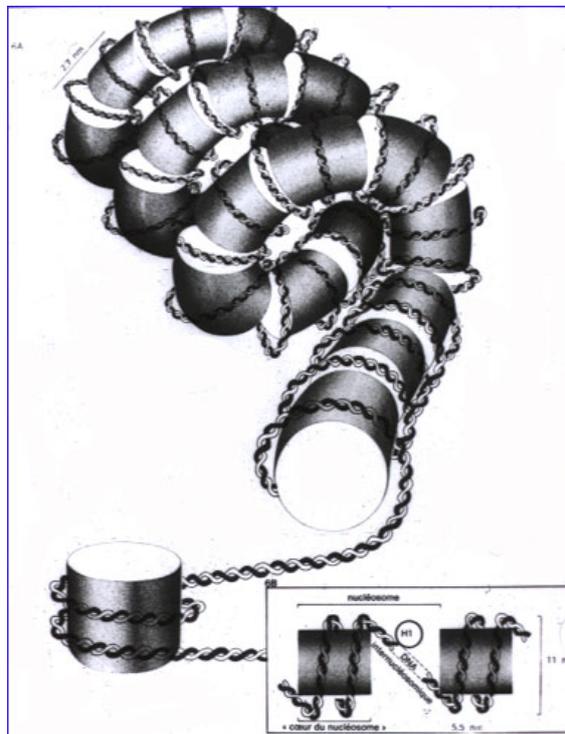


D'après B. Hong et al., *PNAS*, 2001

Document 9 : la fibre de 30 nm

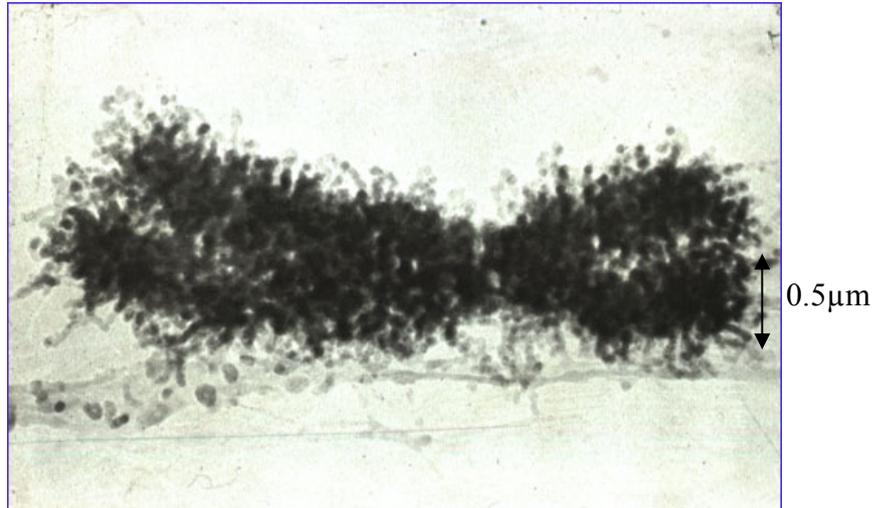


Modèle de la fibre solénoïde

