

tel-00713647, version 1 - 2 Jul 2012

Figure A1 : origines de la cellule eucaryote

Les mitochondries ont pour ancêtre une alpha protéobactérie et les chloroplastes, une cyanobactérie. Le schéma est un diagramme de l'évolution des eucaryotes, présentant l'incorporation des mitochondries et des chloroplastes dans la lignée eucaryotique par endosymbioses successives, puis la co-évolution des génomes nucléaires et des génomes des organites lors de laquelle a lieu le transfert de gènes vers le génome de l'hôte. Cet hôte semble avoir été un être unicellulaire sans organite. La nature exacte de cette cellule hôte est discutée par les évolutionnistes (d'après Timmis et al., 2004).

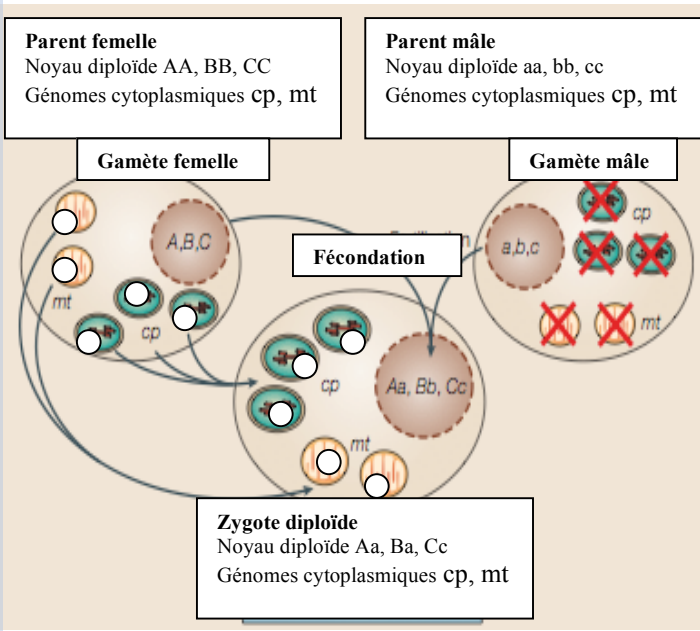


Figure A2 : hérédité maternelle des organites

Les génomes nucléaires des organismes eucaryotiques sont très souvent diploïdes (comme celui d'*Arabidopsis thaliana*). Un gène nucléaire va donc avoir deux allèles qui sont potentiellement différents. Les gamètes produits lors de la méiose sont haploïdes et portent seulement un allèle (ici, les allèles A, B et C proviennent du parent femelle et les allèles a, b et c du parent mâle). Le zygote obtenu après la fécondation hérite d'un allèle nucléaire de chaque gène provenant de chaque parent. Le zygote est ainsi diploïde et hétérozygote Aa, Bb, Cc. Au contraire, les génomes des organites sont hérités d'un seul parent. Ici est représenté une hérédité des organites qui est maternelle : les organites présents dans la descendance proviennent du parent femelle. Dans le schéma, les croix rouges représentent la dégradation des organites du parent mâle avant la fécondation et les ronds blancs, la transmission maternelle des organites (d'après Timmis et al., 2004).

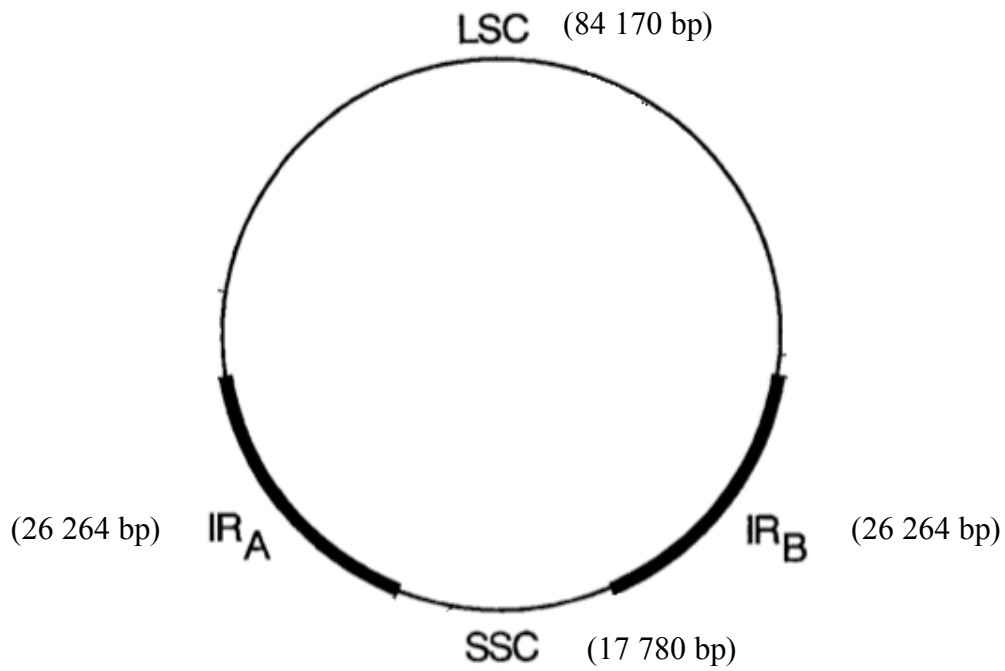


Figure A3 : structure du génome chloroplastique d'*Arabidopsis thaliana*

Elle consiste en une grande région simple copie (LSC) et une petite région simple copie (SSC). Les deux séquences inversées et répétées (IRA et IRB) sont représentées en lignes plus épaisses. Les tailles des régions et des séquences répétées sont indiquées entre parenthèses. Cette structure est valable pour les génomes chloroplastiques des autres organismes possédant des chloroplastes (d'après Sato et al., 1999).

