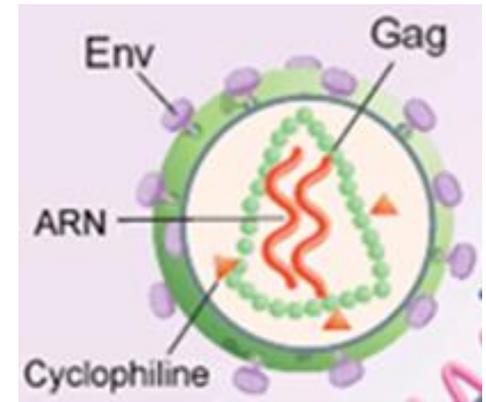




THEME 1A - Génétique et Evolution
 TP4 - La complexification des génomes



L'ADN est une **molécule universelle** (présente chez tous les êtres vivants, même structure, même fonction). Ceci autorise les échanges de gènes entre organismes très différents et contribue à la complexification des génomes par des **transferts horizontaux de gènes**. Chez plusieurs types d'animaux, il existe des gènes appelés **syncytines** qui pourraient provenir d'un virus appelé MPMV. Ces gènes sont présents chez les Primates mais aussi chez un lézard appelé Mabuya, le seul lézard à placenta.

Problème posé : Comment reconstituer les transferts horizontaux de gènes qui ont affecté les êtres vivants ?

Matériel et données :

- Manuel BELIN p58 à 63 et Documents 1 à 4
- PC équipé du logiciel Anagène 2 et Phylogène (ou GenieGen2)
- Séquences des syncytines 1 et 2 chez divers Primates, séquence de syncytine du virus MPMV, du Mabuya, séquences de gènes conservés chez les Primates

Propositions d'activités	Capacités / Critères de réussite
<p><u>ACTIVITE 1 : Les transferts horizontaux de gènes</u></p> <ul style="list-style-type: none"> ➤ ETAPE 1 : Proposez une stratégie pour prouver que les gènes de syncytines sont issus de transferts horizontaux de gènes en provenance d'un virus et déterminer le nombre et l'âge relatif de ces événements. 📞 Appelez le professeur pour vérification ➤ ETAPE 2 : Réalisez les manipulations proposées afin de déterminer les distances des gènes étudiés et en déduire des relations de proximité. 📞 Appelez le professeur pour vérification ➤ ETAPE 3 : Récapitulez vos résultats sous une forme judicieuse. ➤ ETAPE 4 : Rédigez un texte permettant de répondre à la problématique. <p>En fin de séance, rangez le matériel et nettoyez la paillasse.</p>	<p>Recenser, extraire des informations <i>Quoi ? Comment ? Attendu ?</i></p> <p>Utiliser un logiciel (ANAGENE) <i>Choisir judicieusement les séquences à étudier, choisir des séquences comparables (ADN ou protéines), identifier les pourcentages de ressemblances via le bouton « information », savoir modifier la séquence de référence (déplacement vers le haut)</i></p> <p>Utiliser un logiciel (PHYLOGENE) <i>Choisir judicieusement les séquences à étudier, savoir afficher la matrice de distances, savoir afficher les différences, afficher les différences en pourcentages</i></p> <p>Présenter les résultats à l'écrit <i>Techniquement correct renseigné correctement, organisé pour répondre à la question</i></p> <p>Gérer et organiser le poste de travail</p>

PROTOCOLE : Réaliser une comparaison de séquences des gènes de syncytines

1. **Accéder au site GenieGen2** (sur internet)
<https://www.pedagogie.ac-nice.fr/svt/productions/geniegen2/>
2. **Choisir « Charger des séquences »**
3. **Identifier le répertoire** (donné par le professeur au tableau)
4. **Réaliser un alignement** des syncytines 1 des Primates avec celle du virus
5. **Afficher le tableau de comparaison** et demander à afficher les similarités
☎ **Appelez le professeur pour vérification**