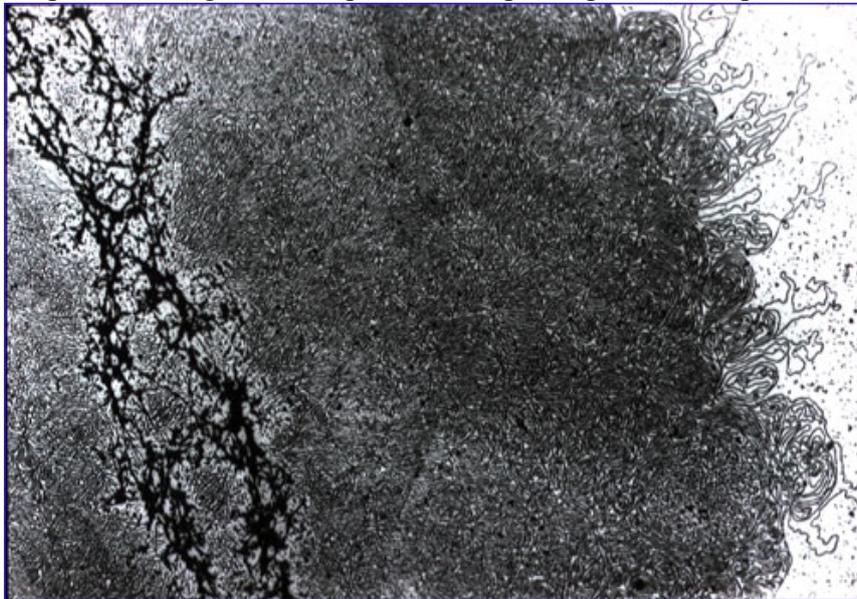


Document 10 : le chromosome métaphasique

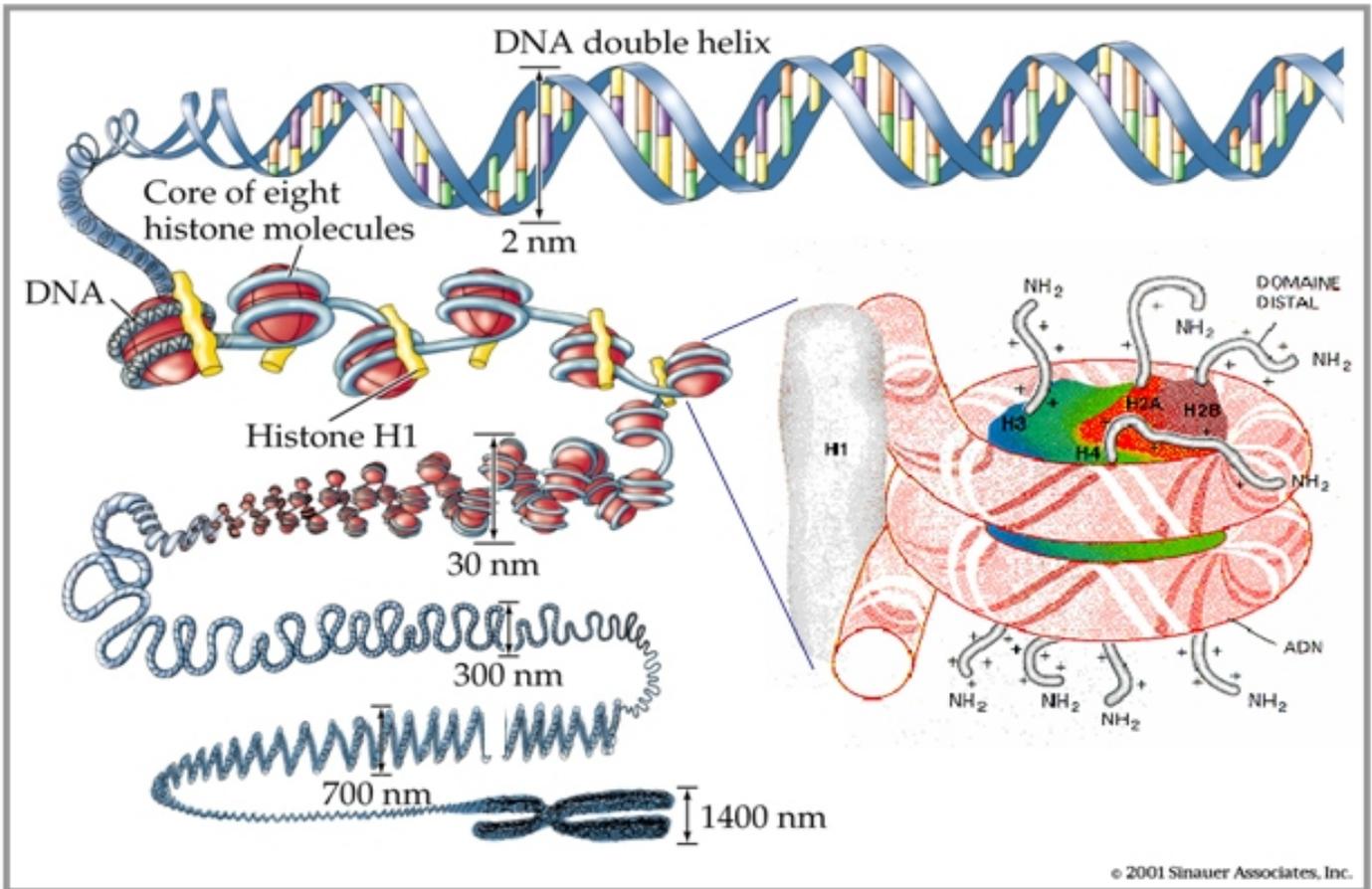
(a) au MEB



(b) après traitement par un détergent doux qui détache spécifiquement les protéines histones



