

Les génomes peuvent être modifiés massivement par l'ingénierie génétique

[Mass Genome Engineering](#)

Avec d'importantes implications en matière de sécurité, des génomes microbiens entiers peuvent être modifiés à volonté, simultanément et rapidement, . [Dr Mae-Wan Ho](#)

Rapport de l'ISIS en date du 22/10/2012

Une [version entièrement illustrée et référencée](#) de cet article intitulé [Mass Genome Engineering](#) est disponible et accessible par les membres de l'ISIS sur le site http://www.isis.org.uk/Mass_Genome_Engineering.php ; elle est par ailleurs disponible en téléchargement [ici](#)

S'il vous plaît diffusez largement et rediffusez, mais veuillez donner l'URL de l'original et conserver tous les liens vers des articles sur notre site ISIS. Si vous trouvez ce rapport utile, s'il vous plaît, soutenez ISIS en vous abonnant à notre magazine [Science in Society](#), et encouragez vos amis à le faire. Ou jeter un oeil à notre librairie [ISIS bookstore](#) pour d'autres publications

L'ingénierie du génome entier

La **biologie synthétique** va au-delà du génie génétique conventionnel : elle consiste en la manipulation des génomes entiers, à la fois avec un assemblage de pièces élémentaires, sous forme de données de séquences génomiques qui sont disponibles, et avec des gènes modificateurs qui sont dispersés dans l'ensemble des génomes. Il faut souligner que ces techniques fonctionnent comme prévu avec les microbes, chez lesquels une recombinaison entre des séquences d'acides nucléiques homologues (similaires) est la règle. Cependant, chez les plantes et les animaux, des recombinaisons non homologues entre des séquences dissemblables sont prédominantes, et il est très difficile de cibler précisément les gènes. C'est pourquoi la modification génétique des plantes et du bétail est, par nature, incontrôlable et dangereuse, et les personnes qui, comme moi, l'ont souligné depuis que tout a commencé, ont eu bien raison (voir [1]] [GM is Dangerous and Futile](#), *SiS* 40). La biologie synthétique doit procéder avec prudence dans le ciblage des génomes de plantes et d'animaux, en raison de l'imprévisibilité et des dangers potentiels qui se sont multipliés à plusieurs reprises.

La motivation pour l'ingénierie des génomes, selon les chercheurs Peter Carr du *Massachusetts Institute of Technology*, et George Church de la *Harvard Medical School*, à Cambridge, dans l'état du Massachusetts aux États-Unis [2], est de comprendre ce qui se passe à travers leur construction, de produire des médicaments et des biocarburants avec un génome optimisé dans ce but, par exemple, pour utiliser des microbes comme biocapteurs, pour la **bioremédiation**, pour chasser et/ou détruire les cellules cancéreuses; pour instruire nos propres cellules afin de minimiser le risque de choc septique, pour produire des organismes utilisant des codons fondamentalement modifiés, ce qui pourrait empêcher une souche de laboratoire d'ingénierie utilisant des gènes

acquis, de transmettre ses caractéristiques d'ingénierie à des organismes sauvages. Ou tout simplement, la motivation est de « construire afin d'explorer de manière créative ».

Parmi les exemples de l'ingénierie des génomes, se trouve la construction du premier génome microbien à partir de cassettes disponibles dans le commerce, par l'Institut Craig Venter [3], ainsi que la suppression d'un grand nombre de larges segments du génome de la bactérie *E. coli* pour la débarrasser des éléments d'ADN instables, le transfert d'une grande partie du génome d'**archées** dans le génome d'**eubactéries**; la décomposition du génome du bactériophage T7 en plusieurs modules reconfigurables; la réalisation simultanée d'un grand nombre de modifications ciblées de génomes (voir ci-dessous), et le développement d'un système de traduction purifié utilisable pour le prototypage de fonctions génétiques *in vitro* sans nécessiter de déplacer des gènes dans des cellules vivantes. La manipulation de segments d'ADN de taille supérieure à 100 kpb dans les trois premiers exemples, s'est fortement appuyée sur les techniques de recombinaison *in vivo*.

Une croissance super-exponentielle dans les technologies de l'ADN

Une technique-clé qui a permis de manipuler des génomes entiers est la synthèse de l'ADN à partir de zéro. Depuis que le premier gène synthétique a été produit dans les années 1970, la taille de l'ADN synthétisé a augmenté de façon exponentielle jusqu'au début des années 2000, quand il a alors connu une croissance super-exponentielle avec la construction de l'ensemble du génome entier de *Mycoplasma genitalium*, composé de 582.960 paires de bases (voir figure 1a) [2].

En outre, depuis le début des années 2000, le coût du séquençage et de la synthèse de l'ADN a considérablement diminué (voir figure 1b). Il a été possible, dès 2009, de produire un ADN de 100 kbp pour un dollar, et de séquencer 1 million de paires de bases pour 1 dollar (voir les deux courbes supérieures de figure 1b. Mais pour obtenir la construction génétique d'un ADN double brin, il faut un travail de conception important qui n'est pas aussi simple, et qui est très en retard sur le plan technologique (voir courbe du bas, Fig. 1b).

« L'ingénierie des génomes en est à ses balbutiements », selon la déclaration de Carr et Church [2]. Les nouvelles techniques ont permis de faire les premiers travaux, mais des outils plus sophistiqués sont nécessaires à tous les stades pour : « la modélisation, la construction de l'ADN et sa manipulation, la mise en œuvre, les tests et la mise au point ».

Figure 1 - Croissance des technologies de l'ADN depuis que le génie génétique a commencé dans les années 1970

L'évolution artificielle accélérée est le mode préféré pour la manipulation des génomes

La procédure pratique et préférée pour la manipulation des génomes est la variation et la sélection, au lieu de la conception spécifique, une sorte d'évolution super-accelérée. C'est là que l'ingénierie des génomes de masse entre en jeu, avec ses deux grands avantages potentiels : la préexistence de modules hautement évolués dans les cellules et les micro-organismes, ainsi que la possibilité d'introduire des combinaisons et d'autres

changements à l'échelle du génome, dans un laboratoire avec des techniques à haut débit. Une catégorie générale se concentre sur l'amélioration des fonctions existantes ou sur la sélection de nouvelles fonctions, grâce à cette évolution dirigée.

Les outils de la **conception assistée par ordinateur** (CAO) pour la conception et la simulation de haut niveau sont indispensables, de même que la mise en forme détaillée et les séquences d'oligonucléotides pour l'assemblage multiplex de gènes ou de génomes. La CAD spécifie les combinaisons complètes des modifications génétiques pour l'ingénierie métabolique et le dépistage basé sur une séquence, où le nombre de modifications à apporter est trop grand, comme la conversion des codons à l'échelle du génome entier dans la bactérie *E. coli*, où tous les codons d'arrêt TAG doivent être convertis en TAA (un autre codon d'arrêt). Les outils de CAO sont également nécessaires pour générer des voies métaboliques et de signalisation, y compris pour des processus non encore trouvés dans la nature. Un objectif majeur pour l'avenir est d'automatiser et d'intégrer les différents aspects [2] ; « depuis la conception des protéines, jusqu'à la compatibilité des normes et la propriété intellectuelle ».

Les sociétés de synthèse d'ADN utilisent généralement des robots de manipulation de fluides et des densités modérément élevées de plaques de réaction (dispositifs avec 96, 384 ou 1.536 puits), qui peuvent produire des méga-paires de bases de l'ADN par mois.

Une autre approche consiste en un traitement microfluidique, ce qui minimise l'emploi des réactifs et des matières consommables, et qui dépend de la synthèse en parallèle de séquences plus courtes qui sont assemblées par la suite en de plus longues unités.

L'ingénierie des génomes automatisée multiplexage (abrégié en anglais 'MAGE' : une technique de programmation à grande échelle et d'évolution accélérée des génomes

L'ingénierie des génomes automatisée multiplexage (MAGE) est en cours d'élaboration pour la programmation à grande échelle et l'évolution accélérée des cellules [3]. La technique MAGE s'adresse simultanément à de nombreux sites sur le chromosome pour une modification dans une cellule ou dans une population de cellules, produisant ainsi des combinaisons étendues de la diversité génomique, destinées à sélectionner les combinaisons optimales. Le processus est cyclique et évolutif.

L'équipe de recherche dirigée par George Church a construit des dispositifs prototypes qui automatisent la technique MAGE, afin de faciliter la production rapide et continue de mutations. MAGE a été utilisée pour optimiser la voie de biosynthèse de la '1-désoxy-D-xylulose-5-phosphate' (DXP) dans la bactérie *E. coli* pour surproduire le **lycopène**. Médiée par la protéine b de fixation des 'ADN simple brin' d'un bactériophage 'I-Red', le remplacement de gène est réalisé dans la souche bactérienne *E. coli* en dirigeant les oligonucléotides d'ADN simple brin sur le brin en attente au niveau de la fourche de réplication, lors de la réplication de l'ADN. Les ADN simple brin ont été introduits par **électroporation**.

Vingt gènes, décrits comme favorisant l'augmentation du rendement du lycopène, ont été ciblés dans le but d'optimiser la traduction de 90 oligonucléotides de base, contenant des séquences dégénérées du site de liaison du ribosome, flanquées de régions homologues de chaque côté. En outre, quatre gènes codant pour des voies secondaires

ont été ciblés pour l'inactivation, par des séquences de remplacement, avec des codons d'arrêt afin d'améliorer le flux à travers la voie de la DXP. Ainsi, au total, 24 gènes ont été optimisés simultanément pour la production de lycopène.

Pas moins de 15 milliards de variants génétiques ont été générés. Le dépistage a été effectué en isolant les colonies qui ont produit une intense pigmentation rouge (due au lycopène) sur des plaques d'agar. Le séquençage de six variants a révélé un consensus de site de liaison ribosomique de la séquence Shine-Dalgarno (qui fait appel efficacement au ribosome pour commencer la traduction) dans les gènes situés au début et à la fin de la voie de biosynthèse, d'une part, et le gène 'knock-out' [qui rend silencieux] à partir des voies secondaires, d'autre part. Le rendement en lycopène a été mesuré : il va jusqu'à atteindre 9 mg / g de poids sec de cellules.

Dans une application ultérieure, à l'aide d'une stratégie générale de co-sélection avec des gènes marqueurs génétiques, au sein de sites ciblés d'environ 500kb, il a été réalisé la modification simultanée de 80 sites dans le génome de la bactérie *E. coli* [4].

Est-ce bien inoffensif et sûr ?

La technique MAGE combine l'ingénierie des génomes ciblés avec la sélection, afin de créer rapidement de nouveaux génomes, présentant les caractéristiques requises, et le processus de modification du génome le plus efficace se profile à l'horizon. Ces changements massifs des génomes sont tenus pour avoir des effets non intentionnels à travers le gène, des interactions épigénétiques et métaboliques, et il est extrêmement important que les nouvelles souches créées soient complètement caractérisées et qu'une évaluation des risques soit effectuée.

Bien que le processus se déroule probablement selon les bonnes pratiques du confinement, ce dernier est-il suffisamment sévère ? Les déchets transgéniques - contenant des dizaines de milliards de nouveaux génomes créés à un moment donné - sont-ils déversés dans l'environnement et dans le milieu naturel ?

Ces nouveaux génomes pourraient offrir de nombreuses possibilités de **transfert horizontal de gènes** et de recombinaisons, d'une part, et créer par la suite de nouvelles souches de bactéries et de virus, d'autre part, et au moins certains d'entre eux peuvent être des agents pathogènes graves. Il est crucial d'éviter que cela ne se produise.

