

Exercice 1 du TD (Golden Rice)

- Endiguer des carences nutritives (vitamine A, sources animales , qq produits laitiers)
- Réduire les évènements liés à ces carences (cécité..)
- Ne pas modifier les 'traditions alimentaires' locales (alimentation riche en riz)

→ Biofortification



→ Question :
Riz doré = OGM et exception Humanitaire ?

Peter Beyer and Ingo Potrykus (1999) montrent que des B-carotenes peuvent être produits dans des 'grains de riz' (#feuilles) : 2 enzymes sont nécessaires (carotene desaturase + phytoene synthase)

= **PREUVE DE CONCEPT**



Prototype de Golden Rice :

augmentation des teneurs/grains (~1,6 µg/g)

Tests chez différents variétés de riz (Indica, long grains, Jopina grains ronds)



1ère Génération de 'Golden Rice' (GR1)

Contient 2 enzymes uniquement (un gene de Jonquille phytoene synthase (Psy) + un gene de carotene desaturase (CrtI) de la bactérie *Pantoea ananatis*)

Expression uniquement dans l'endosperme, promoteur endosperme spécifique

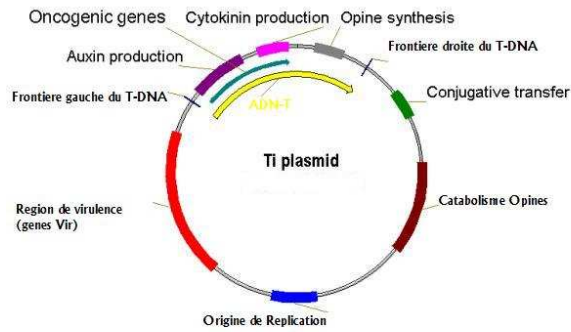
Teneur: ~6 µg/g



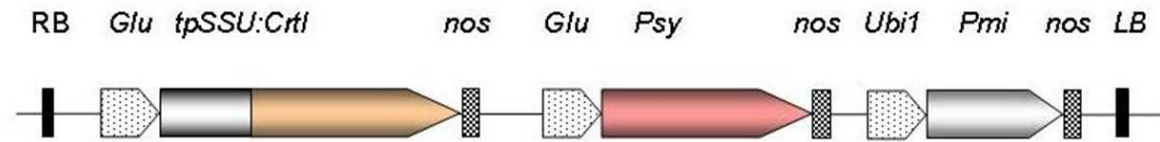
2ème Génération de 'Golden Rice' (GR2) : ++ B-carotène

Contient 2 enzymes uniquement (Psy + CrtI gene) de maïs et riz (activité plus efficace)

Teneur: ~ 37 µg/g



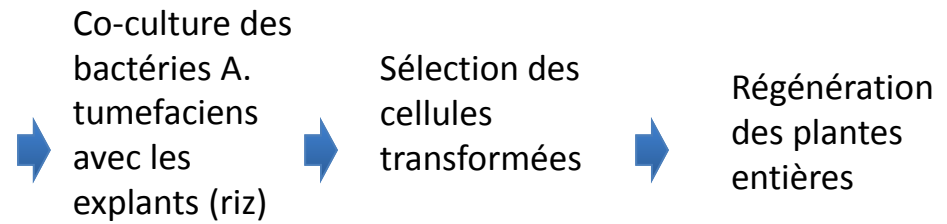
Entre les frontières gauche et droite du T-DNA et en remplacement des 'genes naturels' (opine+synthèse CK et AIA)

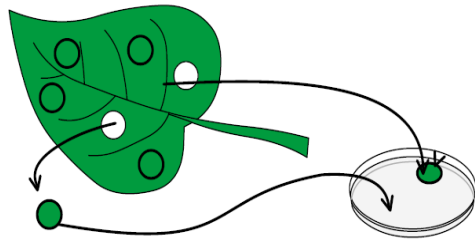


Transfert du plasmide dans *A. tumefaciens*



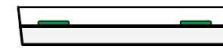
Agrobacterium tumefaciens





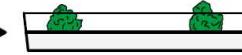
Disques foliaires coupés à l'emporte pièce = Explants

Co-culture, *Agrobacterium tumefaciens* modifié au niveau de son ADN-T + explants végétaux

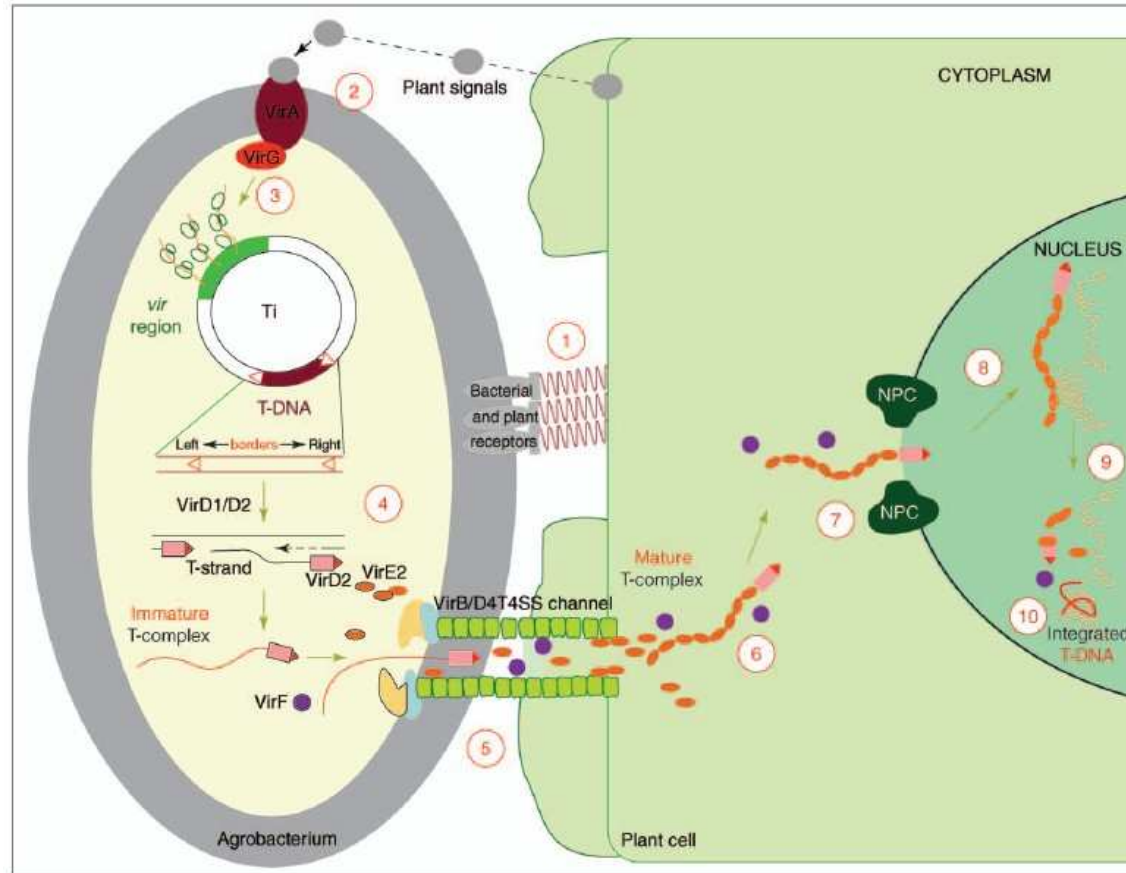
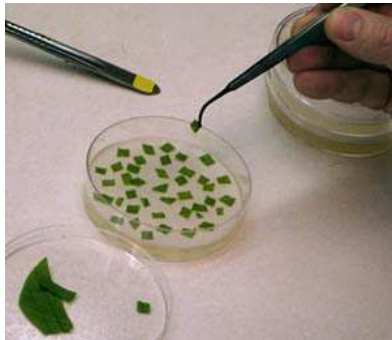