Document 11 : schéma bilan des niveaux de compaction de l'ADN des chromosomes eucaryotes

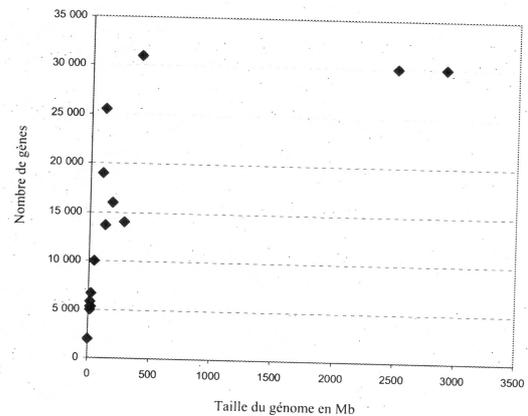
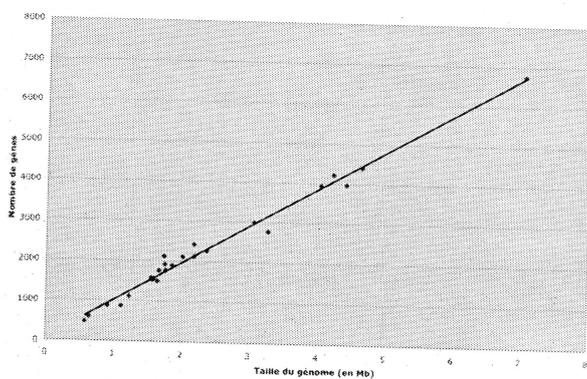