© 1999-2012 The Institute of Science in Society

[Contact the Institute of Science in Society](#)

MATERIAL ON THIS SITE MAY NOT BE REPRODUCED IN ANY FORM WITHOUT EXPLICIT PERMISSION. FOR PERMISSION, PLEASE [CONTACT ISIS](#)

Définitions et compléments

Archées - Introduction et extrait d'un article Wikipédia

Les **archées** ou **Archaea** (anciennement **archéobactéries** ou bien encore **archéobactéries**, du grec *archaios*, « ancien » et *backterion*, « bâton ») forment un groupe de [micro-organismes](#) unicellulaires et sont un groupe majeur de [procaryotes](#). Comme les [bactéries](#), elles ne présentent ni [noyau](#) ni organites intracellulaires.

Avant les travaux de [phylogénie](#), les archaea, qui étaient encore appelées archéobactéries, faisaient partie du règne des monères dans la classification du vivant en cinq [règnes](#). Les analyses plus détaillées ont montré que les archées étaient aussi différentes des bactéries que celles-ci le sont des [eucaryotes](#) : ces travaux aboutirent à la [classification du vivant](#) en trois domaines. Les archaea ont été ultérieurement divisées en quatre [phyla](#), dont les deux groupes des [crenarchaeota](#) et des [euryarchaeota](#) qui sont les plus étudiés.

Sommaire

- [1 Descriptif](#)
- [2 Classification](#)
 - [2.1 Nouveau domaine](#)
 - [2.2 Classification actuelle](#)
- [3 Origine et évolution](#)
- [4 Génome et génétique](#)
- [5 Reproduction](#)
- [6 Diversité des archaea, habitat](#)
 - [6.1 Caractéristiques cellulaires](#)
 - [6.2 Métabolisme](#)
 - [6.3 Habitat](#)
 - [6.4 Archées et santé humaine](#)
- [7 Comparaison entre archaea, bactéries et eucaryotes](#)
- [8 Notes et références](#)
- [9 Articles connexes](#)

Descriptif

Habituellement, la taille et la forme des archées sont similaires à celles des bactéries, bien que certaines espèces d'archées présentent une forme inhabituelle, comme *haloquadra walsbyi* qui est de forme plate et carrée. En dépit de ces similarités visuelles avec les bactéries, les archées s'en distinguent par certains caractères biochimiques, comme la constitution de la membrane cellulaire. De plus, elles présentent des gènes et des voies métaboliques qui sont plus similaires à ceux qui sont rencontrés chez les [eucaryotes](#), notamment les enzymes impliquées dans le mécanisme de [réplication de l'ADN](#), la [transcription](#) et la [traduction](#). Les archées utilisent une plus grande variété de source d'énergie que les eucaryotes : [composé organique](#) comme les [sucres](#), l'[ammoniac](#), les [ions métalliques](#) et même l'[hydrogène gazeux](#) comme nutriments. Les [Halobacteria](#) utilisent la lumière solaire comme source d'énergie, et certaines espèces d'archées

peuvent fixer le carbone, cependant, à l'inverse des plantes et des cyanobactéries, il n'y a pas d'espèces d'archées connues capables de réaliser ces deux phénomènes. Les archaea se reproduisent de manière [asexuée](#) et se divisent par [fission binaire](#), fragmentation ou bourgeonnement. Par opposition aux bactéries et aux eucaryotes, aucune espèce d'archées identifiée à ce jour n'est capable de former des [spores](#).

Les *archaea* sont extrêmement diversifiées. Certaines sont connues pour leur capacité à vivre dans des conditions extrêmes et occupent des [niches écologiques](#) qu'elles sont souvent seules à occuper (pH proche de 0, température supérieure à 100 °C, salinité élevée par exemple), mais il existe beaucoup d'archées vivant dans des [biotopes](#) plus courants et très variés comme le sol, les lacs, la mer ou l'intestin des animaux. Elles contribueraient jusqu'à 20 % du total de la [biomasse](#)¹. Ces procaryotes sont maintenant ainsi reconnus comme une part majeure du vivant sur Terre, ils peuvent jouer un rôle dans le [cycle du carbone](#) et le [cycle de l'azote](#). Il n'y a pas d'exemple clairement reconnu d'archées [pathogènes](#) ou [parasites](#), mais il existe des espèces [mutualistes](#) ou [commensales](#). Par exemple, les archées [méthanogènes](#) du tractus intestinal de l'homme et des [ruminants](#) participent à la [digestion](#) des aliments. Les archées ont également une importance en technologie, avec par exemple l'utilisation des méthanogènes pour produire des [biogaz](#) ou leur participation au [traitement des eaux usées](#). Par ailleurs, les [enzymes](#) des archées extrémophiles, résistantes aux températures élevées et aux solvants organiques, sont exploitées en [biotechnologie](#).

Classification

Nouveau domaine

Au début du [XX^e siècle](#), les procaryotes étaient considérés comme un seul groupe d'organismes et classés en fonction de leur [biochimie](#), de leur morphologie et du [métabolisme](#). Par exemple, les microbiologistes essayaient de classer les micro-organismes sur la base des structures de leurs [parois cellulaires](#), leurs formes, et les substances qu'ils consomment. Cependant, une nouvelle approche a été proposée en 1965 qui permet d'étudier les liens de parentés entre les procaryotes en utilisant les séquences des gènes de ces organismes. Cette approche, connue sous le nom de la [phylogénétique](#), est la principale méthode utilisée aujourd'hui.

 A consulter à la source

Les *Archaea* ont d'abord été découvertes dans les environnements extrêmes, comme les [sources chaudes](#) volcaniques.

Les archaea ont d'abord été classées comme un groupe distinct des procaryotes en 1977 par [Carl Woese](#) (professeur à l'université de l'Illinois à [Urbana](#) aux États-Unis) et George E. Fox dans les arbres phylogénétiques basées sur les séquences de l'[ARN ribosomique 16S \(ARNr\)](#) des gènes². Ces deux groupes ont été initialement nommés les eubactéries et archaeobactéries et traités comme sous-règne ou [règne](#). Woese fait valoir que ce groupe de procaryotes est fondamentalement différent des bactéries. Pour souligner cette différence, et pour insister sur le fait qu'ils composent, avec les eucaryotes, [trois domaines](#) bien distincts du vivant, ces deux domaines ont plus tard été renommés archaea et bacteria³. Le mot archées vient du [grec ancien](#) ἀρχαῖα, qui signifie « choses anciennes ».

Dans un premier temps, seuls les méthanogènes ont été placés dans ce nouveau domaine et les archées ont été considérées comme des extrémophiles qui n'existent que dans les habitats tels que les [sources chaudes](#) et les [lacs salés](#). À la fin du [XX^e siècle](#), les microbiologistes se sont rendu compte que les archées sont en fait un grand groupe diversifié d'organismes qui sont très répandus dans la nature et qui sont communs dans une diversité d'habitats, tels que les sols et les océans⁴. Cette nouvelle appréciation de l'importance et de l'ubiquité des archées a été rendu possible grâce à la [réaction en chaîne par polymérase](#) pour détecter les procaryotes dans des échantillons d'eau ou de sol à partir de leurs acides nucléiques. Cela permet la détection et l'identification d'organismes qui ne peuvent pas être cultivés en laboratoire, ou dont la culture est difficile^{5,6}.

Classification actuelle

Ces organismes ont longtemps été regroupés sous le terme générique de *procaryotes* avec les [bactéries](#). Pour les différencier, les [microbiologistes](#) avaient élaboré un système de comparaison et de classification fondé sur de petites différences visibles au microscope, ainsi que sur des différences physiologiques (capacité à se développer sur un certain milieu par exemple).

Dès qu'il a été question d'élucider les relations généalogiques entre les différents procaryotes, les biologistes ont dû se rendre à l'évidence : les différences nutritionnelles et [phénotypiques](#) ne permettraient pas de classer correctement les différents organismes. Au cours des années 1970, les biologistes ont pris conscience de l'existence irremplaçable d'information, au cœur même des cellules des êtres vivants, permettant de déterminer la [phylogénie](#), l'[ADN](#). Le [gène](#) identifié dans une cellule est le variant d'un gène qui a existé il y a de très nombreuses années. La comparaison gène à gène entre deux organismes permet donc de mesurer le temps écoulé depuis la divergence à partir de l'ancêtre commun.

[Carl Woese](#) a réalisé que l'[ARN ribosomique](#) (ou ARNr, une des molécules contenues dans la cellule) des organismes qu'il étudiait permettait de mettre en évidence l'existence de deux groupes clairement séparés : les bactéries et les archéobactéries. En réalité, Woese s'est également rendu compte que les ARNr des archées étaient en fait aussi différents des ARNr des bactéries que de celui des eucaryotes. Il en a conclu qu'il ne fallait plus uniquement séparer en deux grands groupes le monde du vivant, en fonction de la présence ou de l'absence d'un noyau, mais plutôt en trois domaines primitifs : les bactéries, les archées et les eucaryotes.

Aujourd'hui, de nombreuses études ont confirmé le caractère [monophylétique](#) de ce groupe. Ces microorganismes ressemblent par leur forme aux bactéries, mais d'un point de vue moléculaire, si certains de leurs traits les rapprochent des bactéries, d'autres les rapprochent plutôt des eucaryotes. Il n'est donc pas possible de voir les archées comme étant des ancêtres des bactéries.

Le classement des archées, et des procaryotes en général, est à la fois en évolution rapide et un domaine litigieux. Sur la base de critères uniquement métaboliques, les archées ont été divisées en quatre grands groupes : les [archéobactéries méthanogènes](#), les [archéobactéries halophiles](#), les [archéobactéries thermophiles](#), les archéobactéries sulfo-dépendantes.

Les systèmes de classifications actuelles visent à organiser les archées en groupes d'organismes qui partagent des caractéristiques structurelles et des ancêtres communs⁷. Ces classifications s'appuient fortement sur l'usage de la séquence des gènes de l'ARN ribosomique pour révéler les relations entre les organismes (phylogénétique moléculaire)⁸. La plupart des archées cultivables sont membres de deux principaux [embranchements](#) : [euryarchaeota](#) et [crenarchaeota](#). D'autres groupes ont été provisoirement créés. Par exemple, les espèces propres [nanoarchaeum equitans](#), qui ont été découvertes en 2003, ont été classées dans un nouveau phylum : [nanoarchaeota](#)⁹. Un nouveau phylum [korarchaeota](#) a également été proposé ; il contient un petit groupe d'espèces thermophiles inhabituelles qui partagent les caractéristiques des deux principaux embranchements, mais qui sont plus étroitement liées aux crenarchaeota^{10,11}. Récemment mises en évidence, d'autres espèces d'archées, tels que les *Archaeal Richmond Mine Acidophilic Nanoorganisms* (ARMAN), qui ont été découvertes en 2006, sont liées seulement de loin aux autres groupes antérieurement connus¹².

Origine et évolution

🔗 A consulter à la source

[Arbre phylogénétique](#) montrant la relation entre les archées et les autres formes de vie. Les eucaryotes sont de couleur rouge, les archées de couleur verte et les bactéries en bleu. Adapté de Ciccarelli *et al.*¹³.

Bien que les [fossiles](#) connus de cellules procaryotes aient été datés de près de 3,5 milliards d'années, la plupart des procaryotes n'ont pas de morphologies distinctives et les formes des fossiles ne peuvent pas être utilisées pour les identifier comme étant des archaea¹⁴. Par contre, les fossiles chimiques, sous la forme des [lipides](#) caractéristiques des archées, donnent plus d'informations, car ces composés n'existent pas dans d'autres groupes d'organismes¹⁵. Certaines publications ont suggéré que des lipides fossiles provenant de procaryotes ou d'eucaryotes étaient présents dans les [schistes](#) datant de 2,7 milliards d'années¹⁶. Depuis, ces données ont toutefois été sujettes à question¹⁷. Ces lipides ont également été détectés dans des roches datant du [précambrien](#). Les plus anciennes traces connues de ces lipides [isopréniques](#) proviennent des roches de la formation d'Isua à l'ouest du [Groenland](#), qui comprennent des sédiments formés il y a 3,8 milliards d'années et qui sont les plus anciens sur Terre¹⁸.