Culture de cellules végétales en présence d'*Agrobacterium tumefaciens* modifié

temps →

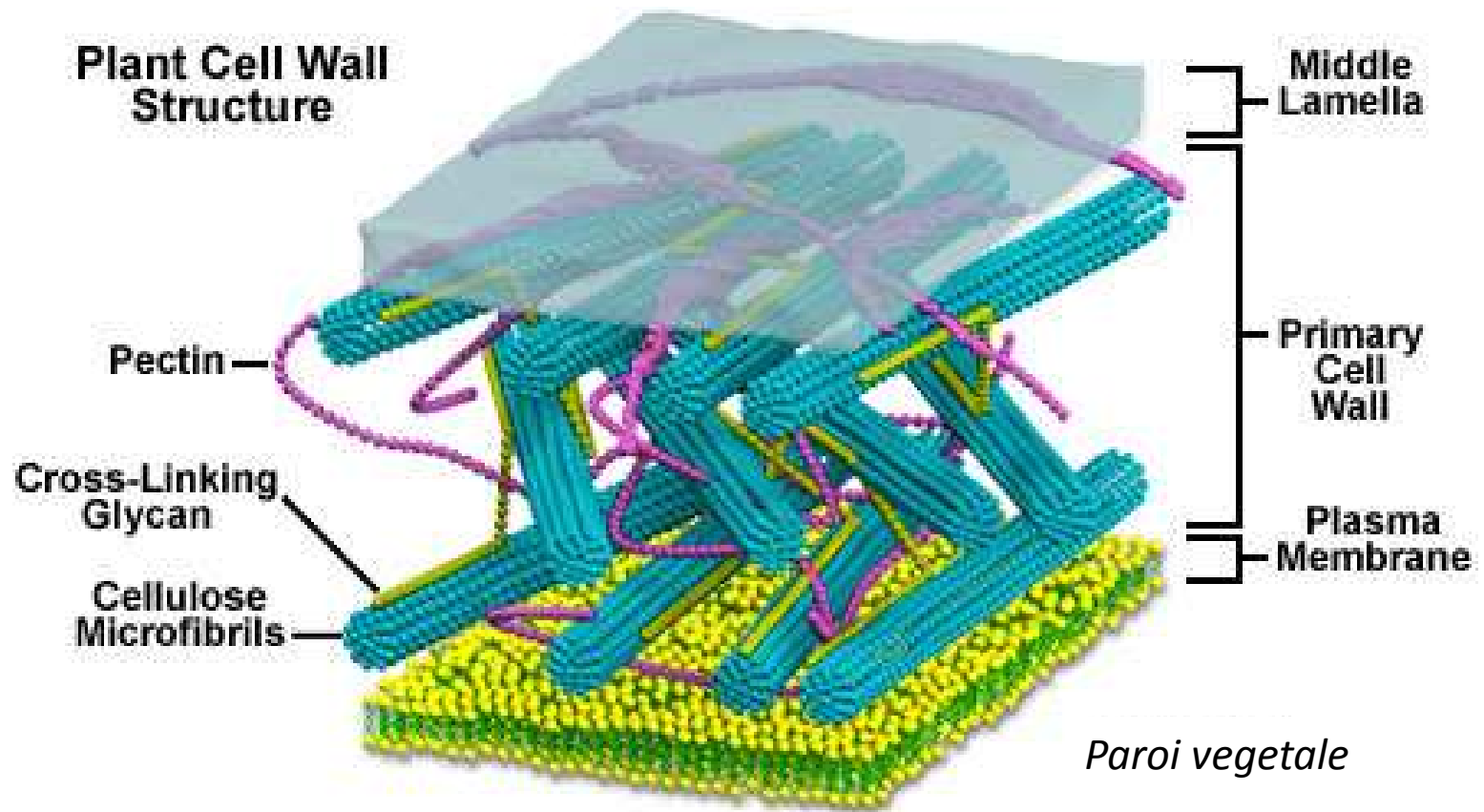


Développement de cals (amas de cellules indifférenciées)



A model for the *Agrobacterium*-mediated genetic transformation. The transformation process comprises 10 major steps and begins with recognition and attachment of the *Agrobacterium* to the host cells (1) and the sensing of specific plant signals by the *Agrobacterium* VirA/VirG two-component signal-transduction system (2). Following activation of the *vir* gene region (3), a mobile copy of the T-DNA is generated by the VirD1/D2 protein complex (4) and delivered as a VirD2-DNA complex (immature T-complex), together with several other Vir proteins, into the host-cell cytoplasm (5). Following the association of VirE2 with the T-strand, the mature T-complex forms, travels through the host-cell cytoplasm (6) and is actively imported into the host-cell nucleus (7). Once inside the nucleus, the T-DNA is recruited to the point of integration (8), stripped of its escorting proteins (9) and integrated into the host genome (10). A detailed model of the host cellular mechanisms and the role of plant-specific

Exercice 2 du TD



Pectines: constituées essentiellement par des résidus d'acide galacturonique (GalA) liés entre eux par des liaisons α -(1-4), partiellement acétylés ou estérifiés