Document 12 : discussion sur la taille des génomes

a- relation taille du génome – nombre de gènes

Chez les procaryotes

Chez les eucaryotes

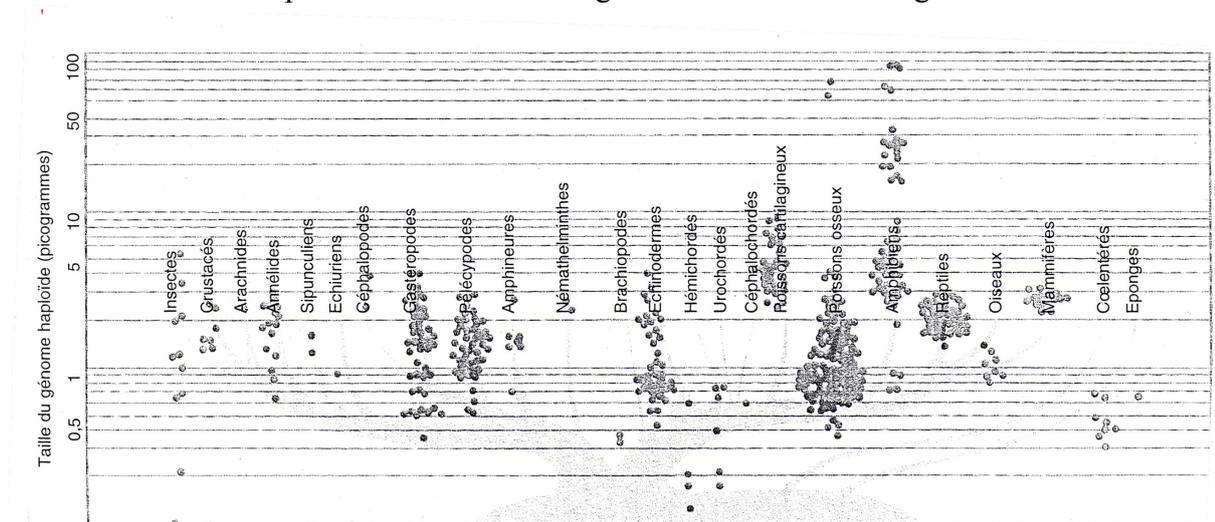


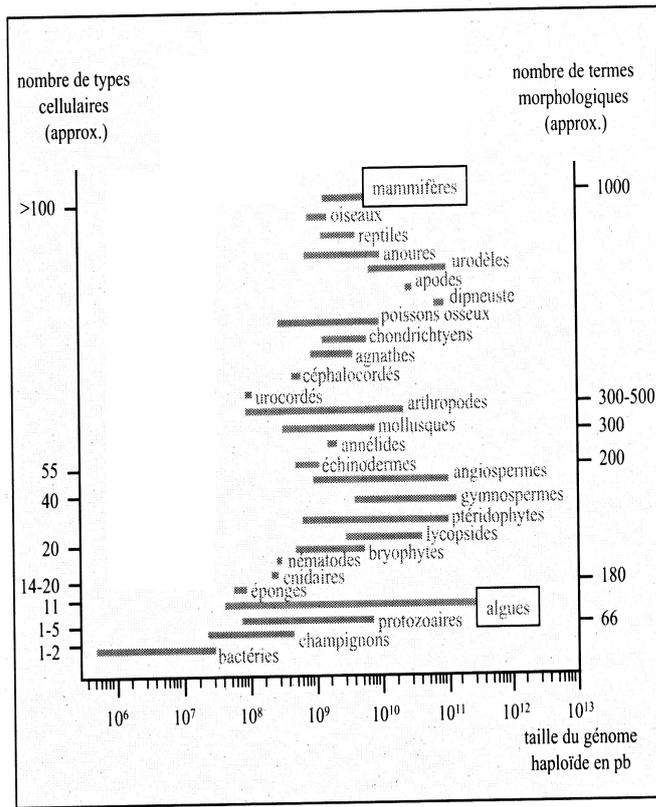
b- calcul de la densité génique

La densité génique est le nombre moyen de gènes, correspondant à une unité de transcription, par segment de 10^6 paires de bases

Organismes cellulaires	Nombre de paires de bases	Nombre de gènes estimés	Densité génique (Gènes/Mb)
<i>Mycoplasma</i>	$0,6 \cdot 10^6$	450	750
<i>E. coli</i>	$4 \cdot 10^6$	4 000	1000
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	$12 \cdot 10^6$	6 000	480
<i>Arabidopsis thaliana</i>	$142 \cdot 10^6$	26 000	220
<i>Caenorhabditis elegans</i>	$97 \cdot 10^6$	19 000	190
<i>Drosophila melanogaster</i>	$137 \cdot 10^6$	14 000	82
<i>Homo sapiens</i>	$3 \cdot 10^9$	20 à 25 000	6,25

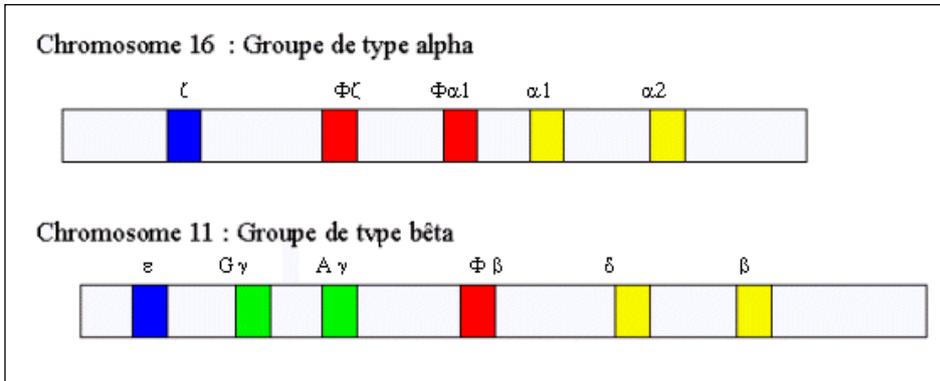
c- comparaison de la taille des génomes de différents organismes



