

Des transferts horizontaux de gènes sont également responsables de l'apparition de nouvelles séquences d'ADN dans le génome des Eucaryotes mais ils sont moins fréquents que chez les bactéries.

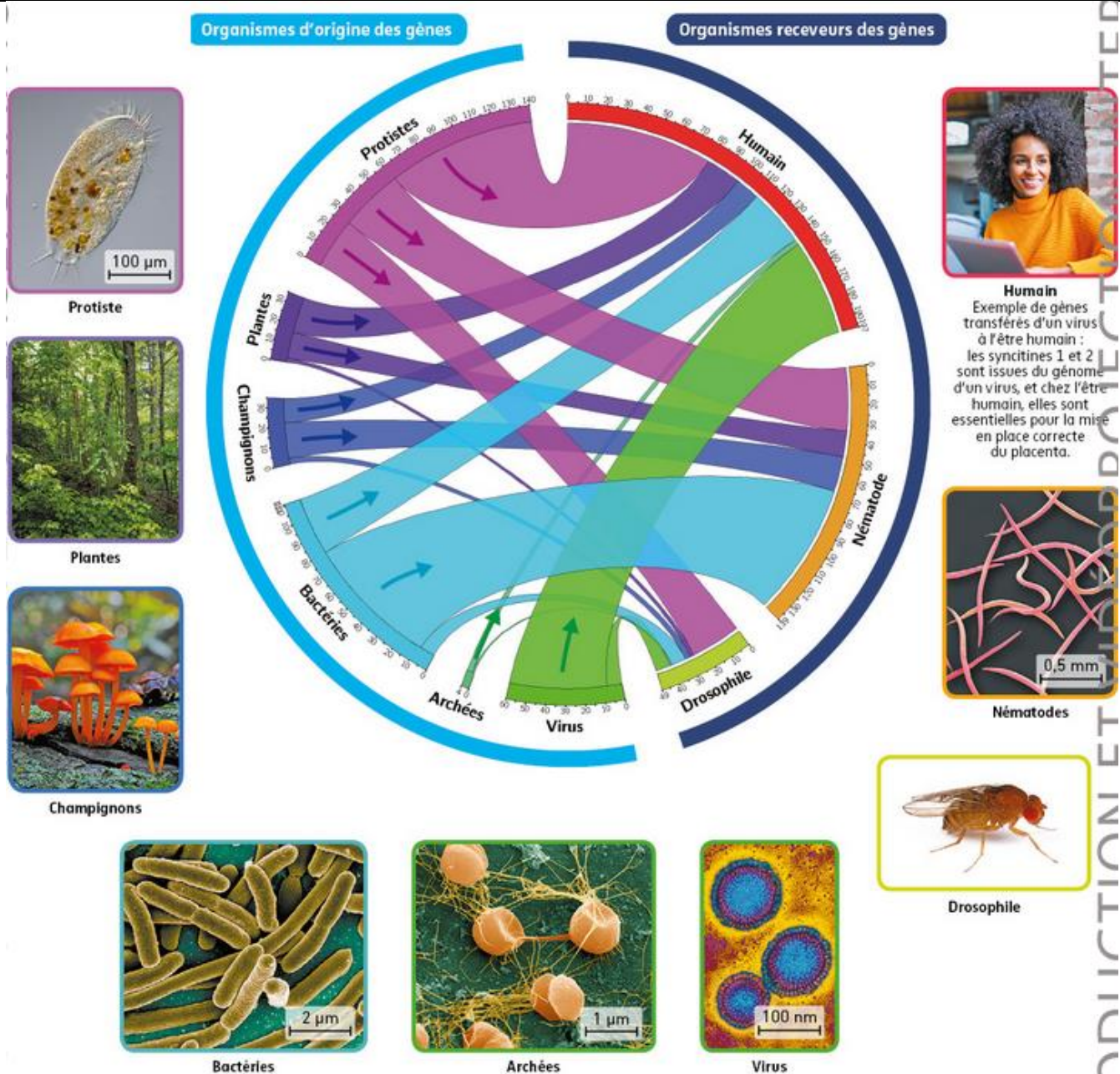
**Problème** – Quelles sont les informations qui attestent l'existence de transferts horizontaux des gènes chez les Eucaryotes ?

**C3 - Utiliser des outils et mobiliser des méthodes pour apprendre**

Recenser, extraire, organiser et exploiter des informations à partir de documents, à des fins de connaissance et pas seulement d'information.

**QUESTION**

A partir de l'analyse de ces documents, déterminez les informations qui suggèrent l'existence de transferts horizontaux de gènes chez les Eucaryotes.