🔗 A consulter à la source

Arbre phylogénétique basé sur l'analyse comparative des gènes [ARNr](#) montrant la séparation des bactéries, des archaea, et des eucaryotes.

Woese propose que les bactéries, les archées et les eucaryotes représentent chacune une lignée séparée qui aurait divergé à partir d'une colonie d'organismes ancestrale^{19,20}. D'autres biologistes, cependant, ont fait valoir que les archées et les eucaryotes proviennent d'un groupe de bactéries²¹. Il est possible que le dernier ancêtre commun des bactéries et des archées soit un organisme thermophile, ce qui soulève la possibilité que la vie soit apparue dans des conditions de températures élevées²². Cette hypothèse n'est toutefois pas approuvée par l'ensemble de la communauté scientifique^{23,24}. Par ailleurs, étant donné que les archées et les bactéries ne sont pas plus liées entre elles qu'elles ne le sont aux cellules eucaryotes, cela conduit à l'argument selon lequel le

terme procaryote n'a pas de véritable signification évolutive et devrait être entièrement rejeté²⁵.

La relation entre les archées et les eucaryotes reste un problème important. En plus des similitudes dans la structure cellulaire et les mécanismes biochimiques qui sont discutées ci-après, de nombreux arbres phylogénétiques regroupent les archées et les eucaryotes ensemble. Certaines des premières analyses ont même suggéré que la relation entre les eucaryotes et les archées de l'embranchement Euryarchaeota est plus proche que la relation entre les embranchements [euryarchaeota](#) et [crenarchaeota](#)²⁶. Toutefois, il est maintenant considéré comme plus probable que l'ancêtre des eucaryotes a divergé tôt à partir de l'ancêtre commun avec les archaea^{27,28}. La découverte de gènes provenant d'archées dans le génome de certaines bactéries, telles que [thermotoga maritima](#), rend les relations entre organismes encore plus difficiles à déterminer, étant donné que le [transfert horizontal de gènes](#) a eu lieu²⁹. Les gènes archéens dans les génomes eucaryotes pourraient également provenir de transfert horizontal. Certains auteurs suggèrent que les eucaryotes se sont développés à partir d'une fusion entre des bactéries et des archées (théorie endosymbiotique)³⁰.

Génome et génétique

Les archaea ont généralement un seul [chromosome](#) circulaire. Le plus grand [génome](#) archéen séquencé à ce jour est celui de *methanosarcina acetivorans*³¹ avec 5 751 492 [paires de bases](#) alors que le génome de *nanoarchaeum equitans*, le plus petit séquencé à ce jour fait un dixième de cette taille avec seulement 490 885 paires de base. Il est estimé que le génome de *nanoarchaeum equitans* comporte 537 gènes codant des [protéines](#)³². Les éléments extrachromosomiques, appelés [plasmides](#) sont également présents chez les archées. Ces plasmides peuvent être transférés entre les cellules par contact physique, dans un processus qui pourrait être similaire à la [conjugaison bactérienne](#)^{33,34}.

Reproduction

La reproduction des archaea a lieu de manière asexuée par division binaire, par fission multiple ou par fragmentation. La [méiose](#) ne se produit pas, tous les descendants ont le même matériel génétique. Après la réplication de l'[ADN](#) les [chromosomes](#) sont séparés et la cellule se divise³⁵. Les détails du [cycle cellulaire](#) des archées ont fait l'objet de quelques études dans le genre *Sulfolobus*. Ce cycle a des caractères qui sont similaires à la fois des systèmes eucaryotes et bactériens. Selon les espèces d'archées, les chromosomes sont répliqués à partir de un ou plusieurs points de départ ([origines de réplication](#)) à l'aide d'[ADN polymérase](#)s qui ressemblent aux [enzymes](#) équivalentes des eucaryotes³⁶. Toutefois, les protéines de la division cellulaire, tels que la protéine [FtsZ](#), qui forme un anneau contractant autour de la cellule, et les composants de la cloison naissante dans le cœur de la cellule, sont similaires à leurs équivalents bactériens³⁵.

S'il existe des [spores](#) chez les bactéries et les eucaryotes, elles n'ont jamais été mises en évidence dans toutes les archées connues. Certaines espèces de Haloarchaea peuvent subir des modifications phénotypiques et croître avec différents types de cellules, incluant des parois épaisses. Ces structures qui sont résistantes aux [chocs osmotiques](#) permettent aux archées de survivre dans l'eau à de faibles concentrations en sel, mais ce

ne sont pas des structures de reproduction et elle ne peuvent aider à la dispersion dans de nouveaux habitats³⁷


Article complet sur <http://fr.wikipedia.org/wiki/Archaea>

Biologie synthétique - Extrait d'un article Wikipédia

La **biologie synthétique** est un domaine scientifique combinant [biologie](#) et principes d'[ingénierie](#) dans le but de concevoir et construire (« synthétiser ») de nouveaux systèmes et fonctions biologiques.

Sommaire

- [1 Objectifs](#)
- [2 Concepts](#)
- [3 Histoire](#)
 - o [3.1 Première génération : les années 1900](#)
 - o [3.2 Naissance du génie génétique : les années 1970-1980](#)
 - o [3.3 Renaissance : les années 2000](#)
 - o [3.4 Le premier organisme utilisant un génome synthétique](#)
 - o [3.5 En France](#)
- [4 Méthodes](#)
- [5 Applications](#)
 - o [5.1 Mieux comprendre la biologie](#)
 - o [5.2 Ingénierie du vivant](#)
 - [5.2.1 Chimie, biochimie et néocodage du vivant](#)
 - [5.2.2 Ingénierie métabolique](#)
 - [5.2.3 Réécriture](#)
 - [5.2.4 Exemples d'applications](#)
- [6 Sécurité](#)
- [7 Technologies clés](#)
 - o [7.1 Séquençage](#)
 - o [7.2 Fabrication](#)
 - o [7.3 Modélisation](#)
 - o [7.4 Caractérisation](#)
- [8 Questions sociales et éthiques](#)
- [9 Notes et références](#)
- [10 Voir aussi](#)
 - o [10.1 Articles connexes](#)
 - o [10.2 Bibliographie](#)
 - o [10.3 Liens externes](#)

 Photo à consulter à la source

Un [biofilm](#) bactérien programmable par la lumière construit par les équipes [iGEM](#) de l'UT Austin / UCSF durant la compétition de biologie synthétique Igem 2004 [\[2\]](#)

Objectifs

Les objectifs de la biologie synthétique sont de deux types :

1. Tester et améliorer notre compréhension des principes gouvernant la biologie (apprendre en construisant).
2. Construire de façon fiable des organismes accomplissant des fonctions biologiques complexes répondant à diverses applications (énergie, santé par exemple).

Concepts

Dans sa phase actuelle, les efforts en biologie synthétique visent à rendre le génie biologique plus simple, plus rapide, plus accessible et moins onéreux en faisant un usage extensif de principes d'ingénierie ([standardisation](#), automation, [conception assistée par ordinateur](#)...) ayant fait leurs preuves dans d'autres domaines plus matures tels le génie civil ou l'électronique. La biologie synthétique doit cependant affronter des défis d'ingénierie uniques au substrat biologique, tels la compréhension incomplète des principes de fonctionnement des systèmes biologiques ou l'[évolution](#).

Modifier le vivant pose aussi des questions philosophiques et éthiques nouvelles et complexes, en relançant la question de la [brevetabilité du vivant](#) ou de ses produits et plus généralement de la [propriété intellectuelle](#).

Histoire

Première génération : les années 1900

- Au début du XX^e siècle, les travaux de [Charles Darwin](#) sur l'évolution sont complétés par la re-découverte des lois de l'[hérédité](#) de [Mendel](#). Certains biologistes, tels [Hugo de Vries](#), suggèrent de contrôler et de diriger les mécanismes de l'évolution en laboratoire pour créer de nouvelles formes de vie présentant des propriétés nouvelles.
- On peut retracer l'apparition du terme lui-même à 1910 et 1912, quand [Stéphane Leduc](#) (1853-1939), un biologiste français, publia son ouvrage intitulé *Théorie physico-chimique de la vie et générations spontanées* (1910) ¹ et « *La biologie synthétique* » (1912), dans lequel il affirme que pour tester la validité de nos connaissances en biologie, la fabrication, ou « synthèse », doit succéder à l'analyse² : « Quand on est arrivé à connaître le mécanisme physique de la production d'un objet ou d'un phénomène, (...) il devient possible (...) de reproduire l'objet ou le phénomène, la science est devenue synthétique. La biologie est une science comme les autres, (...) elle doit être successivement descriptive, analytique et synthétique. »

- À la même époque, [Jacques Loeb](#), un physiologiste allemand installé aux [États-Unis](#), est sans doute le plus grand promoteur de l'émergence d'une technologie basée sur la biologie.

Naissance du génie génétique : les années 1970-1980

- La naissance de la biotechnologie « moderne » est généralement datée en 1973 par l'invention des techniques d'ADN recombinant par [Stanley Cohen](#) et [Herbert Boyer](#).
- La première synthèse de gène en 1977 a lieu dans le laboratoire de Boyer. Ce travail donne lieu à l'insuline et à la somatostatine recombinantes.
- En 1978, le [prix Nobel de médecine](#) est décerné à [Werner Arber](#), [Daniel Nathans](#) et [Hamilton O. Smith](#) pour la découverte des [enzymes de restriction](#) et leur application aux problèmes de [génétique moléculaire \(en\)](#). Dans un éditorial du journal *Gene*, [Wacław Szybalski](#) écrivait : « Le travail sur les [nucléases](#) de synthèse nous permet non seulement de construire aisément les molécules d'[ADN recombinant](#) et d'analyser les [gènes](#) individuels, mais nous a aussi mené à *une nouvelle ère de la biologie de synthèse* où non seulement les gènes existants sont décrits et analysés, mais où aussi de nouvelles configurations génétiques peuvent être construites et évaluées. »³.
- L'invention de la [réaction en chaîne par polymérase PCR](#) en 1984 par [Kary Mullis](#) révolutionne la biologie moléculaire et le génie génétique.

Renaissance : les années 2000

À la fin des années 90, certains informaticiens se tournant vers la biologie comme [Tom Knight \(en\)](#) au [MIT](#), sont frustrés du manque d'organisation et de méthode du domaine. S'inspirant d'autres sciences de l'ingénieur, Knight introduit le concept standard biologique en créant des "BioBricks"⁴, des composants biologiques aux diverses fonctions pouvant être assemblés par un protocole standardisé. Durant la même période, à l'université de Berkeley, Roger Brent, Robert Carlson, Drew Endy et Adam Arkin parmi d'autres, posent les bases de ce qu'ils appellent alors biologie « intentionnelle » ou « constructive », qui deviendra biologie synthétique par la suite. Par opposition au génie génétique contemporain qu'ils considèrent comme majoritairement aléatoire, ils prônent une approche rationnelle inspirée des méthodes de sciences de l'ingénieur plus matures pour la conception et la construction de systèmes biologiques aux fonctions prévisibles, et ce de manière robuste.

Le congrès Synthetic Biology 1.0 organisé au [MIT](#) en 2004 marquera l'acte de naissance « officiel » de la biologie synthétique contemporaine.

Le premier organisme utilisant un génome synthétique

Des généticiens ont recherché quel était le plus petit organisme connu pouvant être cultivé en souche pure dans un environnement dépourvu de stress et fournissant les nutriments nécessaires. Cela était nécessaire pour pouvoir étudier, reproduire (et éventuellement utiliser ou breveter) un génome correspondant approximativement à l'ensemble minimal de gènes indispensables à la vie et à la reproduction d'une bactérie ⁵.