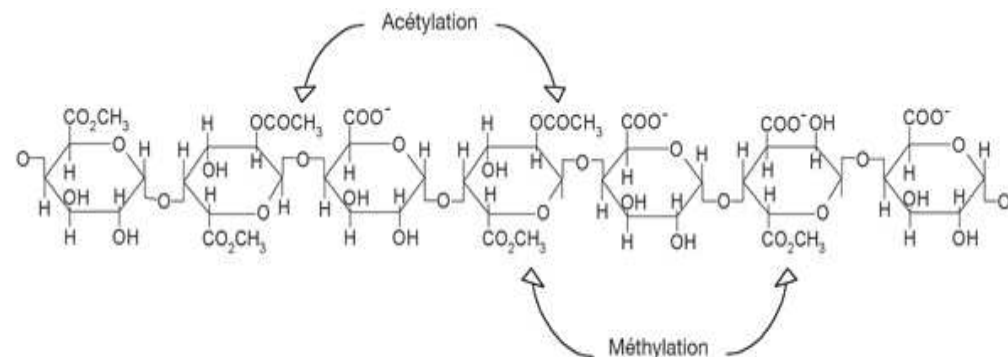
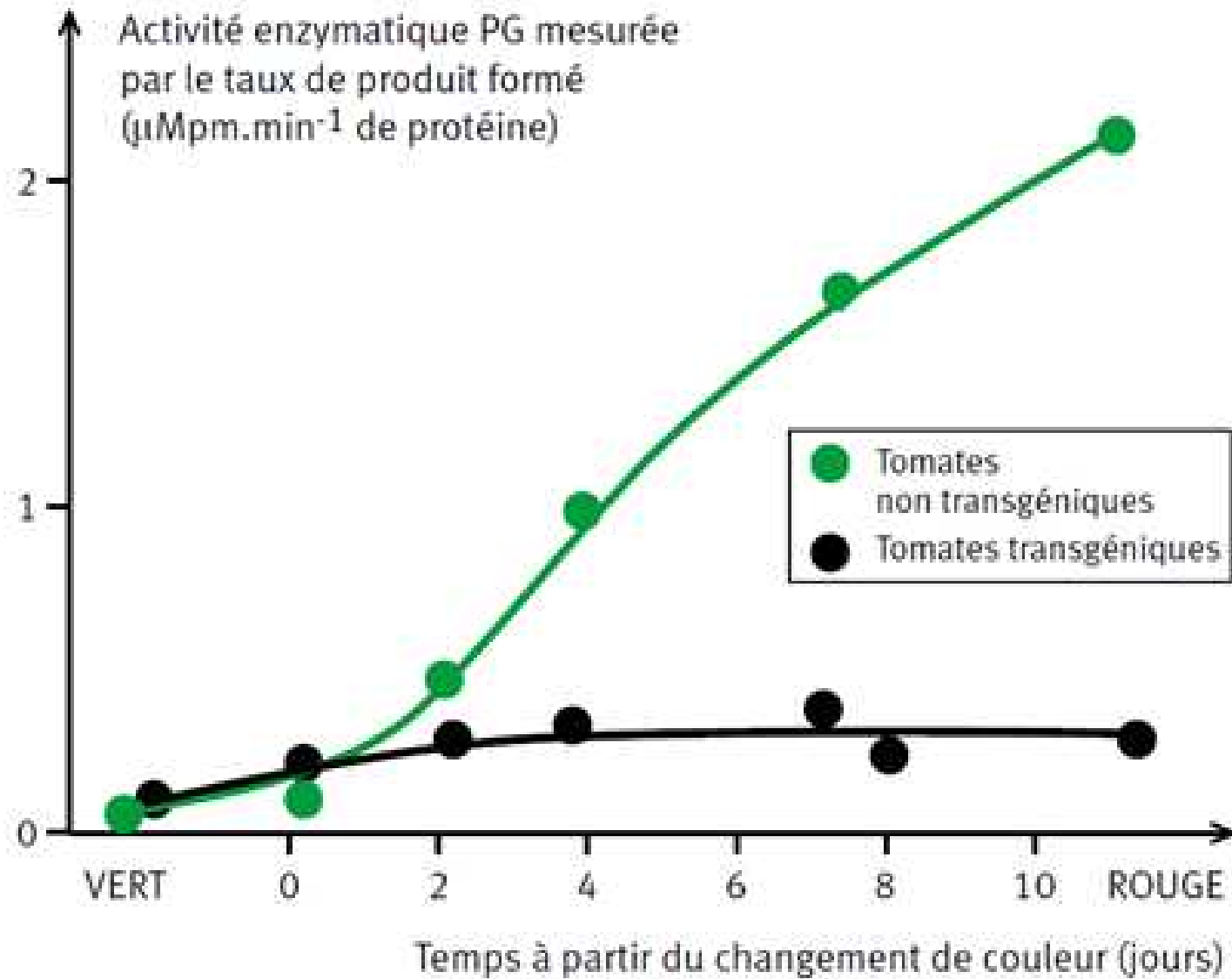


