génétique et épigénétique des éléments transposables

publié le 08.02.22 |par vincent colot

dans cette conférence, vincent colot présente l'impact, en termes de mutations et d'épimutations, des éléments transposables sur le génome.

1. sommaire de la vidéo

- le génome des êtres vivants
- les éléments transposables, des composants majeurs des génomes
- les mutations causées par les éléments transposables peuvent avoir des conséquences phénotypiques
- la mobilité des éléments transposables est sous contrôle, notamment épigénétique
- l'état de méthylation des éléments transposables peut avoir des conséquences phénotypiques, qui peuvent être héritables
- il faut distinguer le maintien des profils épigénétiques au cours des divisions cellulaires chez un individu, et la transmission à la génération suivante de profils épigénétiques : il s'agit d'épigénétique transgénérationnelle
- de nombreuses questions sur les éléments transposables restent sans réponse
- les lignées d'accumulation de mutations. chez a. thaliana, en conditions naturelles, les déplacements d'éléments transposables dans le génome semblent être des événements rares.
- les intérêts d'a. thaliana pour l'étude des éléments transposables
- l'adn est particulièrement méthylé au niveau des éléments transposables
- le maintien du profil de méthylation de l'adn au cours des réplications est orchestré par ddm1.
- le mutant ddm1 permet de générer des lignées de plantes où les éléments transposables se déplacent et accumulent des mutations
- chez le mutant ddm1, les mutations s'accumulent bien plus rapidement qu'en conditions naturelles
- les transposons se déplacent préférentiellement dans les séquences géniques
- le cas d'atcopia93 : un élément transposable s'intégrant préférentiellement dans les gènes impliqués dans les réponses aux changements environnementaux
- atcopia98 : un élément transposable modifiant la réponse à la vernalisation d'a. thaliana.
- conclusion

les éléments transposables sont des séquences d'adn capables de se déplacer – on dit transposer – dans le génome des êtres vivants. ils sont de fait un facteur déterminant de

l’évolution de la taille des génomes. ils constituent par exemple près de 50 % du génome humain, essentiellement sous la forme de copies qui se sont accumulées au fil du temps et ont ensuite rapidement dégénérées. par ailleurs, la transposition conduit à des mutations, dont certaines peuvent affecter profondément le phénotype des individus. c’est notamment le cas lorsqu’un élément transposable s’insère au niveau d’un gène et affecte sa séquence codante ou les régions qui régulent sa transcription. or, contrairement aux mutations dites « ponctuelles », qui se produisent plus ou moins aléatoirement le long du génome, certains éléments transposables s’insèrent préférentiellement dans ou à proximité immédiate de gènes impliqués dans la réponse aux stress, ce qui pourrait être un mécanisme d’adaptation aux changements brutaux de l’environnement.

néanmoins, de nombreux mécanismes limitent la transposition ; par exemple la méthylation de l’adn chez les plantes et les mammifères. cette modification épigénétique affecte également les copies dégénérées d’éléments transposables, incapables de la moindre mobilisation. par ailleurs, les taux de méthylation de l’adn peuvent varier d’une copie et d’un individu à l’autre, parfois de manière héritable et avec pour conséquence possible des effets sur l’expression des gènes avoisinants.

ainsi donc, les éléments transposables peuvent engendrer non seulement des mutations non totalement aléatoires, mais aussi des épimutations, sans changement de la séquence de l’adn. si cette hérédité épigénétique transgénérationnelle est bien documentée chez les plantes, elle reste controversée chez les mammifères.

les quelques exemples présentés dans cette conférence ne doivent toutefois pas faire oublier, comme le précise vincent colot, que les chercheurs ne disposent pas encore d’une image d’ensemble de l’impact mutationnel et épimutationnel des éléments transposables. par exemple, peut-on toujours considérer, comme on le fait classiquement, que le taux de mutation est constant ou, au contraire, faut-il envisager que celui-ci peut varier en fonction de l’état d’activité des séquences mobiles du génome ? de la même manière, doit-on reconsidérer le caractère essentiellement aléatoire des mutations ? la réponse à ces questions, et à d’autres portant sur le caractère épigénétique ou non de certaines variations héritables de caractères, pourrait changer notre compréhension des modalités de l’adaptation des espèces aux changements de l’environnement.

conférence donnée par vincent colot et enregistrée le 21 octobre 2019 lors des journées 2019 de l'upa (union des professeurs des classes préparatoires aux grandes écoles agronomiques, biologiques, géologiques et vétérinaires) organisées à l'école normale supérieure (paris).

CRÉDITS

AUTEUR(S)/AUTRICE(S)

vincent colot

directeur de recherche au cnrs, responsable de l'équipe dynamique des génomes et variation épigénétique (gdev) à l'institut de biologie de l'école normale supérieure à paris.

MISE EN LIGNE

pascal combemorel

agrégé de svt, il est le responsable éditorial du site planet-vie depuis septembre 2016.

LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE



creative commons - attribution - pas d'utilisation commerciale - pas de modifications