La bactérie correspondant le mieux à ces critères était à l'époque *Mycoplasma genitalium* dont le génome (482 gènes codant pour des protéines, avec 580 kb ⁶) était aussi le plus petit connu parmi toutes les espèces connues et pouvant être cultivées ⁵.

Son génome présente en outre peu de redondance génomique et cette bactérie (parasite obligatoire à [niche écologique](#) restreinte) possède un métabolisme minimal ⁵, et elle commençait à être assez bien connue.

Les gènes essentiels du génome de cette bactéries ont été identifiés à partir de la fin des années 1990 ; 482 sur 382 gènes (soit 28 % du génome) codait pour des protéines aux fonctions vitales, le reste codant pour des fonctions inconnues, apparemment non vitales ou redondantes⁵. L'interruption de certains a accéléré la croissance de la bactérie ⁵.

- En [2007](#), c'est donc à partir de *Mycoplasma genitalium* qu'a été « fabriquée » *Mycoplasma laboratorium*, la première bactérie dite synthétique, c'est-à-dire entièrement reconstruite par génie génétique autour d'un chromosome de synthèse ([Chromosome artificiel bactérien](#)). Cette bactérie survit (à priori peut-être éternellement si élevée dans un environnement dépourvu de stress) avec un nombre de gènes inférieur à ce qu'on pensait antérieurement nécessaire. Mushegian and Koonin en comparant les génomes de 2 bactéries aux petits génomes - *Haemophilus influenzae* (Gram-negative) et *Mycoplasma genitalium* (gram-positive) - avaient supposé que les 256 gènes [orthologues](#) (communs à ces 2 bactéries) étaient un nombre proche du nombre minimal de gènes nécessaire à la vie bactérienne⁷. Gil et son équipe (3) avaient ensuite proposé le chiffre de 206 gènes codant pour des protéines, sur la base de l'analyse de plusieurs bactéries [endosymbiotes](#). Le caractère artificiel de cette bactérie pose de nouvelles questions de [bioéthique](#), d'autant que cette bactérie est un [parasite](#) (urogénital) obligatoire et un [pathogène](#) pour l'homme ([maladie sexuellement transmissible](#)).
- En [2010](#), le premier organisme contenant un génome intégralement fabriqué par l'homme est décrit dans la *Revue Science*. Il s'agit d'une souche de *Mycoplasma capricolum* dont le génome a été retiré et est remplacé par le génome « JCVI-syn1.0 » conçu par l'équipe de [Craig Venter](#), donnant naissance à une souche de *Mycoplasma laboratorium* de type *Mycoplasma mycoides* pour laquelle Craig Venter a fait une [demande de brevet](#). Ce génome a été créé par la synthèse de 1 078 [oligonucléotides](#) de 1 080 paires de bases, ces 1 078 fragments ont été assemblés en 109 fragments de 10 080 paires de bases, eux mêmes assemblés en 11 fragments de 100 000 paires de bases finalement réunis au sein du génome circulaire de 1 077 947 paires de bases^{8,9}.

Lire la suite sur http://fr.wikipedia.org/wiki/Biologie_synth%C3%A9tique

Bioremédiation - Article Wikipédia



Cet article est une **ébauche** concernant les **techniques**, les **sciences appliquées** ou la **technologie**. Vous pouvez partager vos connaissances en l'améliorant ([comment ?](#)) selon les recommandations des [projets correspondants](#).

La **bioremédiation** consiste en la [décontamination](#) de milieux pollués au moyen de techniques issues de la dégradation chimique ou d'autres activités d'organismes vivants.

Sommaire

- [1 Introduction](#)
- [2 Les techniques de Bioremédiation](#)
 - o [2.1 Atténuation naturelle contrôlée](#)
 - [2.1.1 Principe](#)
 - [2.1.2 Méthode](#)
 - o [2.2 Bioaugmentation](#)
 - [2.2.1 Principe](#)
 - [2.2.2 Méthode](#)
 - o [2.3 Biosparging et Bioventing](#)
 - o [2.4 Utilisation des bactéries et des micro-organismes](#)
 - [2.4.1 La bactérie qui dégrade les nitrates](#)
 - [2.4.2 Des micro-organismes contre les mauvaises odeurs](#)
 - [2.4.3 Quelques exemples](#)
 - o [2.5 Phytoremédiation](#)
 - [2.5.1 Principe](#)
 - [2.5.1.1 Phytostabilisation](#)
 - [2.5.1.2 Phytoextraction](#)
 - [2.5.1.3 Phytodégradation](#)
 - [2.5.1.4 Phytovolatilisation](#)
 - [2.5.2 Conclusion](#)
- [3 Avantages et Inconvénients](#)
- [4 Références](#)
 - o [4.1 Bibliographie phytoremédiation](#)
 - o [4.2 Voir aussi](#)

Introduction

Dans le passé, des résidus organiques ont été empilés, humidifiés ce qui a permis de subir la décomposition biologique : un processus connu comme le compostage de déchets organiques. La technologie a été étendue pour inclure le traitement de déchets

alimentaires, des déchets agricoles et des eaux usées. Plus récemment, la bioremédiation a été appliquée au traitement des déchets dangereux. C'est-à-dire permettant la remédiation des sols pollués et des eaux usés.

Les techniques de Bioremédiation

Atténuation naturelle contrôlée

Principe

Suivi passif de la diminution des teneurs en polluants par le biais des processus naturels :

- Dégradation par la microfaune
- Dilution
- Absorption
- Évaporation

Méthode

Laisser la nature se débrouiller ! Le contrôle et la vérification des conditions de l'évolution se fait grâce à des puits d'observation.

Bioaugmentation

Principe

La [bioaugmentation](#) est une technique mettant en œuvre des [micro-organismes](#) (généralement des bactéries, nématodes, protozoaires, champignons) afin de traiter des zones touchées (sol et eau) par divers polluants carbonés, azotés ou phosphorés. Les micro-organismes déjà présents dans les sols ou l'eau, ne sont pas capables de dépolluer, c'est pourquoi l'utilisation de microorganismes extérieurs est nécessaire. Il est possible que des [modifications génétiques](#) soient apportés aux souches inoculées, afin d'améliorer ou de permettre la dépollution. L'utilisation de la bioaugmentation a pour exemple principal le traitement des eaux des villes par des [boues actives](#) (stations d'épuration). Les micro-organismes présents dans ces boues, vont utiliser les polluants comme source d'énergie ainsi que de l'oxygène, c'est pourquoi il est nécessaire d'aérer les boues activées afin de permettre la survie et la croissance des micro-organismes.

Méthode

Ajout direct de microorganismes pouvant décomposer les contaminants et en accélérer la destruction.

Biosparging et Bioventing

Le [venting](#) est un procédé adapté au sol perméable (sableux) et principalement pour la dépollution des composés volatils. Le sol est mis en dépression par aspiration, l'air humide provenant du sol est alors aspiré, passé par une chambre de condensation et

ensuite passé par un biofiltre (support bactérien) ou sur charbon actif où les polluants seront alors dégradés. L'air est ensuite contrôlé et rejeté à l'extérieur.

Le [bioventing](#) est une variante du venting. Dans ce procédé, en plus de la [ventilation](#) classique on réalise une [aération](#) forcée du sol non saturé, cette circulation d'air amène un apport d'oxygène ce qui favorise le développement des micro-organismes présent dans la terre et donc la dégradation des polluants. Ce procédé est utilisé la plupart du temps pour des composés volatils tels que les hydrocarbures, les micro-organismes vont alors se développer en utilisant le carbone de ces polluants. Ce traitement est généralement couplé à un amendement du sol afin de rééquilibrer le rapport carbone-azote-phosphore.

De plus, ce courant d'air met en mouvement les composés volatils et favorise la volatilisation de la phase liquide. Le flux d'air injecté va être récupéré par aspiration sur le modèle du venting. Néanmoins le débit d'injection et d'aspiration doit être suffisamment faible pour laisser le temps aux micro-organismes de dégrader les composés volatilisés qui circulent dans le courant d'air.

De plus le coût de revient de cette technique est relativement faible et le rendement efficace.

Utilisation des bactéries et des micro-organismes

La bactérie qui dégrade les nitrates

La bactérie *Pseudomonas halodenitrificans* est capable de dégrader les [nitrates](#). Ces derniers, utilisés en agriculture sous forme d'[engrais](#), deviennent une menace pour la qualité de l'eau lorsqu'ils sont répandus dans l'environnement. La bactérie est capable pour respirer d'utiliser des nitrates qu'elle transforme par réduction en azote moléculaire, élément gazeux inerte, qui retourne dans l'atmosphère et ne présente plus de danger de pollution. Cette capacité à réduire les nitrates en azote moléculaire ([dénitrification](#)) est très répandue chez les bactéries. Elle est mise en œuvre dans les stations d'épuration pour éliminer l'azote des eaux usées après une étape de nitrification de l'azote organique et ammoniacal en nitrate.

Des micro-organismes contre les mauvaises odeurs

Ils sont capables d'éliminer les effluents gazeux simples ou composés organiques volatils ([COV](#)) : solvants, composés soufrés et azotés, aldéhydes, cétones, etc dont le principal inconvénient est leur odeur désagréable.

Pour être purifié, l'air pollué traverse un filtre à ruissellement alimenté en continu par un [bioréacteur](#) qui contient des micro-organismes spécialisés dans la dégradation de ces polluants. Le rendement est supérieur à 99 % pour les dérivés soufrés. Pour les dérivés azotés, les acides organiques, les aldéhydes / cétones et les autres COV, l'efficacité est supérieure à 80 %. Autre avantage : entièrement biologique, cette technique produit très peu de résidus.

Cette technique s'adresse principalement aux industries agro-alimentaires, aux stations d'épuration et aux centres de traitement des déchets solides.

Quelques exemples

Quelques micro-organismes capable de dépolluer:

- [Nitrates](#) : *Comamonas*, *Hyphomicrobium*
- [Phosphates](#) : *Acinetobacter*, *Moraxella*
- [Pesticides](#) : *Enterobacter*
- [Dioxines](#) : *Brevibacterium*
- [Cyanides](#) : *Thiobacillus*, *Rhizoctonia*
- Composés soufrés : *Thiobacillus*
- [Caoutchouc](#) : *Sulfolobus*, *Rhodococcus*, *Thiobacillus*
- [Huiles, graisses](#) : *Pseudomonas*, *Xanthomonas*, *Bacillus*
- [Hydrocarbures](#) : *Acinetobacter*, *Flavobacterium*, *Bacillus*, *Pseudomonas*, *Achromobacter*, *Arthrobacter*
- [Métaux lourds](#) : *Saccharomyces*, *Rhizopus*, *Chlorella*, *Thiobacillus*, *Zoogloea*¹

Phytoremédiation -

 Illustration à consulter à la source

Grands principes de la phytoremédiation

La [phytoremédiation](#) est un procédé basé sur l'utilisation des plantes pour dépolluer un sol. En effet, certaines plantes sont capables de fixer dans leurs cellules des polluants présents dans les sols contaminés. Elles ont la propriété d'accumuler et de tolérer des niveaux extrêmement élevés de métaux, par exemple, dans leurs tissus et dans leurs parties aériennes.

Principe

On distingue plusieurs stratégies dans la phytoremédiation :

Phytostabilisation

La [phytostabilisation](#) consiste à immobiliser la pollution, c'est donc une méthode qui permet de limiter les polluants. Il s'agit d'installer un couvert végétal avec des espèces tolérant les polluants. Les racines de la plante combinées à des additifs capables d'immobiliser les métaux vont précipiter, absorber ou piéger les polluants contenus dans le sol. La présence de ces plantes permet de réduire les processus d'érosion et de ruissellement de particules porteuses de polluants et les processus d'entraînement de ces polluants en profondeur. Cependant, grâce à cette technique, les métaux sont seulement piégés dans la plante donc le sol n'est au final pas réellement dépollué.