6. **Supprimer toutes les séquences étudiées**
7. **Charger les séquences** des syncytines 2 des Primates et celle du virus
8. **Réaliser un alignement** des séquences choisies
9. **Afficher le tableau de comparaison** et demander à afficher les similarités
☎ **Appelez le professeur pour vérification**

Type de tableau : Similarité (% d'identités)

noms complets des séquences dans la 1ère ligne

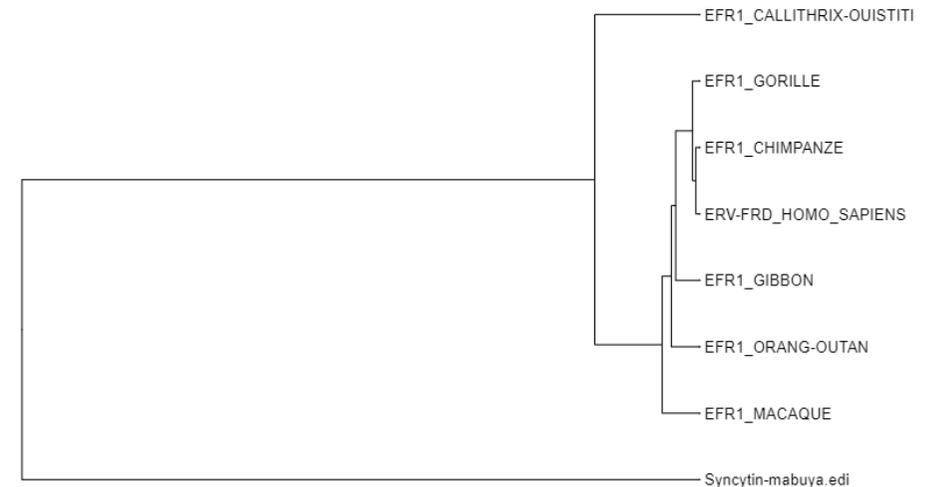
Similarité (ou ressemblance) entre les séquences :
(en % d'identité)

	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)
<i>MSRV-RETROVIRUS</i> (1)	100	23,39	88,19	86,35	87,45	86,53	87,27
<i>ENW_MACAQUE</i> (2)	23,39	100	25,33	25,17	25,5	25	25,66
<i>ENW1_GORILLE</i> (3)	88,19	25,33	100	95,17	97,77	96,1	97,21
<i>ENW1_GIBBON</i> (4)	86,35	25,17	95,17	100	95,17	95,17	94,61
<i>ENW1_CHIMPANZE</i> (5)	87,45	25,5	97,77	95,17	100	96,1	97,96
<i>ENW1_ORANG-OUTAN</i> (6)	86,53	25	96,1	95,17	96,1	100	95,72
<i>HERVWE1_HOMO_SAPIENS</i> (7)	87,27	25,66	97,21	94,61	97,96	95,72	100

PROTOCOLE : Identifier les événements de transferts horizontaux de gènes

1. **Accéder au site GenieGen2** (sur internet)
<https://www.pedagogie.ac-nice.fr/svt/productions/geniegen2/>
2. **Choisir « Charger des séquences »**
3. **Charger les séquences COX2**
4. **Réaliser un alignement** des séquences
5. **Afficher le tableau de comparaison** et demander à afficher les distances (soit de Hamming soit de Levenshtein)
6. **Afficher l'arbre phylogénétique** et faire une capture d'écran
☎ **Appelez le professeur pour vérification**