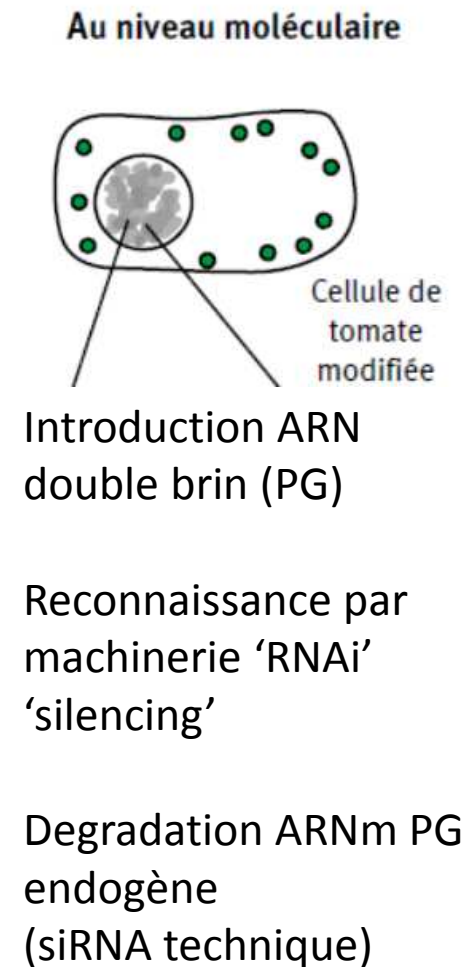
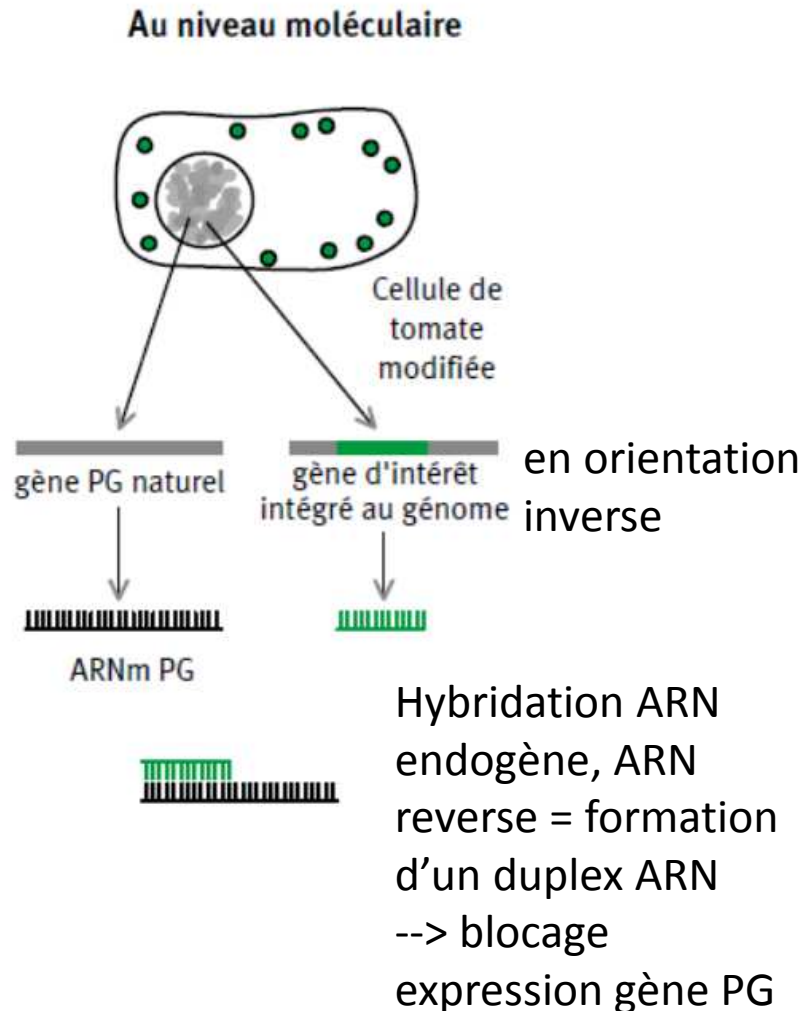
Figure 1. Structure primaire d'un homogalacturonane — Primary structure of a homogalacturonan.

Mesure de l'activité enzymatique PG chez la tomate



Activite polygalacturonase:
polymere d'acide galacturonique → acide galacturonique
(dosage activité reductrice libéré dans le milieu)

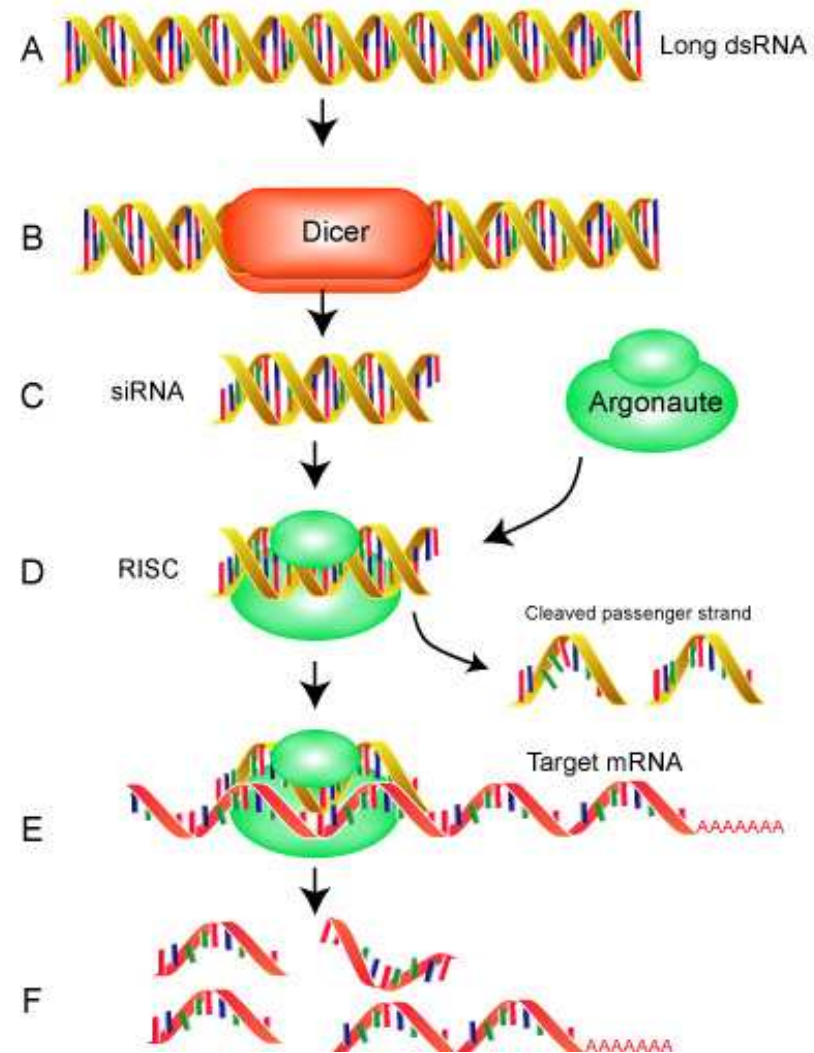
Reduire / Bloquer l'activité PG dans les plantes : comment ??