Phytoextraction

La [phytoextraction](#) : c'est ce que font les plantes hyperaccumulatrices : elles sont capables d'accumuler plus de 1 % de métaux dans leurs tissus. Il en existe environ 400 espèces. Cette technique permet l'utilisation des plantes pour traiter les sols pollués par les métaux notamment. La pollution par les métaux est une des plus difficiles à traiter car ils ne sont pas biodégradables. Les polluants sont absorbés par les racines mais sont amenés vers les parties aériennes où ils sont accumulés. Les plantes sont donc ensuite fauchées et stockées dans un endroit prévu à cet effet puis incinérées. Les cendres de ces plantes peuvent être ensuite prises en charge par la métallurgie ou elles seront recyclées. On distingue deux types de phytoextraction : la phytoextraction continue (celle qui se produit naturellement) et la phytoextraction induite (celle qui se produit en présence de chélateurs). Pour que cette technique soit efficace il faut que les plantes produisent beaucoup de biomasse.

Exemple :

- *Thlaspi caerulescens*, hyperaccumulateur de zinc préférentiellement, accumulateur de plomb et de cadmium dans le feuillage.
- *Niemeyera acuminata*, accumulatrice de nickel dans la sève (plus de 20 %).
- Pensée caliminaire (*Viola calaminaria*), plante croissant sur des terrains riches en plomb et en zinc et qui emmagasine donc ces métaux).

Phytodégradation

La [phytodégradation](#) consiste à accélérer la dégradation des composés organiques polluants grâce aux plantes. Elle concerne donc les composés organiques et les hydrocarbures. Les polluants sont transformés en substances non toxiques par des réactions enzymatiques dans le sol ou dans la plante.

Exemple : Stimulation des micro-organismes du sol par l'action conjointe des hydrocarbures et des exudats de rhizosphère du maïs.

Phytovolatilisation

La [phytovolatilisation](#) consiste en une dépollution des métaux. À la différence de la phytoextraction, elle regroupe seulement la dépollution de quelques métaux comme le mercure, le sélénium et hypothétiquement l'arsenic. Les métaux sont absorbés par les racines puis transférés dans les parties aériennes où ils seront stockés en attente d'être transformés en composés volatils pour être évapotranspirés par la plante sous forme méthylée dans l'atmosphère. Ces composés relargués sont en général moins toxiques que les composés du sol absorbés par les racines de la plante. La décontamination se fait en continue tout au long de la vie de la plante. La pollution du sol devient une pollution de l'air car on ne fait qu'évaporer les polluants.

Conclusion

La phytoremédiation peut être vue, comme une méthode de traitement des sols pollués, peu onéreuse et beaucoup plus respectueuse de l'équilibre naturel d'un biotope. Il est

possible de l'utiliser en remplacement des techniques physico-chimiques ou bien en complément sur des sites de pollution aigües. Cette utilisation des plantes révèle de nombreuses actions bénéfiques comme la prévention de l'érosion grâce au réseau racinaire, la décomposition des matières organiques par les micro-organismes associés, le cycle biogéochimique des éléments, restauration du cycle de l'eau mais avant tout la concentration/dégradation des polluants. La phytoremédiation ouvre la voie à une colonisation végétale des espaces urbains pollués rendant le paysage plus esthétique et agréable à vivre.

Avantages et Inconvénients

Techniques	Avantages	Inconvénients
Atténuation naturelle contrôlée	<ul style="list-style-type: none"> • Aucune perturbation du site • Peu coûteux 	<ul style="list-style-type: none"> • Pas une technique d'assainissement en soi • Souvent trop lent pour être acceptable par l'administration • Monitoring régulier et prolongé
Bioaugmentation	<ul style="list-style-type: none"> • l'assainissement des contaminants in situ • minimum d'impact sur l'écosystème en surface • minimum de production de déchets après traitement • peu coûteux comparé aux techniques ex- situ 	<ul style="list-style-type: none"> • Processus assez lent • Pas applicable aux fortes concentrations en contaminants
Biosparging et Bioventing	<ul style="list-style-type: none"> • Contaminants organiques • Coûts limités • efficacité sur les polluants volatils résiduels et les huiles et lubrifiants du gazole 	<ul style="list-style-type: none"> • Lithologie homogène et perméable nécessaire • Assez lent • Moins efficace en cas de baisse de T°
Utilisation des bactéries et des micro-organismes	<ul style="list-style-type: none"> • nécessite ni excavation des sols, ni transport • peu coûteux, 	<ul style="list-style-type: none"> • Durée du traitement

Phytorémédiation	<ul style="list-style-type: none"> • processus naturel. • 100 à 10 000 fois moins chère que les traitements traditionnels • les plantes peuvent être facilement surveillées • Méthode la moins destructrice • récupération et réutilisation de métaux de valeur (des entreprises se spécialisent dans le « phytominage ») 	<ul style="list-style-type: none"> • lenteur de cette méthode • surcoût dû au stockage de la biomasse contenant les produits dangereux. • Installation assez lourde
------------------	--	--

Références

1. ↑ [La dépollution des sols par les bactéries \[archive\]](#), tiré de Biodépol.

Bibliographie phytorémédiation


- CLESQUEL, Emmanuelle. Sols pollués – La phytorémédiation, un procédé prometteur. Disponible sur : <http://becque.blogspot.com/2009/12/sols-pollues-la-phytoremediation-un.html> (01.03.2010)
- INRA. Des plantes pour dépolluer les sols : la phytorémédiation. Disponible sur : www.nancy.inra.fr/.../1/.../presse-info_juin-juillet2000.pdf (28.02.2010)
- M.C. GIRARD, C. WALTER, J.C. REMY, J. BERTHELIN, J.L. MOREL. Sols et environnement. DUNOD, 2005. Chapitre 3.4, les sols en milieu urbain – traitement des sols urbains pollués. Chapitre 19.4, pollution organiques agricoles, urbaine ou industrielle : cas des hydrocarbures aromatiques polycycliques – traitement des sites contaminés. 75, 436.

Voir aussi

- [Bioremédiation des hydrocarbures aromatiques polycycliques](#)

Source <http://fr.wikipedia.org/wiki/Bioem%C3%A9diation>

Conception assistée par ordinateur - Introduction d'un article Wikipédia

 Pour les articles homonymes, voir [CAO](#).

La **conception assistée par ordinateur** (CAO) comprend l'ensemble des [logiciels](#) et des [techniques](#) de [modélisation géométrique](#) permettant de concevoir, de tester virtuellement - à l'aide d'un [ordinateur](#) et des techniques de [simulation numérique](#) - et de réaliser des produits manufacturés et les [outils](#) pour les fabriquer.

Sommaire

- [1 L'informatique et l'aide à la conception](#)
 - o [1.1 Historique](#)
 - o [1.2 Domaines connexes](#)
- [2 Le matériel](#)
- [3 Domaine d'utilisation](#)
 - o [3.1 Mécanique](#)
 - o [3.2 Électronique](#)
 - o [3.3 Électrotechnique](#)
 - o [3.4 Électromagnétisme](#)
 - o [3.5 Architecture, ingénierie et la construction \(AEC\)](#)
 - o [3.6 Moléculaire](#)
 - o [3.7 Ameublement](#)
 - o [3.8 Confection](#)
 - o [3.9 Orthopédie](#)
 - o [3.10 Les autres corps de métiers](#)
- [4 Formats d'échange standards](#)
 - o [4.1 CAO mécanique](#)
 - o [4.2 CAO électronique](#)
 - o [4.3 CAO orthopédique](#)
- [5 Annexes](#)
 - o [5.1 Articles connexes](#)
 - o [5.2 Liens externes](#)
 - o [5.3 Références CAO/CFAO](#)
- [6 Notes et références](#)

Article complet sur http://fr.wikipedia.org/wiki/Conception_assist%C3%A9e_par_ordinateur

Électroporation – Note de Wikipédia




Cet article est une **ébauche** concernant la **biologie cellulaire et moléculaire**. Vous pouvez partager vos connaissances en l’améliorant (**comment ?**) selon les recommandations des [projets correspondants](#).

L'**électroporation** est une méthode d'introduction d'[ADN](#) dans des [cellules](#). Techniquement, on applique un champ électrique sur les [membranes](#) qui sont ainsi déstabilisées, et l'ADN présent dans l'espace extracellulaire peut rentrer dans les cellules en migrant vers le pôle positif de la charge, étant lui-même chargé négativement.

Voir aussi

- [Impulsion magnétique ultra-courte](#)

	<u>Génie génétique</u>	
Organismes génétiquement modifiés	<u>Animaux</u>	Souris knock-out · Poisson (Glofish) · Insecte Flavr Savr · Maïs (Maïs Bt MON 863) · Pomme de terre (Amflora Fortuna) · NewLeaf · Riz doré · Rose bleue
	<u>Plantes</u>	
Méthodes	<u>Transfert d'ADN</u>	Agrobacterium tumefaciens (Plasmide Ti ADN-T) · Biolistique · Électroporation · Micro-injection · Transduction · Transfection
	<u>Types</u>	ADN recombinant · Transgénèse (Transgène · Événement de transformation) ·

	Cisgénèse
Applications	<p>Aliment génétiquement modifié · Pharming (Molecular farming) · Monsanto · Surfaces cultivées en OGM · Mouvement anti-OGM (Faucheurs volontaires) · Affaire Puztai</p> <p>Thérapie génique · Amélioration génétique · Transhumanisme</p> <p>Gène knock-out · Knock-in · Gene knockdown · Gene targeting</p>
Réglementation des OGM	Dans l'Union européenne · En France · En Suisse · Protocole de Carthagène
Articles connexes	Pollution génétique · Dissémination volontaire d'OGM · Mise sur le marché d'un OGM · Controverse sur les OGM · Guerre commerciale au sujet des OGM · CRIIGEN
Rubriques voisines	Brevetabilité du vivant · Biologie synthétique · Clonage · Cellule souche
	Biologie · Génétique · Biotechnologie · Bioéthique
	<ul style="list-style-type: none">  Portail de la biologie cellulaire et moléculaire

Boîte à outils

- Dernière modification de cette page le 4 mars 2012 à 14:10.
- [Droit d'auteur](#) : les textes sont disponibles sous [licence Creative Commons paternité partage à l'identique](#) ; d'autres conditions peuvent s'appliquer. Voyez les [conditions d'utilisation](#) pour plus de détails, ainsi que les [crédits graphiques](#). En cas de réutilisation des textes de cette page, voyez [comment citer les auteurs et mentionner la licence](#).

Wikipedia® est une marque déposée de la [Wikimedia Foundation, Inc.](#), organisation de bienfaisance régie par le paragraphe [501\(c\)\(3\)](#) du code fiscal des États-Unis.

Source <http://fr.wikipedia.org/wiki/%C3%89lectroporation>

Eubactéries - Article Wikipédia

Les **eubactéries** (*Eubacteria*), ou « **vraies bactéries** », sont une subdivision majeure des [procaryotes](#), comprenant toutes les [bactéries](#). On peut citer par exemple les [Chlorobactéries](#) (auxquelles on peut adjoindre, selon la [théorie endosymbiotique](#), les [chloroplastes](#)), les [Protéobactéries](#) (incluant les [mitochondries](#) selon la même théorie), les [Cyanobactéries](#), les [Mycoplasmes](#) (*Mollicutes*), les [Entérobactéries](#), les [Pseudomonades](#) et la plupart des [bactéries gram-positives](#).