**1**

**Nombre et origine des gènes transférés chez l'humain, le nématode et la drosophile.**

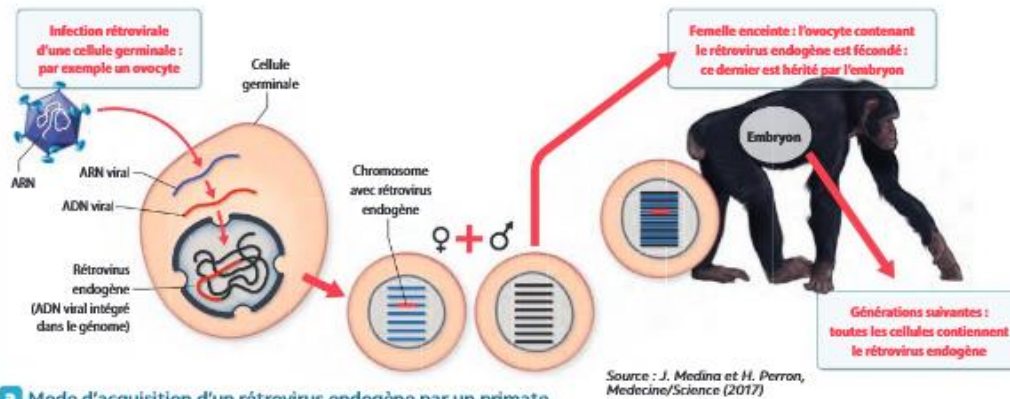
Les graduations indiquent les nombres de gènes identifiés à ce jour comme ayant fait l'objet d'un transfert horizontal. La largeur des rubans est proportionnelle au nombre de gènes transférés.

# THEME I – Génétique et évolution / Chapitre 2 – La complexification des génomes

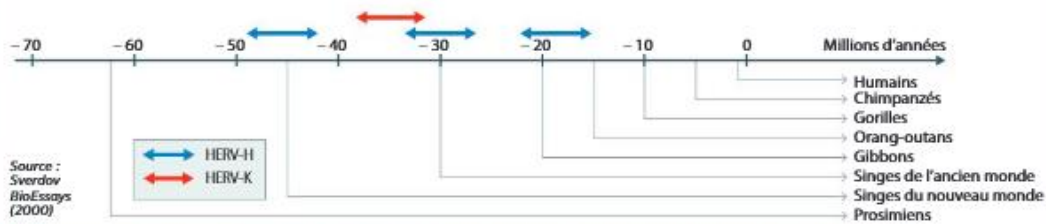
## 1 Diversification du génome humain par des virus

Au cours d'une infection par un rétrovirus (virus dont l'information génétique se présente sous forme d'ARN), ce dernier incorpore son génome dans l'ADN de la cellule hôte. Si le virus infecte une cellule de la lignée germinale et si cette cellule est sélectionnée pour donner un nouvel organisme, l'information génétique du virus, transformée en ADN dans la cellule hôte, fera partie du génome de cet organisme ; on appelle alors cette séquence de l'ADN « rétrovirus endogène » (HERV). L'utilisation du terme « HERV » fait référence aux séquences trouvées dans le génome humain, il en

existe plusieurs types comme, par exemple, HERV-K et HERV-H. Environ 8 % du génome humain serait constitué de séquences rétrovirales. Ces restes de virus ne sont plus fonctionnels car ils ont accumulé des mutations au cours du temps. Toutefois, il se pourrait que les virus intégrés le plus récemment, possédant moins de mutations, puissent se réactiver, perturber le fonctionnement des gènes situés à proximité et être à l'origine de maladies comme la schizophrénie ou les troubles bipolaires.



### a Mode d'acquisition d'un rétrovirus endogène par un primate



### b Insertions de rétrovirus HERV-K et HERV-H dans le génome des primates au cours de leur évolution

Le séquençage du génome des primates et des analyses phylogénétiques ont permis de déterminer les périodes d'intégration de deux rétrovirus et de les situer par rapport à la séparation des différentes branches aboutissant aux espèces actuellement connues.



#### Interview d'Hervé Le Guyader, chercheur en biologie évolutive (Sorbonne Universités).

Le séquençage des génomes a révélé l'existence d'un second mécanisme de transfert de gènes, en marge de la reproduction sexuée : les transferts horizontaux. Ils ont été identifiés dans et entre les trois domaines du vivant (bactéries, archées et eucaryotes). Par exemple, la cellule eucaryote s'est constituée à partir de la fusion d'au moins une archée et une bactérie ; puis une autre bactérie a donné la mitochondrie et une autre encore, le chloroplaste. L'histoire du vivant a ainsi en partie été revue. Des flèches sont apparues entre les branches de l'arbre pour former un réseau. Chez les bactéries et les archées, ces transferts peuvent atteindre jusqu'à 30 % du génome, alors que chez les eucaryotes pluricellulaires (animaux métazoaires, plantes terrestres), ils ne représentent que quelques pourcents. Dans ce dernier cas, le concept d'arbre phylogénétique garde de fait tout son sens.