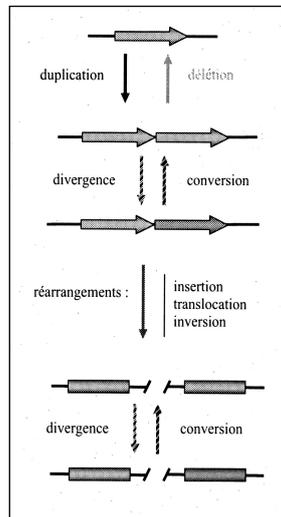


Document 13 : évolution du gène de la chaîne a et de la chaîne b de l'hémoglobine des Vertébrés

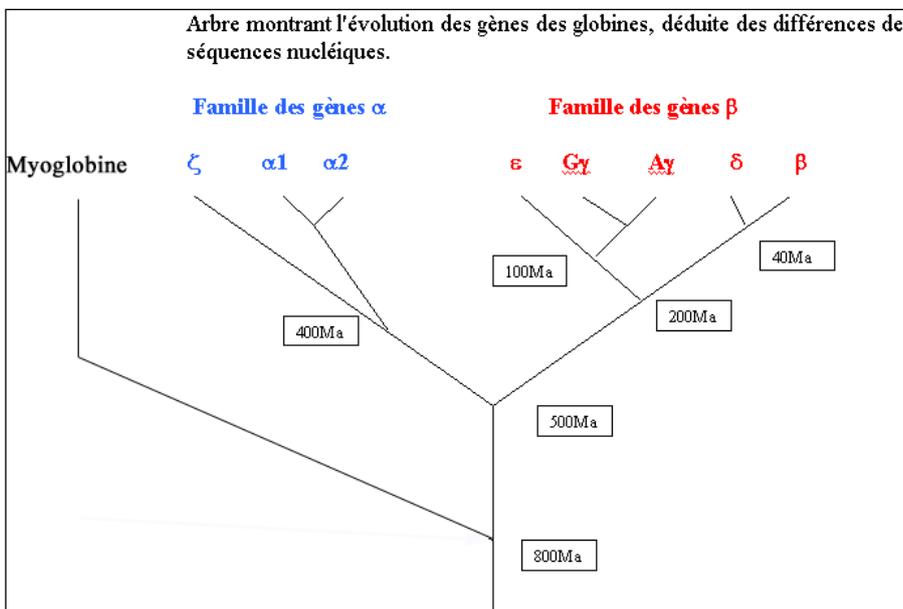
- carte des gènes et pseudogènes des chaînes a et b de l'hémoglobine