Sommaire

- [1 Position systématique](#)
- [2 Particularités](#)
- [3 Importance biologique](#)
- [4 Classification](#)
- [5 Les Eubactéries et l'Homme](#)
- [6 Habitat et métabolisme](#)
- [7 Notes et références](#)
- [8 Liens externes](#)
- [9 Voir aussi](#)

Position systématique

Selon [Thomas Cavalier-Smith](#), elles forment un groupe paraphylétique (les *Neomura*, regroupant [Archées](#) et [Eucaryotes](#), s'origineraient en leur sein), alors que, classiquement depuis [Carl Woese](#), elles constituent seules l'un des trois *empires du vivant*. La classification de Woese est privilégiée par les microbiologistes sur base des analyses phylogénétiques. Lors de la découverte des Archées, leur capacité à se développer dans des environnements classiquement défavorables à la vie laissait supposer que les Archées étaient apparues avant les Bactéries, ce qui justifiait la dénomination d'Archéobactéries (vieilles bactéries). Les Bactéries avaient été alors renommées Eubactéries (vraies bactéries). Entre temps, les analyses phylogénétiques ont démontré que les Archées sont phylogénétiquement plus proches des Eucaryotes que des Bactéries et qu'elles étaient apparues après les Bactéries.

Note : Ne pas confondre avec les [Eobacteria](#), taxon paraphylétique regroupant les plus primitives des bactéries, les [Chlorobacteria](#) et [Hadobacteria](#).

Particularités

Les eubactéries se distinguent d'une part des eucaryotes par leur structure cellulaire (la structure procaryote) dont une des caractéristiques est d'être sans noyau, et d'autre part des archées par divers aspects chimiques (dont la structure de la membrane cellulaire) et génétiques.

Leur taille varie de celle d'un virus, comme certaines nanobactéries (0,05 µm) à une taille supérieure à celle de la moyenne des [Protozoaires](#) (*Epulopiscium fishelsoni* (600 µm x 80 µm) est beaucoup plus grande qu'une [Paramécie](#))¹.

Importance biologique

Si la diversité des formes est faible, les eubactéries occupent la plupart des milieux, et constituent certainement, en nombre de cellules et peut-être en masse, la plus grande partie du vivant. Elles remplissent des fonctions fondamentales dans l'écosystème terrestre, comme par exemple dans le cycle de l'azote ou du soufre.

Elles jouent aussi un rôle prépondérant dans le recyclage des déchets organiques.

Quand on considère que les mitochondries et les chloroplastes sont des eubactéries symbiotiques, cela inclut aussi la photosynthèse et le métabolisme de l'oxygène (les eubactéries sont à l'origine de tout l'oxygène de l'atmosphère), et elles sont donc la porte d'entrée de toute l'énergie qui fait fonctionner le vivant.

Les plus anciens fossiles connus, les [stromatolites](#), sont d'origine bactérienne et sont datés de 3,5 milliards d'années.

Classification

La classification traditionnelle distingue, sur la base du métabolisme, les [bactéries photosynthétiques](#) et les [bactéries chimiotrophes](#).

La [coloration de Gram](#) est un facteur déterminant dans la [taxinomie](#) (classification classique) bactérienne. Elle permet une discrimination entre eubactéries à [Gram positif](#) et à [Gram négatif](#).

La systématique moderne, basée sur les analyses génétiques, distingue de nombreux groupes. On notera, entre autres, les [cyanobactéries](#), un groupe important de bactéries photosynthétiques.

Article connexe : [Eubacteria \(classification phylogénétique\)](#).

Les Eubactéries et l'Homme

 A consulter à la source

Treponema pallidum est une eubactérie [spirochète](#) responsable de la [syphilis](#)

Historiquement, et peut-être encore dans l'esprit général, les bactéries sont associées aux maladies. En effet, de nombreux parasites sont des bactéries (l'inverse n'est pas vrai). L'étude des bactéries a longtemps été dominée par la pathologie, et, dans une moindre mesure, les applications techniques (entre autres la [fermentation](#), que ce soit pour la favoriser ou la combattre).

Habitat et métabolisme

On trouve des eubactéries dans presque tous les milieux où la vie se révèle possible. Leur répartition va de l'atmosphère aux limites inférieures des sols et des fonds océaniques en passant par tous les [écosystèmes](#).

Selon les lignées, on en trouve des [phototrophes](#) (tirant leur énergie de la lumière), [chimiotrophes](#) (trouvant leur énergie de gradients chimiques non organiques), [hétérotrophes](#) (trouvant leur énergie dans la matière organique, qu'elle soit vivante ([parasitisme](#)) ou morte ([saprophytisme](#))); on en trouve des [aérobies](#) ou des [anaérobies](#), strictes ou non.

Notes et références

- ↑ Lecointre G. Le Guyader H. *Classification phylogénétique du vivant*, Belin 2001 [ISBN 2-7011-2137-X](#)

Source <http://fr.wikipedia.org/wiki/Eubacteria>

Ingénierie des génomes -

Copie d'un document 'Collectis' [Accueil](#) > [Technologies](#) >

Le principe de **l'ingénierie des génomes** est simple : intervenir sur le patrimoine génétique d'un individu ou d'une espèce pour comprendre son fonctionnement, produire une protéine utile ou soigner une maladie. Il s'agit de l'application des recherches en génétique de la fin du 20^e siècle. La génétique a mis en évidence le lien entre les caractères physiques d'espèces et leurs gènes et a ainsi démontré l'implication de gènes donnés dans certaines maladies ou caractères. L'ingénierie des génomes permet de modifier les gènes des espèces dans le but de modifier les différents caractères, de corriger une erreur ou d'apporter un trait d'intérêt économique ou physiologique. Cette démarche n'est pas nouvelle. Le croisement de différentes plantes ou la sélection des meilleures bêtes pour la reproduction tient de ce principe : on améliore une espèce afin qu'elle ait les meilleures caractéristiques possibles comme des plantes plus tolérantes à la sécheresse ou résistantes aux maladies par exemple.

L'approche ciblée de l'ingénierie des génomes est prédictible, plus fiable et plus efficace que les techniques précédemment utilisées, et peut être appliquée à l'homme. Aujourd'hui les génomes de plus de 1 000 organismes ont été déchiffrés. Nous connaissons donc de mieux en mieux la séquence ainsi que la localisation des gènes des êtres vivants, même si leur fonctionnement recèle encore bien des mystères. Cet ensemble de connaissances permet d'agir directement sur les gènes.

Trois stratégies différentes sont possibles (voir le schéma à la source) :

L'insertion permet l'ajout dans le [Genome](#) d'un nouveau caractère, par exemple pour produire un médicament biologique ou pallier un défaut génétique comme l'hémophilie.

La correction permet de remplacer une séquence défectueuse existante (qui impacte la fonction du gène) par une séquence fonctionnelle. Par exemple pour guérir une maladie génétique grave comme la myopathie de Duchenne.

L'inactivation permet d'empêcher l'expression d'un gène. Cette approche peut être utilisée pour guérir des infections virales persistantes telles que le SIDA ou l'herpès.

Source <http://www.collectis.com/fr/technologies/ingenierie-de-genomes>

Collectis bioresearch met l'ingénierie des génomes à la portée de tous les laboratoires

Business Wire, le 28 févr. 2011 ([Recherche scientifique](#))  [Soyez le premier à réagir](#) PUB

Précurseur dans le développement de produits de recherche innovants pour la personnalisation des génomes, Collectis bioresearch propose aujourd'hui à l'ensemble de la communauté des sciences du vivant un nouvel outil permettant de modifier spécifiquement un gène dans tout type cellulaire.

Collectis bioresearch, filiale de Collectis (Paris:ALCLS) (Alternext : ALCLS) spécialisée dans la personnalisation des génomes, lance aujourd'hui TALEN Access™, la première offre de service de TALEN¹ à façon.

Précurseur dans le développement de produits de recherche innovants pour la personnalisation des génomes, Collectis bioresearch propose aujourd'hui à l'ensemble de la communauté des sciences du vivant un nouvel outil permettant de modifier spécifiquement un gène dans tout type cellulaire.

L'offre de service de base TALEN Access™ permet d'acquérir une paire de TALEN pour 5 000€/US\$, pour un produit livré en moins de 3 semaines.

« *Nous proposons ici une véritable révolution commerciale* », a déclaré Luc Selig, Directeur Ventes et Marketing de Collectis bioresearch. « *Nous tenons notre promesse de mettre la personnalisation des génomes à la portée des centaines de milliers de laboratoires de recherche académique.* »

Pour plus d'informations, consultez www.collectis-bioresearch.com/talen

A propos de Collectis bioresearch

Collectis bioresearch, filiale commerciale de Collectis (Alternext : ALCLS) créée en juin 2008, propose aux chercheurs en sciences du vivant des outils de personnalisation des génomes. Ces outils, basés sur des nucléases spécifiques de séquences, permettent l'ingénierie de cellules optimisées destinées à la découverte de médicaments, à la production de protéines et à l'étude fonctionnelle des gènes. Les produits et services de personnalisation des génomes peuvent être achetés en ligne, à l'adresse www.collectis-bioresearch.com.

A propos de Collectis

Collectis améliore la qualité de vie en mettant en œuvre son expertise de l'ingénierie des génomes au service d'une multitude de secteurs, notamment l'agriculture, la

biorecherche et la thérapeutique humaine. Collectis est cotée sur le marché Alternext de NYSE-Euronext (code : ALCLS) de Paris.

Pour plus d'informations, visitez notre site Web à l'adresse : www.collectis.com.

Note de mise en garde

Le présent communiqué et les informations qu'il contient, ne constituent ni une offre de vente ou de souscription, ni la sollicitation d'un ordre d'achat ou de souscription, des actions Collectis dans un quelconque pays. Ce communiqué de presse contient des déclarations prospectives sur les objectifs de la Société qui reposent sur les estimations et anticipations actuelles des dirigeants de la Société et sont soumises à des facteurs de risques et incertitudes non prévisibles qui, s'ils se révélaient, pourraient remettre en question les objectifs ci avant évoqués.

¹ TALEN: Transcription Activator-Like Effector Nuclease

Contact : COLLECTIS Sylvie Delassus Directeur de la Communication + 33 (0)1 41 83 99 00 media@collectis.com ALIZE RP Caroline Carmagnol +33 (0)6 64 18 99 59 caroline@alizerp.com

© 2011 Business Wire - Tous droits réservés. Source <http://www.caducee.net/actualite-medicale/10162/collectis-bioresearch-met-l-ingenierie-des-genomes-a-la-portee-de-tous-les-laboratoires.html>

Ingénierie génomique automatisée multiplexage

Se reporter au brevet Patent Number : 2008052101

Title: MULTIPLEX AUTOMATED GENOME ENGINEERING

Title: INGÉNIERIE GÉNOMIQUE AUTOMATISÉE À MULTIPLEXAGE

Date: 20080502

Claim(s): What is claimed is : A method of introducing multiple nucleic acid sequences into at least one cell comprising the steps of: a) providing an automated system including a receptacle containing at least one cell; b) transforming the cell using transformation medium including at least one nucleic acid oligomer; c) replacing the transformation medium with growth medium; d) incubating the cell in the growth medium; and e) repeating steps b)- d) until multiple nucleic acid sequences have been introduced into the cell....

© 2011 Macmillan Publishers Limited. All Rights Reserved. Lire la suite sur le site http://www.surechem.org/index.php?Action=document&docId=881818&db=WOPCT&tab=clms&lang=EN&db_query=2%3A0%3A&markupType=all

Lycopène - Article Wikipédia

Le **lycopène** est un [tétraterpène](#) de la famille des [caroténoïdes](#), plus précisément des [carotènes](#). C'est un [pigment liposoluble](#) rouge que l'on trouve surtout dans la [tomate](#) mais également dans d'autres [fruits rouges](#), la pastèque, l'[elaeagnus umbellata](#), le [pamplemousse](#)...


Il doit son nom au nom latin de la tomate ([Solanum lycopersicum](#)), qui en comporte la plus forte concentration naturelle mais seulement sous forme cuite: 27 mg pour 125 ml de purée de tomate, 17 mg pour 125 ml de sauce tomate³. La tomate crue présente des valeurs en lycopène moins élevées mais proches de celles de la [pastèque](#), qui en contient 3,5 mg à 8 mg selon les cultures, pour une portion de 125 ml⁴.

