

L'ORIGINE ENDOSYMBIOTIQUE DES ORGANITES CELLULAIRES.

D'après une proposition modifiée de Y.Maillard – académie Aix-Marseille

SITUATION:

En 1960 Le biologiste Lynn Margulis émet une théorie relative à une origine endosymbiotique des organites cellulaires, mitochondries et chloroplastes.

À partir des documents 1 et 2 page 72-73 (Ed. Bordas), relever des arguments en faveur de cette théorie.

Le document 3 présente un arbre phylogénétique du vivant établi à partir de la comparaison d'ARN ribosomiaux. Que pouvez-vous en déduire ?

Après avoir établi la relation de parenté entre les cyanobactéries et les organites chlorophylliens des végétaux de la lignée verte, on se propose de comparer la taille des génomes de différentes espèces de bactéries libres et d'organites d'eucaryotes.

PARTIE I : Comparaison de la taille des génomes entre bactéries libres et organites.

PROTOCOLE :			CAPACITÉS																																				
1. Afficher à l'écran le site internet suivant : https://www.ncbi.nlm.nih.gov/ 2. Dans la barre de recherche du site, sélectionner l'onglet « génome ». Écrire ensuite dans le moteur de recherche, le nom des bactéries et organites étudiés indiqués dans le tableau ci-dessus. 3. Pour chaque espèce étudiée, rechercher et noter la longueur du chromosome présent.			Saisir des informations																																				
	Espèces étudiées	Taille du chromosome en Mb (Million paire de bases)	Communiquer																																				
Procaryotes libres	<i>Anabaena cylindrica</i>																																						
	<i>Synechocystis sp PCC6803</i>																																						
organite	<i>Zea mays chloroplast (maïs)</i>																																						
4. À l'aide de vos données trouvées et du tableau suivant, comparer la taille des chromosomes. <table border="1" data-bbox="359 1512 954 1848"> <thead> <tr> <th>Organisme</th> <th>Groupe</th> <th>Nombre total de gènes</th> <th>Taille du génome (en 10³ paires de bases)</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Synechocystis</td> <td>Cyanobactérie</td> <td>3570</td> <td>3160</td> </tr> <tr> <td>Anabaena</td> <td>Cyanobactérie</td> <td>>4000(?)</td> <td>6400</td> </tr> <tr> <td>Cyanophora</td> <td>Glaucocestophyte</td> <td>136</td> <td>150</td> </tr> <tr> <td>Porphyra</td> <td>Algue rouge</td> <td>210</td> <td>183</td> </tr> <tr> <td>Cryptomonas</td> <td>Cryptophyte</td> <td>140</td> <td>112</td> </tr> <tr> <td>Oryza (riz)</td> <td>Plante</td> <td>110</td> <td>114</td> </tr> <tr> <td>Nicotiana (Tabac)</td> <td>Plante</td> <td>113</td> <td>131</td> </tr> <tr> <td>Euglena (Euglène)</td> <td>Euglénozoaires</td> <td>97</td> <td>131</td> </tr> </tbody> </table>			Organisme	Groupe	Nombre total de gènes	Taille du génome (en 10 ³ paires de bases)	Synechocystis	Cyanobactérie	3570	3160	Anabaena	Cyanobactérie	>4000(?)	6400	Cyanophora	Glaucocestophyte	136	150	Porphyra	Algue rouge	210	183	Cryptomonas	Cryptophyte	140	112	Oryza (riz)	Plante	110	114	Nicotiana (Tabac)	Plante	113	131	Euglena (Euglène)	Euglénozoaires	97	131	Comparer
Organisme	Groupe	Nombre total de gènes	Taille du génome (en 10 ³ paires de bases)																																				
Synechocystis	Cyanobactérie	3570	3160																																				
Anabaena	Cyanobactérie	>4000(?)	6400																																				
Cyanophora	Glaucocestophyte	136	150																																				
Porphyra	Algue rouge	210	183																																				
Cryptomonas	Cryptophyte	140	112																																				
Oryza (riz)	Plante	110	114																																				
Nicotiana (Tabac)	Plante	113	131																																				
Euglena (Euglène)	Euglénozoaires	97	131																																				
<u>Tableau de comparaison de taille de génome procaryotes contenus dans le stroma de plastes de différentes espèces, à celle de génomes de cyanobactéries.</u> D'après Marc-André Selosse (La Symbiose, éditeur Vuibert)																																							
5. Si on admet que les organites proviennent d'une endosymbiose de bactéries, quel problème soulève votre comparaison ? 6. Proposer une hypothèse explicative.			Raisonner																																				

PARTIE II : Le transfert de gènes entre compartiments.

On se propose de tester votre hypothèse.

Proposer une stratégie pour valider ou non votre hypothèse.

SITUATION :

L'enzyme RuBisCo est une enzyme importante du métabolisme photosynthétique chez les végétaux verts. Elle est également présente chez les cyanobactéries, et est directement impliquée dans la fixation du dioxyde de carbone. La RuBisCo est une protéine située chez les végétaux verts dans les chloroplastes, et est constituée, comme chez les cyanobactéries, de 2 sous-unités dont chacune est gouvernée par un gène différent.