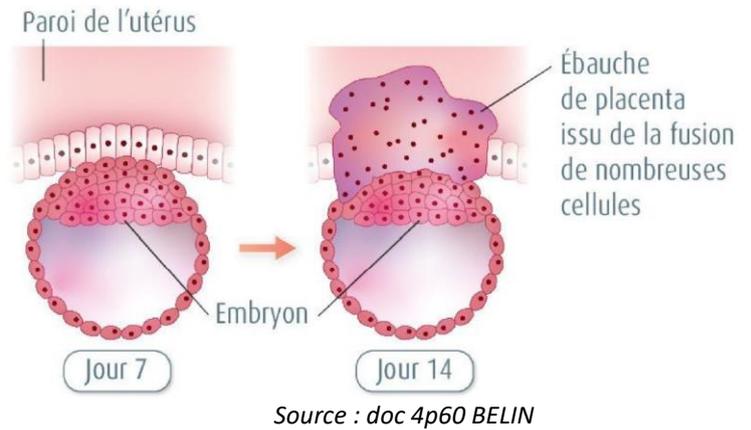
1. **Supprimer toutes les séquences étudiées**
2. **Charger les séquences** des syncytines 1
3. **Réaliser un alignement** des séquences
4. **Afficher l'arbre phylogénétique** et faire une capture d'écran
5. **Supprimer toutes les séquences étudiées**
6. **Charger les séquences** des syncytines 2
7. **Réaliser un alignement** des séquences
8. **Afficher l'arbre phylogénétique** et faire une capture d'écran
☎ **Appelez le professeur pour vérification**



Remarque : Les fonctions de GenieGen2 sont accessibles par des raccourcis clavier : Alignement (Alt + A), Tableau (Alt + T) et Arbre (Alt + P).