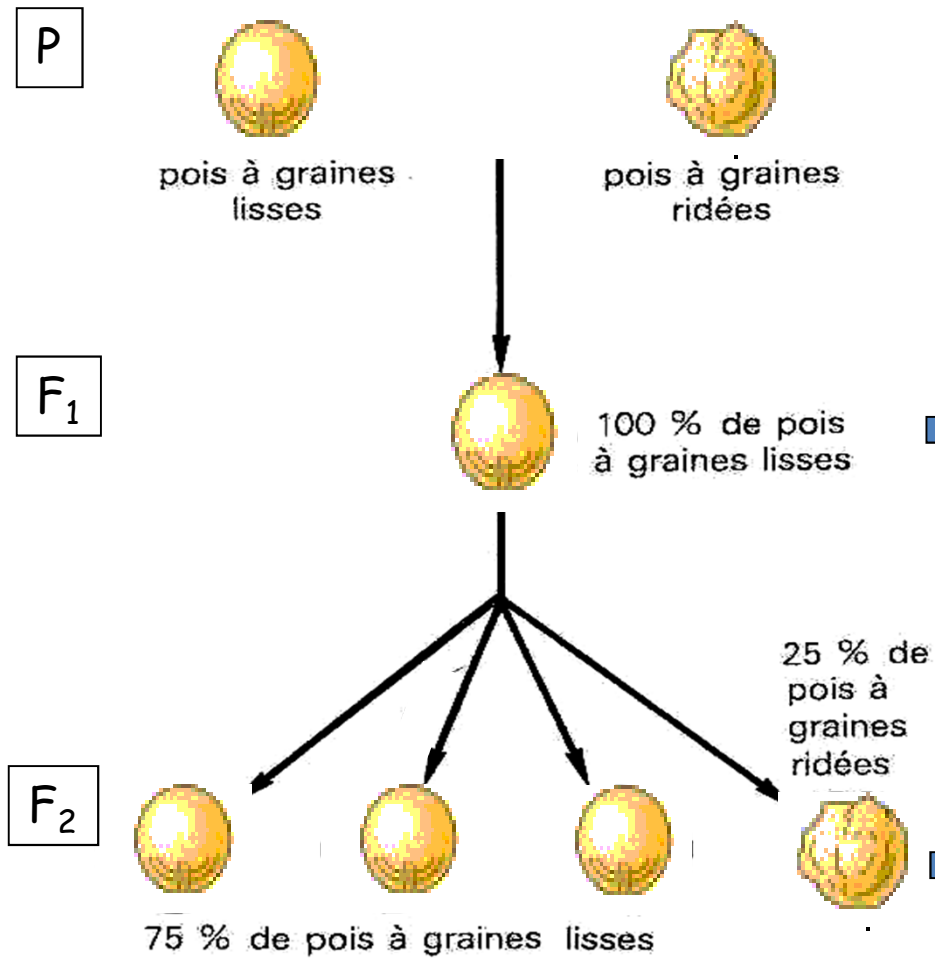


RNA interference (RNAi)

- Capacité d'un ARN x2brin de supprimer l'activité d'un gène, de manière « **homologie-dépendante** »
- Protection contre virus (plantes, invertébrés)
- Régulation transcriptionnelle (Dicer, RISC)
- Outil de génomique fonctionnelle



Exercice 3 du TD



La F1 est homogène
caractère "graine lisse"
dominant sur le caractère
"graine ridée" (**récessif**)

Réapparition du caractère
récessif

Interprétation de l'expérience



Parents	AA	x	aa	Homozygotes
F1			Aa	Hétérozygotes
F2	AA		Aa	aa
	1/4		1/2	1/4
	Homozygotes		Hétérozygotes	Homozygotes

Parent 1 AA
Parent 2 aa

	A
a	Aa

F1

	A (1/2)	a (1/2)
A (1/2)	AA (1/4)	Aa (1/4)
a (1/2)	Aa (1/4)	aa (1/4)

F2

Tableaux des gamètes à la méiose:

Exercice 3 du TD

Le caractère jaune est dominant sur vert

Le caractère fleurs pourpres est dominant sur fleurs blanches

Le caractère fleurs axiales est dominant sur fleurs terminales.

Le caractère cosses pleines est dominant sur cosses plissées

Les résultats en F₂ donnent bien une proportion $\frac{3}{4} - \frac{1}{4}$

3,01 plantes à pois verts pour 1 plante à pois jaunes

2,89 plantes à fleurs pourpres pour 1 plante à fleurs Blanches

3,14 plantes à fleurs axiales pour 1 plante à fleurs terminales

2,95 plantes à cosses pleines pour 1 (plante à cosses plissées)

Exercice 4 du TD

Q1: descendance type 3:4 mais, 1:4 teosinte, donc **Mais dominant, et teosinte recessif**

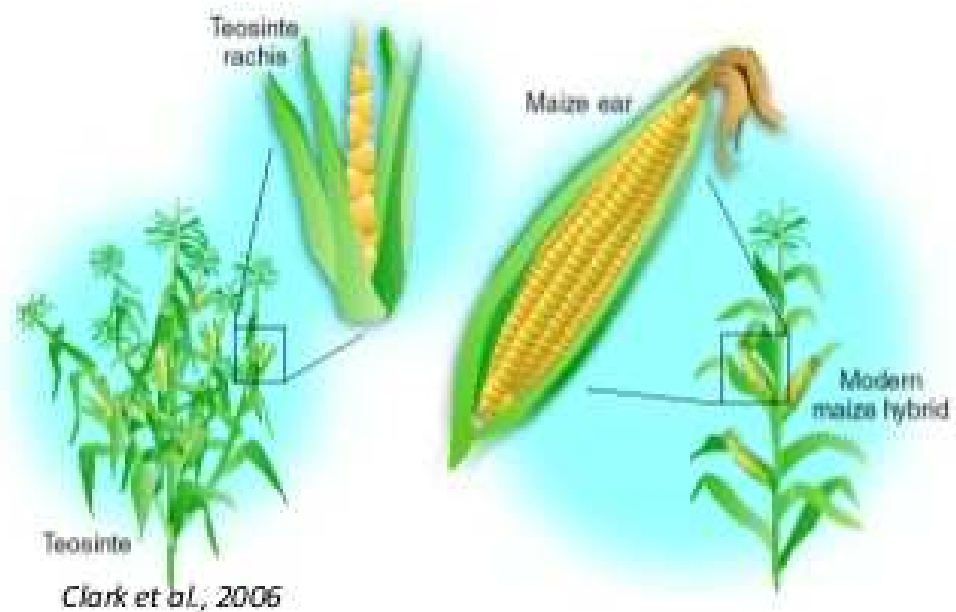
Q2: Le mutant (tbs1 non fonctionnel)

- possède des branches latérales comme la Téosite mais uniquement avec des inflorescences mâles (alors que la Téosite possèdent des inflorescences femelles sur les branches latérales avec une inflorescence mâle au sommet)

→ **Donc ce gène :**

limite le développement de rameaux latéraux.