- modèle de la duplication



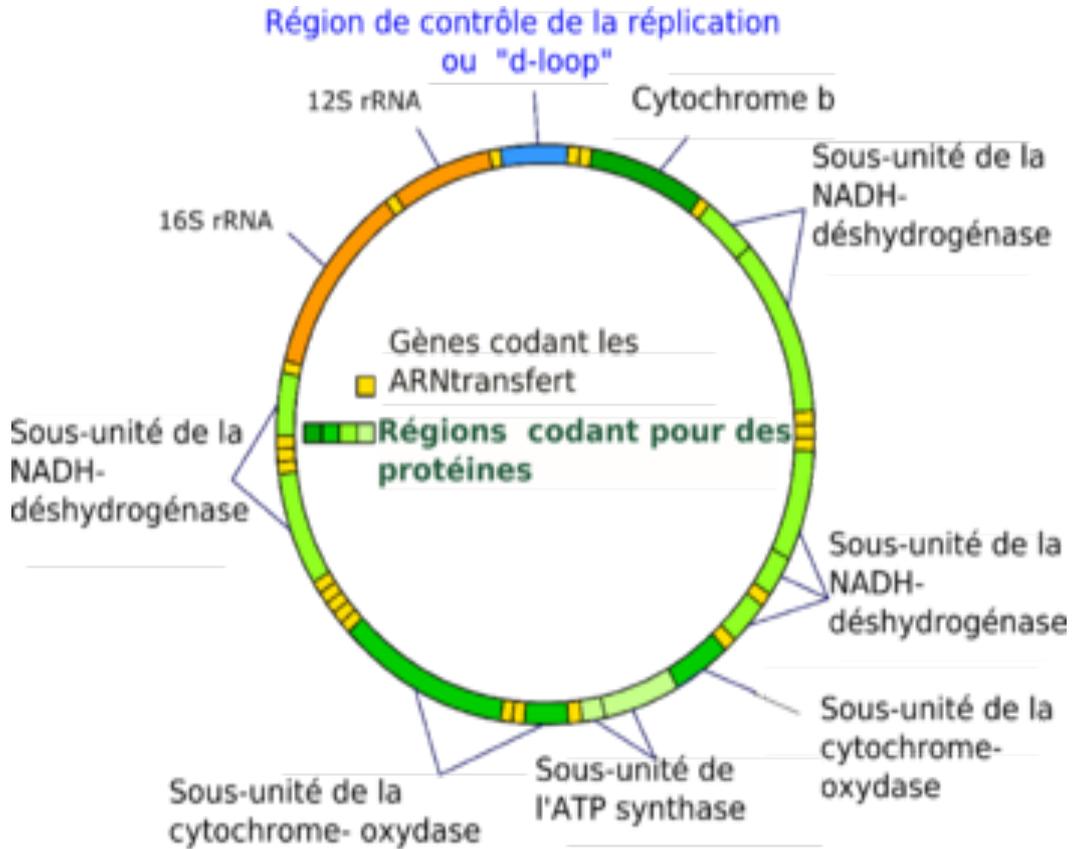
- arbre phylogénétique



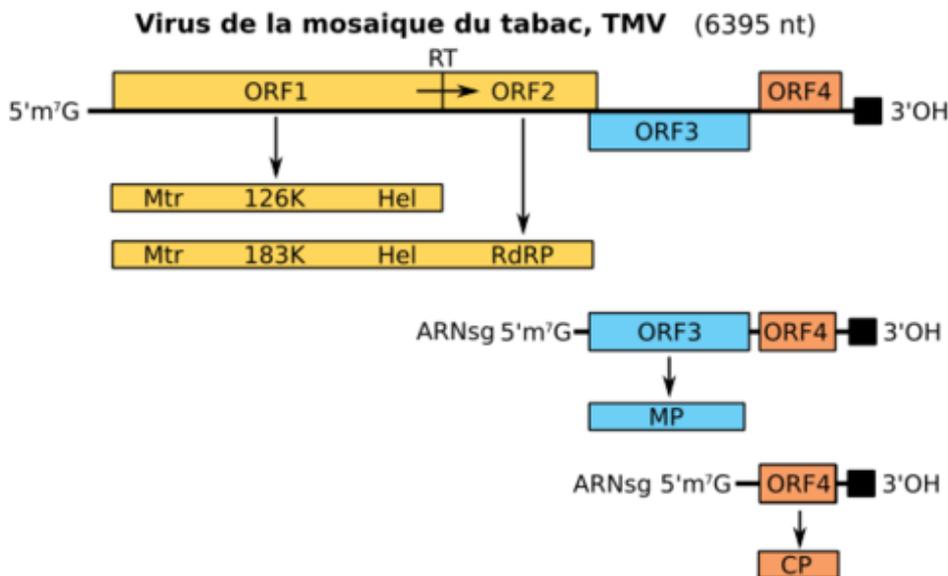
Document 14 : carte de l'ADN mitochondrial

Sur un ADN mitochondrial de cellule animale on compte 37 gènes sur 16 kb :