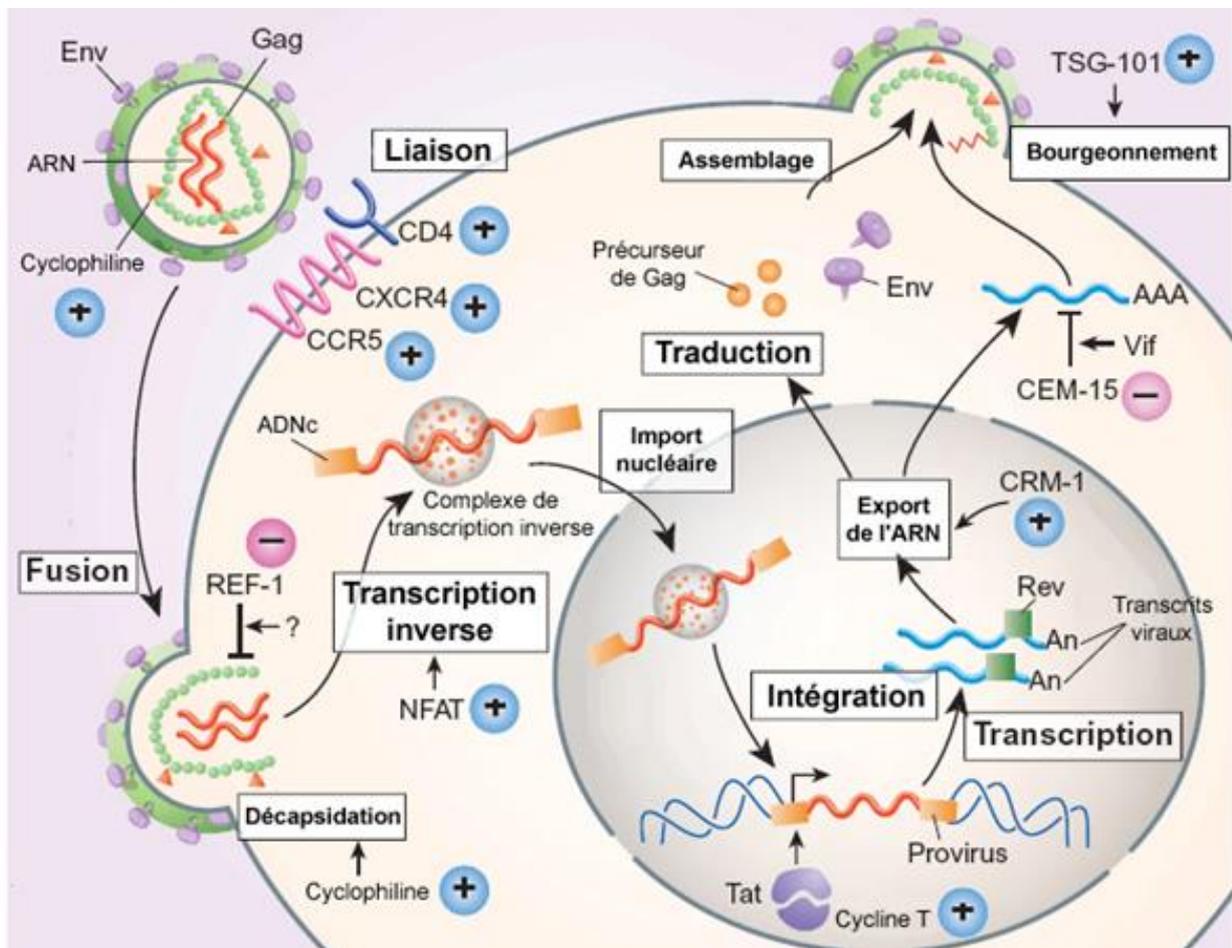
Document 1 : Les gènes de syncytine

- Le génome de l'humain et de très nombreux Primates contient des gènes codant des protéines appelées syncytines. Il s'agit notamment du gène **HERWE1-ENW1 (syncytine 1)**, situé sur le chromosome 7, et du gène **HERV-FRD1 (syncytine 2)** situé sur le chromosome 6.
- Ces deux gènes codent pour des protéines appelées syncytines qui s'expriment uniquement dans le **placenta**, en particulier au début de sa formation. Ces protéines permettent de faire **fusionner les membranes des cellules** de l'embryon et des cellules maternelles pour former un massif cellulaire plurinucléé appelé **syncytium**.



Document 2 : Des syncytines chez les virus ?

- Certains **virus**, tel que le virus MPMV (*Mason Pfizer Monkey Virus*) ou le MSRV (*Multiple sclerosis-associated retrovirus*), ont la capacité à faire fusionner leur enveloppe avec la membrane des cellules qu'ils infectent. Cette capacité dépend de protéines appelées **ENV (protéines d'enveloppe)**. Ces protéines sont capables de se lier à des récepteurs présents sur la membrane des cellules hôte (tel que CD4). Après fusion, le virus libère son matériel génétique (ARN) au sein de la cellule. L'ARN est alors rétro-transcrit (ARN → ADN) puis intégré au génome de la cellule hôte. **Les protéines ENV ont donc une fonction identique aux syncytines des Primates.**