regule la formation d'inflorescences femelles sur les branches

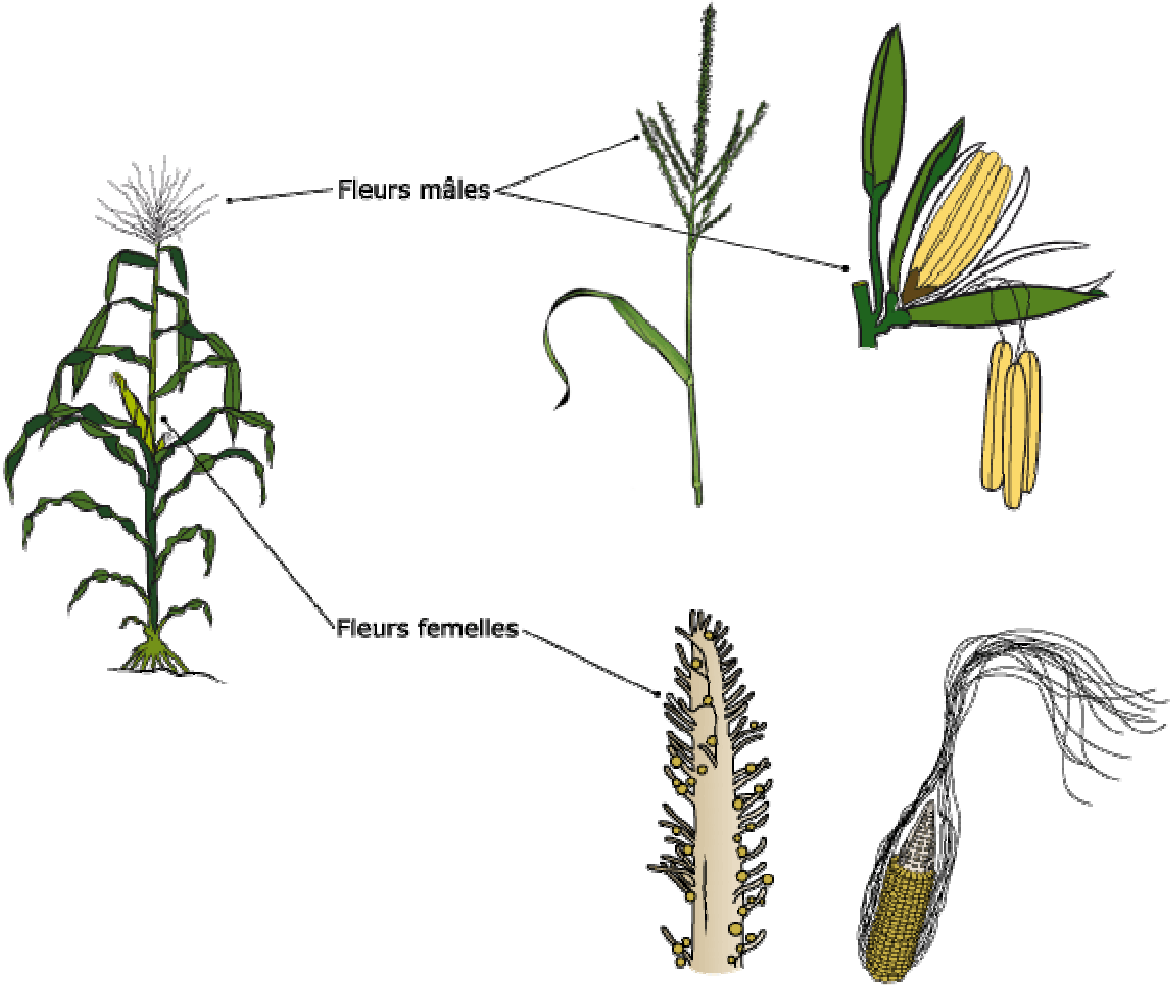


Le gène *TB1* (*TEOSINTE BRANCHED 1*)

- code un facteur de transcription (TCP)
- contrôle la structure branchée de la plante
- Sa surexpression entraîne une dominance apicale accrue et le développement d'une tige unique et épaisse chez le maïs cultivé

L

-
-
-



Soit $tb1$ MUT, l'allèle $tb1$ muté

Croisement mutant x maïs : $tb1MUT/tb1MUT \times tb1MAIS/tb1MAIS$

F1 : $tb1MUT/tb1MAIS$ [maïs]

F2 :

$1/2 tb1MUT/tb1MAIS + 1/4 tb1MAIS/tb1MAIS = 3/4$ de [maïs]

$1/4 tb1tb1MUT/tb1MUT$ [mutant]

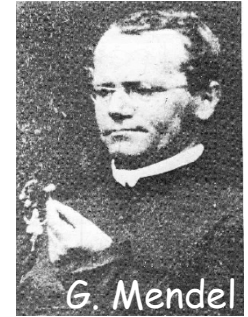
Croisement mutant x teosinte: $tb1MUT/tb1MUT \times tb1TEO/tb1TEO$

F1 : $tb1MUT/tb1TEO$ [téosinte]

F2 : $1/2 tb1MUT/tb1TEO + 1/4 tb1TEO/tb1TEO = 3/4$ de [téosinte]

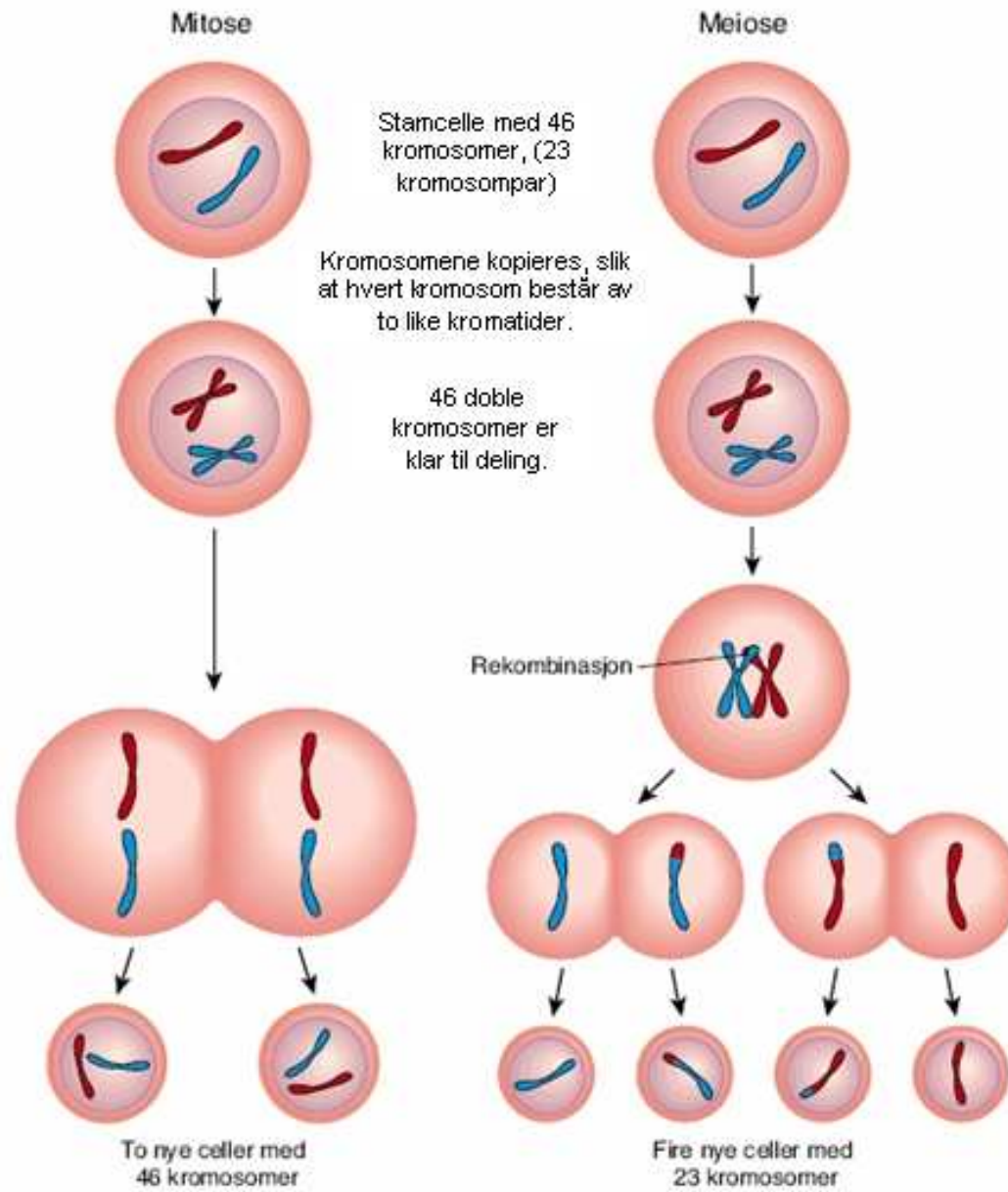
$1/4 tb1tb1MUT/tb1MUT$ [mutant]