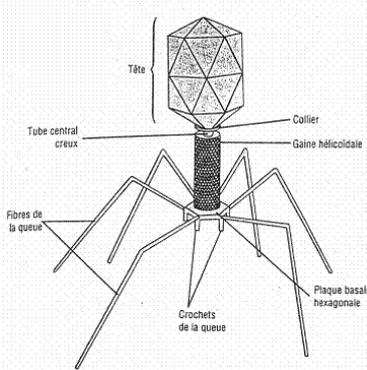
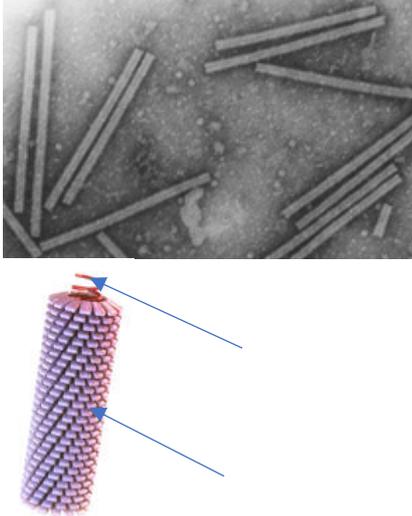
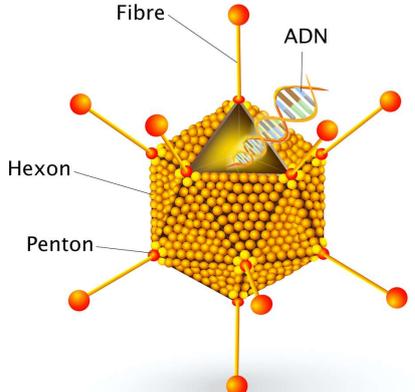
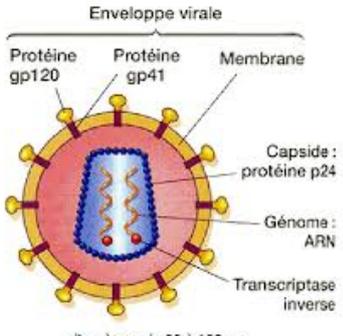
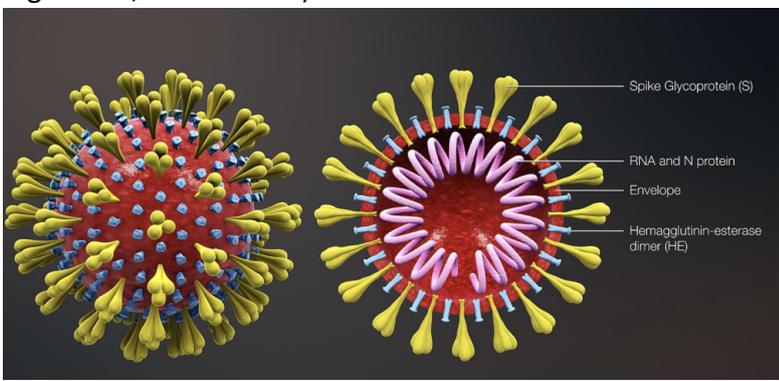
- 2 pour des ARN r (12s, 16s)
- 22 pour des ARN t
- 13 pour des protéines membranaires



Document 16 : le génome de VMT



Document 15 : morphologies virales

<p>Bactériophage λ Infecte E.coli</p>  <p>200 nm de haut</p>	<p>Virus de la Mosaïque du Tabac Infecte les plantes solanacées</p>  <p>300 nm sur 18nm</p>	<p>Adénovirus Infecte les cellules des voies respiratoires humaines</p>  <p>Diamètre : 70 à 110 nm</p>
<p>VIH Infecte les lymphocytes T4 humains</p>  <p>diamètre : de 90 à 120 nm</p>	<p>Coronavirus Sars-cov-2 Infecte les cellules des voies respiratoires humaines (et cellules digestives, neurones....)</p>  <p>Diamètre : 60 à 140 nm</p>	