Document 3 : La syncytine du Mabuya

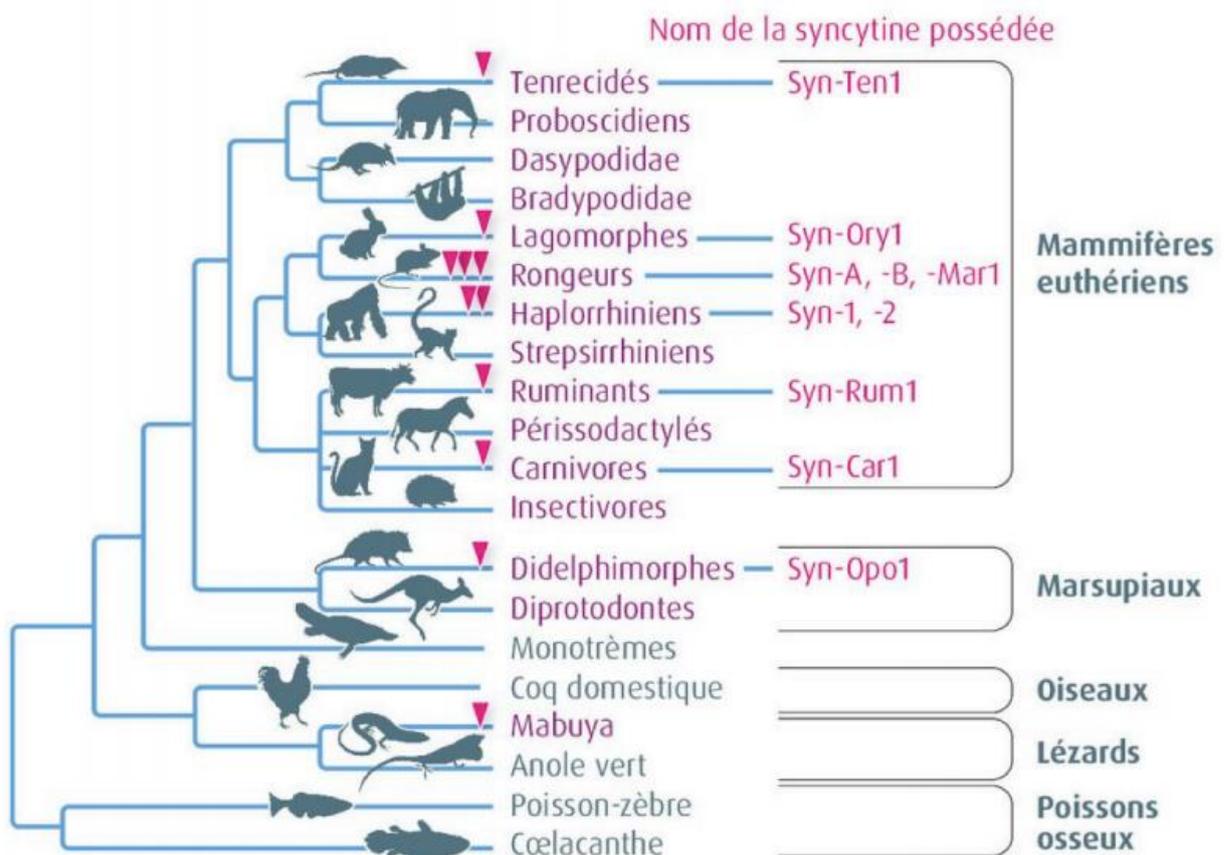
- Le séquençage des génomes a montré que les syncytines étaient présentes chez les grands Primates (Hominoïdes) et on pensait que seul ce groupe possédait ces gènes.
- Néanmoins, en 2017, une équipe de chercheurs a pu identifier une séquence de syncytine chez le lézard des Andes (Mabuya). Ce lézard est un très rare cas à posséder un placenta fonctionnel qui permet les échanges entre l'embryon et la mère. La formation du placenta du Mabuya nécessite l'action de protéines syncytines permettant la fusion des membranes cellulaires et la formation de syncytium.



Source : doc 1p60 BELIN

Document 4 : Un arbre phylogénétique des transferts de gènes de syncytine

- Pour reconstituer les événements de transfert de gènes, il faut connaître la phylogénie des groupes étudiés. Pour cela, on **reconstitue les relations de parentés** à partir de gènes conservés tels que les globines, les opsines, ... Une fois l'arbre phylogénétique construit, on le compare à l'arbre construit avec les séquences du gène potentiellement issu de transfert de gènes. Si le gène étudié produit le même arbre, cela signifie qu'il y a eu un seul événement de transfert (et le gène a évolué comme les autres gènes). Si des différences majeures apparaissent, cela signifie qu'il y a eu plusieurs événements de transfert. De plus, l'absence du gène étudié chez certaines espèces permet de placer l'événement dans l'arbre.
- L'étude des gènes de syncytines montre qu'il y a eu de nombreux événements de transfert horizontaux.



Source : doc5p60 BELIN