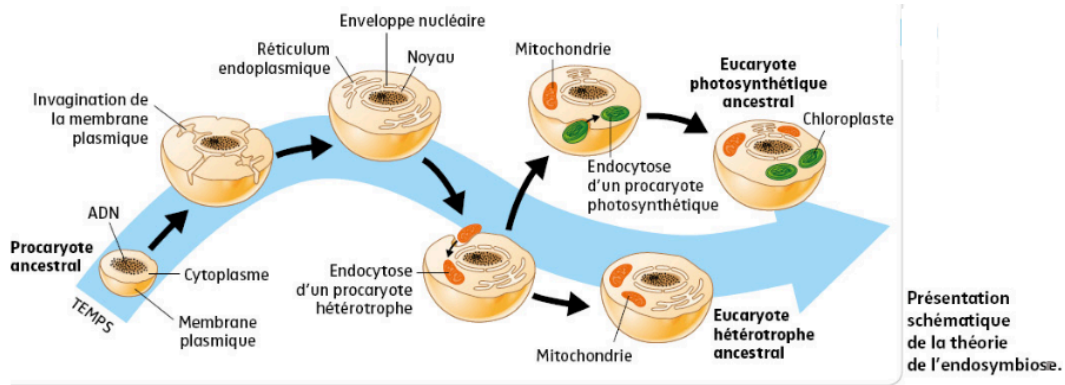


## Une théorie sur l'origine des organites des cellules eucaryotes

Dans les années 1960, la biologiste Lynn Margulis proposa une théorie selon laquelle les organites énergétiques (mitochondries et chloroplastes) seraient des « descendants » de bactéries devenues, après phagocytose et endosymbiose avec des cellules eucaryotes primitives, des composants permanents des cellules eucaryotes



On cherche à montrer que les chloroplastes des cellules végétales ont pour origine une endosymbiose d'une cyanobactérie par une cellule primitive.

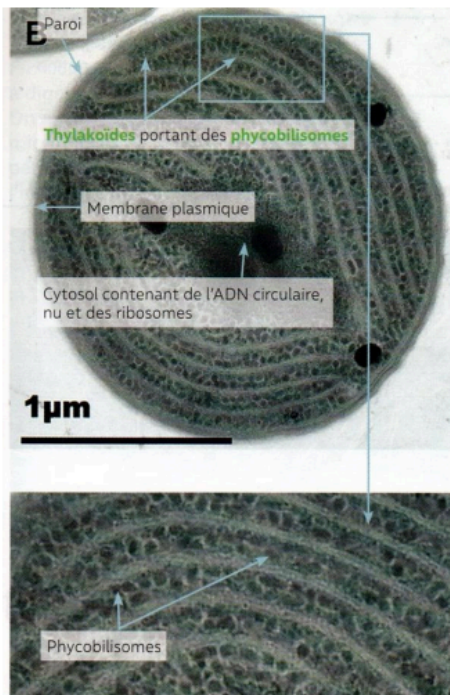
Pour cela, on propose de réaliser une chromatographie des pigments présents dans une cellule chlorophyllienne et dans des cyanobactéries.

**Etape A :** Réaliser la chromatographie des pigments présents dans une cellule de feuille chlorophyllienne et dans les cyanobactéries.

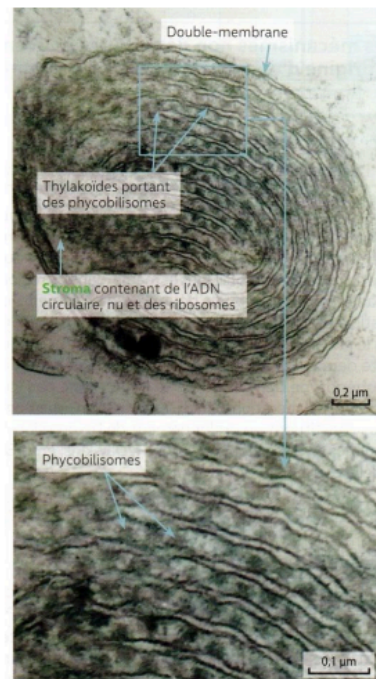
**Etape B :** Communiquer les résultats obtenus

### Ressource :

**Document 1 :** Cyanobactérie observée au microscope électronique à transmission



**Document 2 :** Chloroplaste d'un eucaryote, l'algue rouge, observé au microscope électronique à transmission



**\*Phycobilisomes** = Complexes de protéines (phycobiliprotéines) qui collectent l'énergie lumineuse, on y trouve par exemple des chlorophylles a.

(suite de l'étape B)

**En vous appuyant sur vos résultats et sur les ressources supplémentaires fournies, proposer une stratégie permettant de compléter les preuves d'une origine endosymbiotique des chloroplastes.**

**Document 3 : taille de quelques génomes**

organisme	Nombre total de gènes	Taille du génome en paires de bases
Cyanobactéries libres	Sup 5000	1 à 10 millions
Chloroplastes de Porphyre (algue rouge)	210	183 000
Chloroplastes du Riz	110	114 000

L'ADN de toutes ces entités est sous forme d'un anneau

D'après Marc-André Selosse et Susan Loiseaux-de Goër LA SAGA DE L'ENDOSYMBIOSE  
Les mitochondries et les plastes, témoins et acteurs de l'évolution SCAN de LA RECHERCHE 296 MARS 1997