Les lois de Mendel



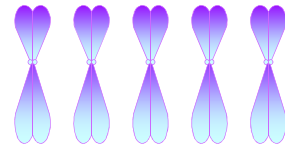
Caractères liés à **déterminants héréditaires** (gènes)

- Les déterminants héréditaires sont organisés par paires
- Lorsque chez un individu, les deux déterminants sont différents l'un est dominant vis-à-vis de l'autre (dominance, récessivité)
- Chacun des déterminants est transmis avec la **même probabilité**



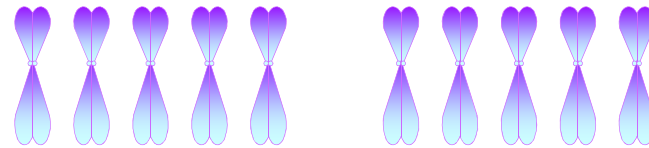
Une espèce/forme polyploïde contient **plus de deux jeux complets de chromosomes**

Haploïde
 $x=5$

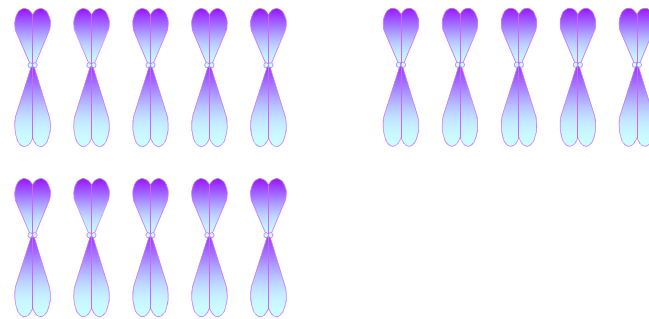


Le nombre de chromosomes de l'organisme est un multiple (>2) du nombre chromosomique de base

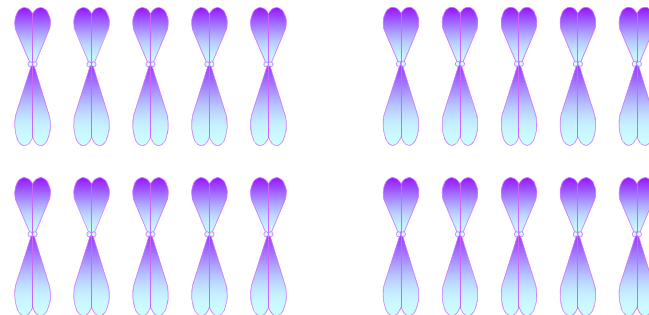
Diploïde
 $2x=10$



Triploïde
 $3x=15$



Tétraploïde
 $4x=20$

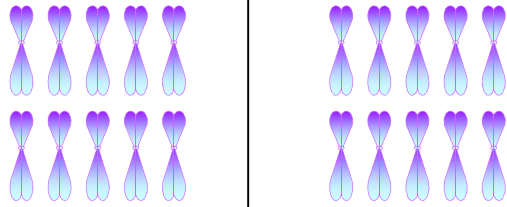


Pentaploïde (5x)
Hexaploïde (6x)
Heptaploïde (7x)
Octaploïde (8x)