Le lycopène est, parmi les caroténoïdes, le plus présent dans le corps humain et est [antioxydant](#).

Sommaire

- [1 Structure chimique et propriétés](#)
- [2 Sources alimentaires](#)
- [3 Propriétés médicinales](#)
- [4 Colorant alimentaire](#)
- [5 Interférences avec les matières plastiques](#)
- [6 Notes et références](#)
- [7 Annexes](#)
 - o [7.1 Articles connexes](#)
 - o [7.2 Liens externes](#)

Structure chimique et propriétés

 Formule de structure du lycopène. A consulter à la source.

Le lycopène est un [terpène](#) constitué de 8 molécules [isoprènes](#). Sa formule est : [C₄₀H₅₆](#).

Sa couleur est due à ses onze doubles [liaisons covalentes carbone-carbone conjuguées](#) : chaque double liaison réduit l'énergie nécessaire à un électron pour passer à un [niveau d'énergie](#) supérieur, ce qui permet à la molécule d'absorber progressivement des [longueurs d'onde](#) de plus en plus grandes de la [lumière visible](#) ([déplacement bathochrome](#)). Le lycopène absorbant la plupart du spectre lumineux, seul le rouge reste visible.

Le lycopène soumis à une réaction d'oxydation se casse au niveau des doubles liaisons carbone pour donner des molécules plus petites, chacune doublement liée à un atome d'oxygène. Bien que les liaisons C=O donnent aussi un pigment, ces molécules sont trop courtes pour absorber suffisamment de lumière pour apparaître colorées. De même, une réaction de réduction peut lui faire perdre sa couleur en [saturant](#) ses atomes de carbone (les doubles liaisons se transformant en simples liaisons).

Le lycopène est liposoluble et non hydrosoluble.

Sources alimentaires

Les fruits qui contiennent le plus de lycopène sont : la [tomate](#) cuite, la [pastèque](#) crue, le [pamplemousse](#) rose, la [goyave](#), et la [papaye](#).

Contrairement aux autres nutriments contenus dans les fruits et légumes dont la quantité diminue pendant la cuisson (comme par exemple la [vitamine C](#)), la cuisson augmente la quantité de lycopène [biodisponible](#) de la tomate : la chaleur libère des cellules. Ainsi, pour une même proportion, on trouve environ 17 mg de lycopène biodisponible dans la [sauce tomate](#) contre 5 mg dans la tomate fraîche⁵. Pour cette raison, les aliments courants contenant le plus de lycopène biodisponible sont les produits transformés à base de tomate : soupe, jus, sauce, purée et pâte concentrée y compris le [ketchup](#). Toutefois cette réaction ne fonctionne pas pour les autres fruits. Par exemple, pour la pastèque, une oxydation (découpée) au-delà de 4 jours ou une cuisson font chuter le taux de lycopène.

Propriétés médicinales

Le lycopène est le caroténoïde le plus puissant pour l'élimination intracellulaire des atomes d'oxygène (fortement oxydants en [radicaux libres](#)). Son efficacité est due à sa liposolubilité, les radicaux libres se formant dans la partie lipidique des cellules.

Selon les recommandations du [Fonds mondial de recherche contre le cancer](#)⁶, le lycopène contenu dans le pamplemousse (mais aussi dans d'autres fruits, dont la [tomate](#)) aurait un effet protecteur contre le [cancer de la prostate](#).

La consommation régulière d'aliments contenant du lycopène est aussi associée à une réduction des risques de [maladie cardio-vasculaire](#), du [diabète](#), de l'[ostéoporose](#) et même de problèmes de [fertilité](#) masculine, et peut-être d'autres cancers dont ceux de l'[œsophage](#), du [côlon](#) et de la [bouche](#).

Colorant alimentaire

Du fait de sa grande disponibilité, le lycopène est beaucoup utilisé comme [colorant](#) (E160d).

Interférences avec les matières plastiques

Le lycopène diffuse très rapidement dans la structure de nombreuses matières plastiques ; comme il n'est pas hydrosoluble, il est très difficile à nettoyer à l'eau ou au savon.

Notes et références

- ↑ Masse molaire calculée d'après [Atomic weights of the elements 2007](#) [[archive](#)] sur [www.chem.qmul.ac.uk](#).
- ↑ (en) « Lycopene » sur [ChemIDplus](#), consulté le 8 février 2009
- ↑ [Passeportsante - Fiche lycopène](#) [[archive](#)]
- ↑ [PasseportSanté - Fiche pastèque](#) [[archive](#)]

5. [↑ Passeportsanté - Fiche lycopène \[archive\]](#)
6. [↑](#) recommandations du [Fonds mondial de recherche contre le cancer](#) émises en [2007](#) à partir du second rapport « Food, Nutrition, Physical Activity, and the Prevention of Cancer: a Global Perspective » (2007) réalisé durant 5 ans par un panel de 21 experts scientifiques qui ont évalué les résultats d'environ 7 000 études mondiales publiées depuis 50 ans, choisies comme plus pertinentes, parmi 22 000 préalablement retenues sur 500 000

Annexes

Articles connexes

- [Cancérologie](#)
- [cancer](#)
- [Vitamine E](#)

Liens externes

- (en) [Lycopene may help prostate cancer patients](#)
- (en) [Review of studies on lycopene and various cancers](#) printed in the *Journal of the National Cancer Institute* in [1999](#)
- (en) [Carotenoid Terpenoids](#)

Source <http://fr.wikipedia.org/wiki/Lycop%C3%A8ne>

Transfert horizontal de gènes - Article Wikipédia

 A consulter à la source

[Arbre phylogénétique](#) à trois domaines montrant les possibles transferts horizontaux

Le **transfert horizontal de gènes** (aussi appelé transfert latéral de gènes) est un processus dans lequel un organisme intègre du [matériel génétique](#) provenant d'un autre organisme sans en être le descendant. Par opposition, le transfert vertical se produit lorsque l'organisme reçoit du matériel génétique à partir de son ancêtre. La plupart des recherches en matière de génétique ont mis l'accent sur le transfert vertical, mais les recherches récentes montrent que le transfert horizontal de gènes est un phénomène significatif. Une grande partie du [génie génétique](#) consiste à effectuer un transfert horizontal artificiel de gènes.

Sommaire

- [1 Historique](#)
- [2 Archées](#)
- [3 Bactérie](#)
- [4 Eucaryotes](#)
- [5 Virus](#)
- [6 Rôle dans l'évolution et son étude](#)
- [7 Application pratique des transferts de gènes horizontaux](#)
- [8 Notes et références](#)

Historique

Le transfert horizontal de gènes a été décrit pour la première fois en 1959 dans une publication japonaise démontrant l'existence du transfert de la résistance aux antibiotiques entre différentes espèces de bactéries^{1,2}. Cependant cette recherche a été ignorée en Occident pendant une dizaine d'années. Michael Syvanen a été parmi les premiers biologistes occidentaux à étudier la fréquence des transferts horizontaux de gènes. Syvanen a publié une série d'articles sur le transfert horizontal de gènes à partir de 1984³, prédisant que le transfert horizontal de gènes existe, qu'il a une importance biologique réelle, et que c'est un processus qui a façonné l'histoire de l'évolution dès le début de la vie sur Terre.

Comme Jain, Rivera et Lake (1999) l'ont dit : « De plus en plus, les études sur les gènes et les génomes, indiquent que de nombreux transferts horizontaux ont eu lieu entre les procaryotes. »⁴ (voir aussi Lake et Rivera, 2007⁵). Le phénomène semble avoir eu une certaine importance pour les eucaryotes unicellulaires également. Comme Baptiste *et al.* (2005) l'observent, « de nouveaux éléments donnent à penser que le transfert de gènes peut également être un important mécanisme d'évolution chez les [protistes](#) »⁶.

Il existe des preuves que les plantes supérieures et les animaux ont également acquis des gènes par transferts horizontaux. Toutefois, Richardson et Palmer (2007) indiquent : « Le transfert horizontal de gènes a joué un rôle majeur dans l'évolution bactérienne et est assez courante dans certains eucaryotes unicellulaires. Toutefois, la prévalence et son importance dans l'évolution des eucaryotes pluricellulaires demeurent obscures. »⁷

En raison de l'augmentation d'éléments de preuve suggérant l'importance de ces phénomènes dans l'évolution, des biologistes moléculaires, tels que Peter Gogarten ont décrit le transfert horizontal de gènes comme « Un nouveau paradigme pour la biologie »⁸.

Archées

Le transfert horizontal de gènes semble également répandu parmi les [Archaea](#)⁹.

Bactérie

Le transfert horizontal de gènes est commun entre [bactéries](#). Ce processus est considéré comme un des facteurs principaux de l'augmentation de la résistance des bactéries aux [antibiotiques](#). Une fois la résistance acquise par une cellule, elle peut être transmise entre des bactéries d'[espèces](#) différentes et parfois même de [genres](#) différents. Il y a trois systèmes principaux d'échange de matériels génétiques chez les bactéries :

- La [conjugaison bactérienne](#)
- La [transformation des bactéries](#)
- La [transduction](#).

Eucaryotes

L'analyse des séquences des génomes disponibles montre qu'un transfert de gènes a lieu entre les génomes chloroplastiques et mitochondriaux et le génome nucléaire. Comme indiqué par la théorie endosymbiotique, les mitochondries et les chloroplastes ont probablement comme origine une bactérie endosymbiote d'un ancêtre de la cellule eucaryote¹⁰.

Le transfert horizontal de gènes entre les bactéries et certains champignons, en particulier la levure [Saccharomyces cerevisiae](#), a été également décrit¹¹.

Il existe également des preuves de transfert horizontal de gènes mitochondriaux entre un parasite de la famille des [Rafflesiaceae](#) et son hôte^{12,13}, ou encore à partir de chloroplastes d'une plante encore non identifiée vers les mitochondries du haricot¹⁴.

Un cas de transfert entre une algue ([Vaucheria](#)) et un mollusque qui la consomme ([Elysia](#)) a été décrit en 2008¹⁵.

En 2009, un étude (sur des plantes) suggère que le [greffage](#) est une voie pour le transfert horizontal de gènes¹⁶.

En 2010, des chercheurs de l'[université d'Arizona](#) ont mis en évidence dans le génome du [puçeron](#) l'existence de [gènes](#) transférés à partir de [fungi](#)¹⁷, l'expression de ces gènes permettant la production de [caroténoïde](#) chez cette espèce animale.

Virus

Le virus [Mimivirus](#) peut lui-même être infecté par un virus appelé [Sputnik](#)¹⁸.

Rôle dans l'évolution et son étude

Le transfert horizontal de gènes est un facteur d'erreur important dans la création d'[arbres phylogénétiques](#)¹⁹.

Le biologiste [Johann Peter Gogarten](#) a constaté que « la métaphore originelle d'un arbre, ne correspond plus aux données provenant des récentes analyses de génomes », et que « les biologistes devraient utiliser l'image d'une mosaïque pour décrire les différentes

histoires combinées dans un génome unique, et l'image d'un filet pour signifier la multitude d'échanges et d'effets coopératifs qu'a le transfert horizontal sur les microbes »²⁰. On parle alors de [réseaux phylogénétiques](#).

Application pratique des transferts de gènes horizontaux

Deux techniques exploitent les transferts horizontaux de gènes :

- La [transgénèse](#), qui permet de produire des êtres vivants possédant des gènes provenant d'une autre espèce. Certains OGM sont issus de cette techniques.
- La [thérapie génique](#), qui permet de réparer, en général localement un génome défaillant (maladie génétique).