**Document 4 : Des transferts horizontaux de gènes**

« Les protéines dont l'information génétique n'est pas contenue dans l'ADN des organites sont produites dans le cytosol et leur information génétique est contenue dans l'ADN du noyau. Après leur synthèse elles traversent la membrane externe et la membrane interne de l'organite à l'aide de protéines spécialisées »

« En comparant la séquence de ces protéines avec celles de protéines d'Eucaryotes ou de Procaryotes actuellement connues et archivées dans les bases de données, on s'est aperçu que près de la moitié ressemblait à des protéines de procaryotes mais aussi qu'un tiers était semblable à celles d'Eucaryotes. On a la juxtaposition de deux génomes, l'un hérité de la bactérie symbiotique (les protéines procaryotes) et l'autre postérieur à la symbiose et nécessaire à celle-ci (les protéines eucaryotes). La présence de "protéines procaryotes" dans le génome de l'hôte montre qu'il y a eu un transfert massif des gènes de la bactérie symbiotique vers le génome du noyau de l'hôte, ... »

<http://www.evolution-biologique.org/histoire-de-la-vie/la-cellule-a-noyau/genome-des-organites.html>

(suite de l'étape B)

**En vous appuyant sur vos résultats et sur les ressources supplémentaires fournies, proposer une stratégie permettant de compléter les preuves d'une origine endosymbiotique des chloroplastes.**

**Document 3 : taille de quelques génomes**

organisme	Nombre total de gènes	Taille du génome en paires de bases
Cyanobactéries libres	Sup 5000	1 à 10 millions
Chloroplastes de Porphyre (algue rouge)	210	183 000
Chloroplastes du Riz	110	114 000

L'ADN de toutes ces entités est sous forme d'un anneau

D'après Marc-André Selosse et Susan Loiseaux-de Goër LA SAGA DE L'ENDOSYMBIOSE  
Les mitochondries et les plastes, témoins et acteurs de l'évolution SCAN de LA RECHERCHE 296 MARS 1997

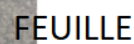
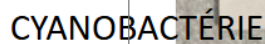
**Document 4 : Des transferts horizontaux de gènes**

« Les protéines dont l'information génétique n'est pas contenue dans l'ADN des organites sont produites dans le cytosol et leur information génétique est contenue dans l'ADN du noyau. Après leur synthèse elles traversent la membrane externe et la membrane interne de l'organite à l'aide de protéines spécialisées »

« En comparant la séquence de ces protéines avec celles de protéines d'Eucaryotes ou de Procaryotes actuellement connues et archivées dans les bases de données, on s'est aperçu que près de la moitié ressemblait à des protéines de procaryotes mais aussi qu'un tiers était semblable à celles d'Eucaryotes. On a la juxtaposition de deux génomes, l'un hérité de la bactérie symbiotique (les protéines procaryotes) et l'autre postérieur à la symbiose et nécessaire à celle-ci (les protéines eucaryotes). La présence de "protéines procaryotes" dans le génome de l'hôte montre qu'il y a eu un transfert massif des gènes de la bactérie symbiotique vers le génome du noyau de l'hôte, ... »

<http://www.evolution-biologique.org/histoire-de-la-vie/la-cellule-a-noyau/genome-des-organites.html>

Chromatographies obtenues pour la spiruline (cyanobactérie) et la feuille d'épinard (contenant des chloroplastes)



## Comparaison des gènes Psb et Rubisco des cyanobactéries et des eucaryotes

Fichier
Edition
Actions
Affichage
Options
© P.Cosentino v2.35 (infos RGPD et librairies)

### Séquences chargées

☒ psaB Arabidopsis  
☒ psaB Microcystis

### Séquences alignées

un \_ représente un gap (absence d'un nucléotide)

☐ psaB Arabidopsis  
☐ psaB Microcystis

### Séquences chargées

☐ psaB Arabidopsis  
☐ psaB Microcystis  
☒ Rubisco L (cyanobactérie)  
☐ Rubisco L (sulfobacillus)  
☐ Rubisco L (algue rouge)  
☐ Rubisco L (diatomée)  
☒ Rubisco L (maïs)  
☒ Rubisco L (épinard)  
☐ Rubisco L (algue verte)

### Séquences alignées

un \_ représente un gap (absence d'un acide aminé)

☐ Rubisco L (cyanobactérie)  
☐ Rubisco L (maïs)  
☐ Rubisco L (épinard)

#### Tableau de comparaison

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)
psaB Arabidopsis (1)	100	64,38
psaB Microcystis (2)	64,38	100

Le pourcentage d'identité est calculé en divisant le nombre d'identités ("matches") par la longueur de l'alignement des 2 séquences.

Les lacunes (ou gaps, notées \_) communes aux 2 séquences sont décomptés de cette longueur.

Cette méthode, aussi appelée "BLAST Identity" est surtout utilisée pour retrouver une séquence dans une base de données génomique. Elle est peu adaptée pour établir des liens de parenté (Phylogénie)

#### Tableau de comparaison

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)
Rubisco L (cyanobactérie) (1)	100	75,83	79,5
Rubisco L (maïs) (2)	75,83	100	89,73
Rubisco L (épinard) (3)	79,5	89,73	100

Le pourcentage d'identité est calculé en divisant le nombre d'identités ("matches") par la longueur de l'alignement des 2 séquences.

Les lacunes (ou gaps, notées \_) communes aux 2 séquences sont décomptés de cette longueur.

Cette méthode, aussi appelée "BLAST Identity" est surtout utilisée pour retrouver une séquence dans une base de données génomique. Elle est peu adaptée pour établir des liens de parenté (Phylogénie)