Autopolyploïde vs. Allopolyploïde

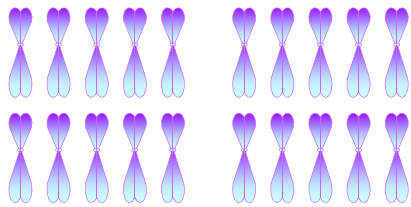
Espèce 2x AA Espèce 2x AA

$2n=2x=10$ $2n=2x=10$



Espèce autotétraploïde

$2n=4x=20$



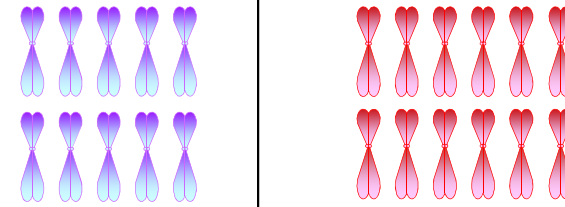
AAAA

autoP = duplication du même
génom

Origine monophylétique

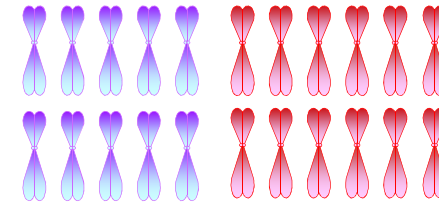
Espèce 2x AA Espèce diploïde BB

$2n=2x=10$ $2n=2x=12$



Espèce allotétraploïde

$2n=4x=22$

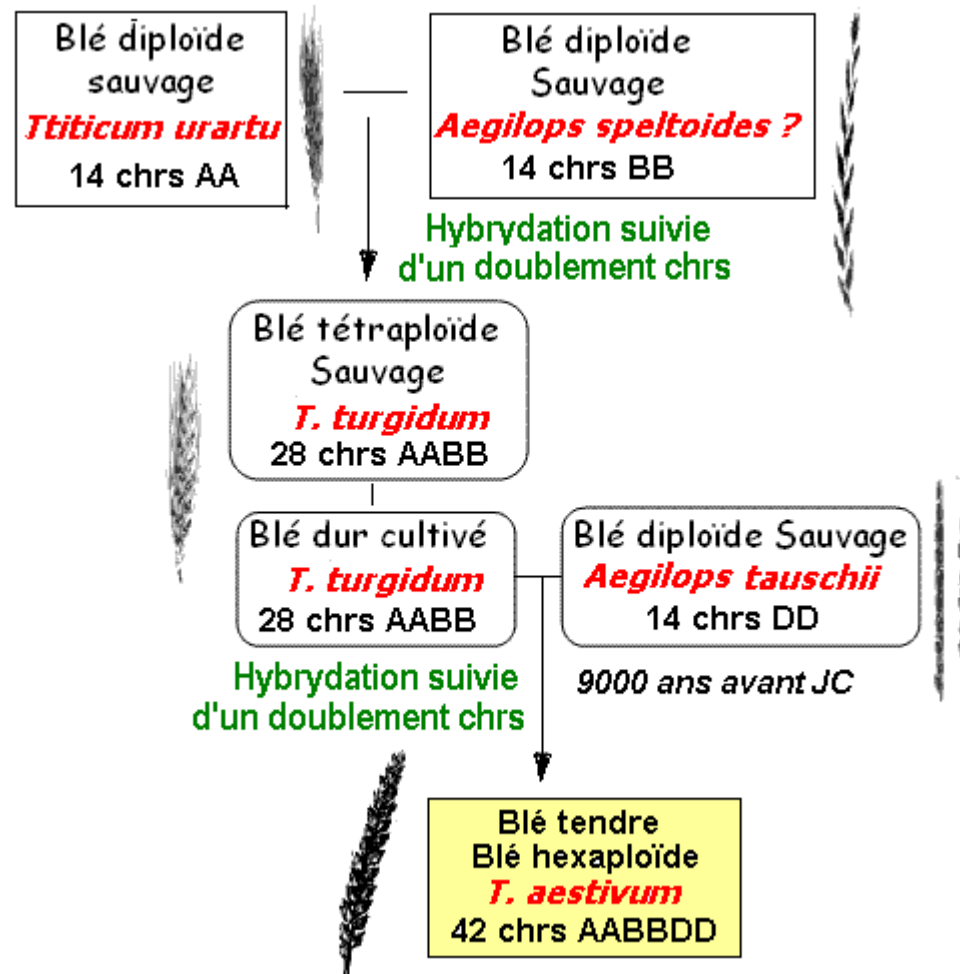


AABB

alloP = association de génomes
différents

Origine polyphylétique

Histoire évolutive du blé



*Espèces actuelles

T. turgidum (blé dur tétraploïde, $2n = 28$),
T. aestivum (blé tendre hexaploïde, $2n = 42$).

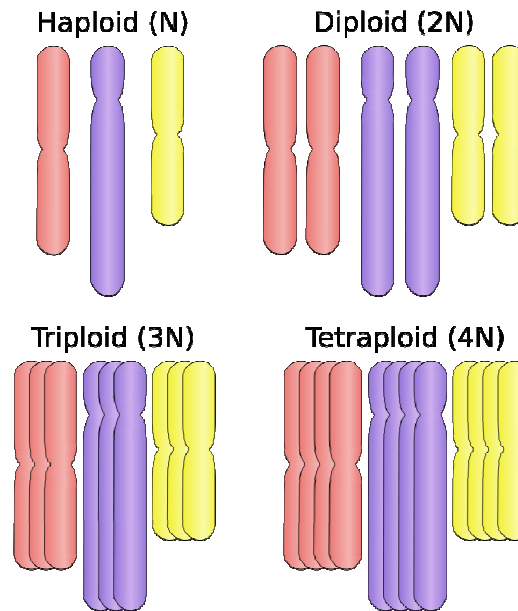
*Les **blés tétraploïdes** possèdent deux génomes **A** et deux génomes **B** (**AA BB**).
→ issus d'un croisement entre les espèces sauvages diploïdes

T. monococcum (génome AA, $n = 7$, $2n = 14$) x *T. searsii* (génome SS)

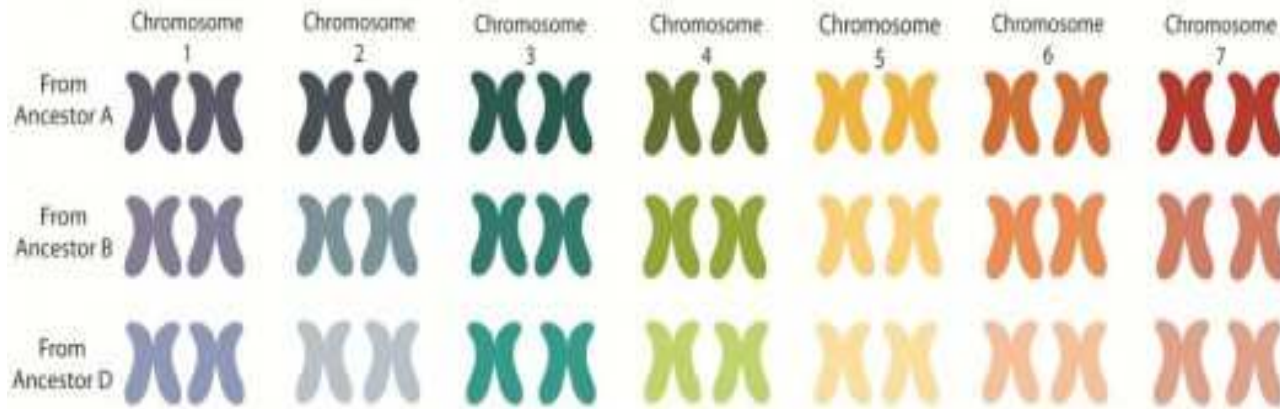
*Le **blé hexaploïde** possède 3 génomes (**AA, BB, DD**): c'est un hybride de *T. turgidum* (AA, BB) et de *T. tauschii* (génome **DD**).

Dans ces deux cas, l'hybridation a été suivie d'un **doublement des chromosomes**. En effet, les cellules mères des spores de l'hybride ABC ne peuvent subir la méiose, car les **chromosomes très différents ne s'apparient pas de façon régulière**, ce qui rend stérile ce type d'hybride.

Le doublement des chromosomes des trois génomes (AA, BB, DD) rend l'hybride fertile



Hexaploide (42 chromosomes)



wheat

The three genomes (A, B and D) of common bread wheat with each of the seven sets of chromosomes from each ancestor. The ancestors were each diploid (two sets of chromosomes) and came together in nature to produce hexaploid wheat.