On se propose de localiser ces 2 gènes dans les cellules du maïs. (*Zea mays*)

PROTOCOLE :	CAPACITÉS
1. À l'aide du site https://www.ncbi.nlm.nih.gov/ , sélectionner dans la barre de recherche l'onglet « Gene » et taper dans le moteur de recherche le nom des 2 sous-unité de la RuBisCo : <ul style="list-style-type: none">- « rbcL large subunit » (grande sous-unité)- « rbcL small subunit » (petite sous-unité)	Saisir des informations
2. Repérer et noter l'emplacement des gènes respectifs.	
3. Comparer et discuter de la validité de votre hypothèse.	Raisonner
BILAN :	
Rédiger un court texte argumenté, montrant que l'étude réalisée confirme l'hypothèse de Lynn Margulis.	Communiquer

Éléments de correction :

PARTIE I :

Il s'agit de mettre en évidence que le génome des organites est plus petit que celui des procaryotes libres. On constate qu'il y a une réduction du nombre de gènes dans les organites par rapport à ceux du chromosome des procaryotes libres.

Anabaena cylindrica

Filamentous cyanobacterium

Lineage: Bacteria[27239]; Cyanobacteria[468]; Nostocales[77]; Nostocaceae[22]; Anabaena[2]; Anabaena cylindrica[1]

Anabaena. These cyanobacteria are bluegreen algae that are capable of fixing carbon and nitrogen. They form long filaments and can be found worldwide in various aquatic environments as well as some terrestrial ones. These bacteria can form a variety of differentiated cell types, including spore-like cells (akinetes), small motile filaments [More...](#)

Summary

Sequence data: genome assemblies: 2 (See Genome Assembly and Annotation report)

Statistics: median total length (Mb): 7.04446
median protein count: 5762
median GC%: 38.808

Representative (genome information for reference and representative genomes)

Reference genome:

- Anabaena cylindrica PCC 7122**

Submitter: Toyohashi University of Technology

Type	Name	RefSeq	INSDC	Size (Mb)	GC%	Protein	rRNA	tRNA	Other RNA	Gene	Pseudogene
Chr	-	NZ_AP018166.1	AP018166.1	6.35	38.8	5,252	12	46	4	5,578	264
Plasm	plasmid1	NZ_AP018167.1	AP018167.1	0.26	39.2	186	-	-	-	199	13
Plasm	plasmid2	NZ_AP018168.1	AP018168.1	0.18	38.1	141	-	-	-	149	8
Plasm	plasmid3	NZ_AP018169.1	AP018169.1	0.09	40.0	60	-	-	-	66	6
Plasm	plasmid4	NZ_AP018170.1	AP018170.1	0.09	38.0	91	-	-	-	97	6
Plasm	plasmid5	NZ_AP018171.1	AP018171.1	0.05	41.1	48	-	15	-	69	6

Synechocystis

Group of uncharacterized isolates

Lineage: Bacteria[27239]; Cyanobacteria[468]; Synechococcales[129]; Merismopediaceae[5]; Synechocystis[1]

Isolates from a population of Synechocystis which are clearly distinct from currently recognized species are tentatively designated at the species level. These unnamed isolates have not yet been characterized using traditional methods, or the species name has not yet been validly published.

Summary

Sequence data: genome assemblies: 12; sequence reads: 7 (See Genome Assembly and Annotation report)

Statistics: median total length (Mb): 3.65994
median protein count: 3260
median GC%: 47.6196

ORGANELLE

Zea mays chloroplast reference genome

Zea mays

Included in the *Zea mays* reference assembly (B73 RefGen_v4)

RefSeq: NC_001666.2 Length: 140,384 bp circular

Gene (158) RefSeq protein (111) PopSet (11) PubMed (21)

Partie II :

Cette étude explique la disparition de gènes des plastes.

On montre le transfert du gène de la petite sous-unité de la RuBisCO dans le noyau des cellules d'une plante de la lignée verte.

La RuBisCO comporte deux sous-unités présentes dans le génome des cyanobactéries. Chez les plantes vertes, le gène de la petite sous-unité (small subunit) a été transféré dans le noyau (chromosome 4) alors que celui de la grosse sous-unité (large subunit) est encore dans le stroma.

rbcL RuBisCO large subunit [*Zea mays*]

Gene ID: 845212, updated on 13-May-2020

Summary

Gene symbol rbcL
Gene description RuBisCO large subunit
Locus tag ZemaCp032
Gene type protein coding
RefSeq status REVIEWED
Organism [Zea mays](#)
Lineage Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae; PACMAD clade; Panicoideae; Andropogonodae; Andropogoneae; Tripsacinae; Zea

Genomic context

See rbcL in [Genome Data Viewer](#)

Annotation release	Status	Assembly	Chr	Location
102.20200423	current	B73 RefGen_v4 (GCF_000005005.2)	Chloroplast (non-nuclear)	NC_001666.2 (56874..58304)
100	previous assembly	B73 RefGen_v3 (GCF_000005005.1)	Chloroplast (non-nuclear)	NC_001666.2 (56874..58304)

LOC542212 ribulose biphosphate carboxylase small subunit 1 [*Zea mays*]

Gene ID: 542212, updated on 24-Jun-2020

Summary

Gene symbol LOC542212
Gene description ribulose biphosphate carboxylase small subunit 1
Locus tag ZEAMMB73_Zm00001d052595
Gene type protein coding
RefSeq status PROVISIONAL
Organism [Zea mays](#)
Lineage Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae; PACMAD clade; Panicoideae; Andropogonodae; Andropogoneae; Tripsacinae; Zea
Also known as SSu; rbcS; ssu1; rbcS1; rbcS-m3; GRMZM2G098520

Genomic context

Location: chromosome: 4 See LOC542212 in [Genome Data Viewer](#)

Exon count: 2

Annotation release	Status	Assembly	Chr	Location
102.20200423	current	B73 RefGen_v4 (GCF_000005005.2)	4	NC_024462.2 (194257872..194258861, complement)
100	previous assembly	B73 RefGen_v3 (GCF_000005005.1)	4	NC_024462.1 (190229026..190230015, complement)