L'existence de ces transferts de gènes horizontaux naturels relativise doublement les dangers supposés des OGM et des thérapies géniques. Premièrement les données scientifiques montrent que ces transferts sont extrêmement rares (du moins ceux qui se maintiennent et qui sont fonctionnel) et ne provoque pas de déséquilibre écologique. Les risques de transferts horizontaux lié au OGM sont considérés comme négligeable en termes de danger environnemental et sanitaire^{21, 22}. Deuxièmement les transgénèses n'ont pas d'effet plus perturbateur sur l'ADN que des modifications naturelles (mutation et croisement)^{23,24}.

Notes et références

(en) Cet article est partiellement ou en totalité issu de l'article en [anglais](#) intitulé « [Horizontal gene transfer](#) » (voir [la liste des auteurs](#))

1. ↑ K. Ochiai, T. Yamanaka, K. Kimura et O. Sawada, « Inheritance of drug resistance (and its tranfer) between Shigella strains and Between Shigella and E.coli strains », *Hihon Iji Shimpou*, vol. 1861, 1959.
2. ↑ T. Akiba, K. Koyama, Y. Ishiki, S. Kimura, T. Fukushima, « On the mechanism of the development of multiple-drug-resistant clones of Shigella », *Jpn. J. Microbiol.*, vol. 4, p. 219-227, 1960.
3. ↑ Michael Syvanen, « [Cross-species Gene Transfer; Implications for a New Theory of Evolution](#) » [[archive](#)], *J. Theor. Biol.*, vol. 112, p. 333-343, 1985.
4. ↑ Lake, James A. and Maria C. Rivera, « Horizontal gene transfer among genomes: The complexity hypothesis », dans *PNAS (Proceedings of the National Academy of Science)*, vol. 96:7, 1999, p. 3801-3806 [[lien DOI](#) [[archive](#)]] (page consultée le 2007-03-18)]
5. ↑ Lake, James A. and Maria C. Rivera, « The Ring of Life Provides Evidence for a Genome Fusion Origin of Eukaryotes », dans *Nature*, vol. 431 [[1](#)] [[archive](#)], 2004
6. ↑ Bapteste et al., « Do Orthologous Gene Phylogenies Really Support Tree-thinking? », dans *BMC Evolutionary Biology*, vol. 5:33, 2005 [[texte intégral](#) [[archive](#)]] (page consultée le 2007-03-18)]

7. ↑ Richardson, Aaron O. and Jeffrey D. Palmer, « Horizontal Gene Transfer in Plants », dans *Journal of Experimental Botany*, vol. 58, janvier 2007, p. 1-9 [[texte intégral](#)] [[archive](#)] [PDF] (page consultée le 2007-03-18)
8. ↑ Gogarten, Peter, « Horizontal Gene Transfer: A New Paradigm for Biology », dans *Esalen Center for Theory and Research Conference*, 2000 [[texte intégral](#)] [[archive](#)] (page consultée le 2007-03-18)
9. ↑ (en) Garcia-Vallvé S, Romeu A, Palau J, « Horizontal gene transfer in bacterial and archaeal complete genomes », dans *Genome research*, vol. 10, n° 11, novembre 2000, p. 1719-25 [[texte intégral](#)] [[archive](#)], [lien PMID](#) [[archive](#)]
10. ↑ Jeffrey L. Blanchard et Michael Lynch, « [Organellar genes: why do they end up in the nucleus?](#) » [[archive](#)], *Trends in Genetics*, vol. 16, p. 315-320, 2000. (Discusses theories on how mitochondria and chloroplast genes are transferred into the nucleus, and also what steps a gene needs to go through in order to complete this process.)
11. ↑ Hall C, Brachat S, Dietrich FS. « Contribution of Horizontal Gene Transfer to the Evolution of *Saccharomyces cerevisiae*. » *Eukaryot Cell* 2005 Jun 4(6):1102-15. [[2](#)] [[archive](#)]
12. ↑ Charles C. Davis et Kenneth J. Wurdack, « Host-to-Parasite Gene Transfer in Flowering Plants: Phylogenetic Evidence from Malpighiales », dans *Science*, vol. 305, n° 5684, 30 July 2004, p. 676-678 [[texte intégral](#)] [[archive](#)], [lien DOI](#) [[archive](#)]
13. ↑ Daniel L Nickrent, Albert Blarer, Yin-Long Qiu, Romina Vidal-Russell et Frank E Anderson, « Phylogenetic inference in Rafflesiales: the influence of rate heterogeneity and horizontal gene transfer », dans *BMC Evolutionary Biology*, vol. 4, n° 40, 2004, p. 40 [[texte intégral](#)] [[archive](#)], [lien DOI](#) [[archive](#)]
14. ↑ Magdalena Woloszynska, Tomasz Bocser, Pawel Mackiewicz et Hanna Janska, « A fragment of chloroplast DNA was transferred horizontally, probably from non-eudicots, to mitochondrial genome of *Phaseolus* », dans *Plant Molecular Biology*, vol. 56, n° 5, novembre 2004, p. 811-820 [[lien DOI](#)] [[archive](#)]
15. ↑ Mary E. Rumpho, Jared M. Worful, Jungho Lee, Krishna Kannan, Mary S. Tyler, Debashish Bhattacharya, Ahmed Moustapha et James R. Manhart, « Horizontal gene transfer of the algal nuclear gene psbO to the photosynthetic sea slug *Elysia chlorotica* », dans *PNAS*, vol. 105, n° 46, novembre 2008, p. 17867-17871 [[lien DOI](#)] [[archive](#)]
16. ↑ Sandra Stegemann et Ralph Bock, « [Exchange of genetic material between cells in plant tissue grafts](#) » [[archive](#)], *Science*, vol. 324, p. 649-651, mai 2009.
17. ↑ Nancy A. Moran and Tyler Jarvik, « [Lateral Transfer of Genes from Fungi Underlies Carotenoid Production in Aphids](#) [[archive](#)] », *Science* Vol. **328** no. 5978, p. 624-627, 2010-04-30. Consulté le 2010-04-30
18. ↑ « ['Virophage' suggests viruses are alive](#) » [[archive](#)], *Nature*, vol. 454, p. 677, 2008.

19. ↑ Graham Lawton, « [Why Darwin was wrong about the tree of life](#) » [archive], *New Scientist*, 21 janvier 2009.
20. ↑ (en) Olga Zhaxybayeva et J. Peter Gogarten, « Cladogenesis, coalescence and the evolution of the three domains of life », dans *TRENDS in Genetics*, vol. 20, n° 4, avril 2004, p. 182-187 [[texte intégral](#) [archive], [lien DOI](#) [archive]] (pages consultées le 20 juillet 2009)]
21. ↑ <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/18801324> [archive]
22. ↑ <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16489267> [archive]
23. ↑ <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/20472106> [archive]
24. ↑ <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/10415441> [archive]

Source http://fr.wikipedia.org/wiki/Transfert_horizontal_de_g%C3%A8nes

"Des chercheurs scientifiques découvrent une nouvelle voie par laquelle les gènes génétiquement modifiés peuvent s'échapper" par le Dr. Mae-Wan Ho. Traduction et compléments de Jacques Hallard ; accessible sur le site ISIAS <http://yonne.lautre.net/spip.php?article4761>

Échange de gènes entre une microalgue et un virus géant. Paris, 3 août 2009. Document CNRS.

Un transfert de gènes entre la microalgue *Emiliana huxleyi* et un virus géant vient d'être mis en évidence par des chercheurs du laboratoire Information génomique et structurale (CNRS) et de la Station biologique de Roscoff (CNRS/UMPC), au sein d'une équipe internationale. La particularité de cette découverte est l'implication dans ce transfert de plusieurs enzymes essentielles à toute la voie biosynthétique de la céramide, molécule polyvalente qui participe à divers processus de signalisation cellulaire chez les eucaryotes comme la mortalité cellulaire ou la méiose. Ces travaux sont publiés dans la revue *Genome Research* d'août 2009. Les microorganismes océaniques photosynthétiques (cyanobactéries et microalgues eucaryotes) sont à l'origine de plus de la moitié de la production d'oxygène de la planète. Le niveau élevé de la production biologique de ces microorganismes s'explique par la rapidité de leurs cycles de reproduction et de mort. Il est établi que les virus océaniques jouent un rôle significatif dans ce processus, en infectant et tuant ces microorganismes quotidiennement. *Emiliana huxleyi* est une microalgue eucaryote à large distribution océanique ; elle est connue pour ses vastes efflorescences et la beauté des écailles de son exosquelette en carbonate de calcium. La mort de ces algues précipite des masses importantes d'exosquelettes dans la lithosphère océanique profonde (ces précipitations sont à l'origine des falaises de craie blanche telles que celles de Douvres, en Angleterre, créée par l'accumulation sur des millions d'années des exosquelettes de ces microalgues).

Un virus géant icosaédrique(1) à ADN nommé EhV est un facteur majeur à l'origine d'une mortalité massive chez *E. huxleyi*. Dans cet article, les chercheurs ont comparé la séquence génomique de *E. huxleyi* avec celle du virus EhV. Ils ont ainsi pu établir les preuves d'un transfert de gènes entre cette microalgue eucaryote et le virus. Plus

étonnant encore, ce transfert génique implique non pas un seul, mais une série de sept gènes enzymatiques essentiels pour toute la voie biosynthétique de la céramide(2). Le transfert horizontal des gènes est un phénomène bien connu chez les bactéries pathogènes, qui acquièrent par le biais de ce type de transfert de nouvelles fonctions telles que la résistance aux antibiotiques. Cependant, il est rare d'observer le transfert de l'intégralité d'une voie métabolique.

Les auteurs avancent également des preuves du fonctionnement actif de ces gènes de biosynthèse de la céramide tant chez *E. huxleyi* que les virus. Chez les eucaryotes, la céramide est un élément important des membranes cellulaires, jouant différents rôles dans la réponse au stress et les signaux intracellulaires, y compris le contrôle de l'apoptose(3) et la division cellulaire méiotique. Actuellement, la céramide est utilisée dans certains produits de soin de la peau et anti-âge des industries cosmétiques. Le rôle de cette dernière au sein du virus EhV reste inconnu à ce jour, mais les microbiologistes considèrent que cette nouvelle voie céramide d'origine virale joue un rôle central dans l'interaction entre *E. huxleyi* et EhV, en contrôlant par exemple la durée de vie des algues hôtes.

© Miguel FRADA et Glynn GORICK Photo à consulter à la source

Emiliana huxleyi couverte par ses exosquelettes en carbonate de calcium et le virus géant EhV icosaédrique.

[Télécharger l'image en haute définition](#)

Notes :

- 1) Qui a une forme de polyèdre à 20 faces.
- 2) Molécule polyvalente qui participe à divers processus de signalisation cellulaire chez les eucaryotes comme la mortalité cellulaire ou la méiose.
- 3) Mort cellulaire

Références :

Horizontal gene transfer of an entire metabolic pathway between a eukaryotic alga and its DNA virus, Monier A, Pagarete A, De Vargas C, Allen MJ, Read B, Claverie JM, Ogata H, Genome Research, août 2009, PubMed PMID: 19451591.

Contacts :

Chercheurs CNRS | Hiroyuki Ogata | T 04 91 82 54 26 | Hiroyuki.Ogata@igs.cnrs-mrs.fr
Colomban de Vargas | T 02 98 29 25 28 | vargas@sb-roscoff.fr

Presse CNRS | Cécile Pérol | T 01 44 96 43 90 | cecile.perol@cnrs-dir.fr

Source <http://www2.cnrs.fr/presse/communique/1648.htm>

Traduction en français, définitions et compléments

Jacques Hallard, Ing. CNAM, consultant indépendant.

Relecture et corrections: Christiane Hallard-Lauffenburger, professeur des écoles

Adresse: 585 19 chemin du Malpas 13940 Mollégès France

Courriel: jacques.hallard921 @ orange.fr

Fichier : ISIS Biologie Microbes OGM [*Mass Genome Engineering*](#) French version.3
allégée.