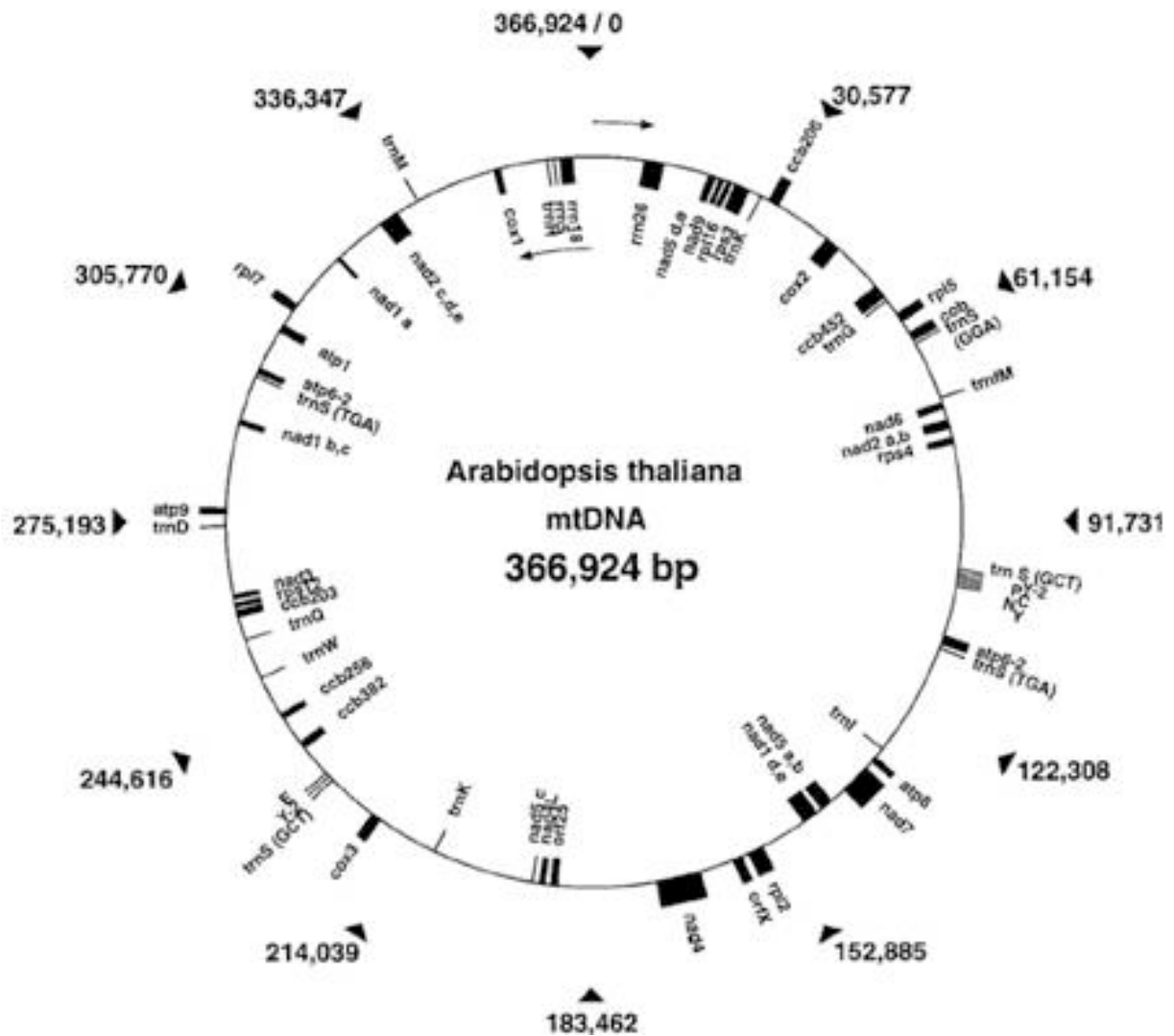


Figure A4 : distribution des gènes identifiés dans le CM du génome mitochondrial d'*Arabidopsis thaliana*

33 protéines de fonction connue, 3 ARNr et 20 ARNt sont codés par le génome mitochondrial d'*Arabidopsis thaliana* (Unsel et al., 1997 ; Duchene et Marechal-Drouard, 2001). Les boîtes noires représentent les gènes mitochondriaux (les noms des gènes sont indiqués à côté) (D'après Dombrowski et al., 1998).

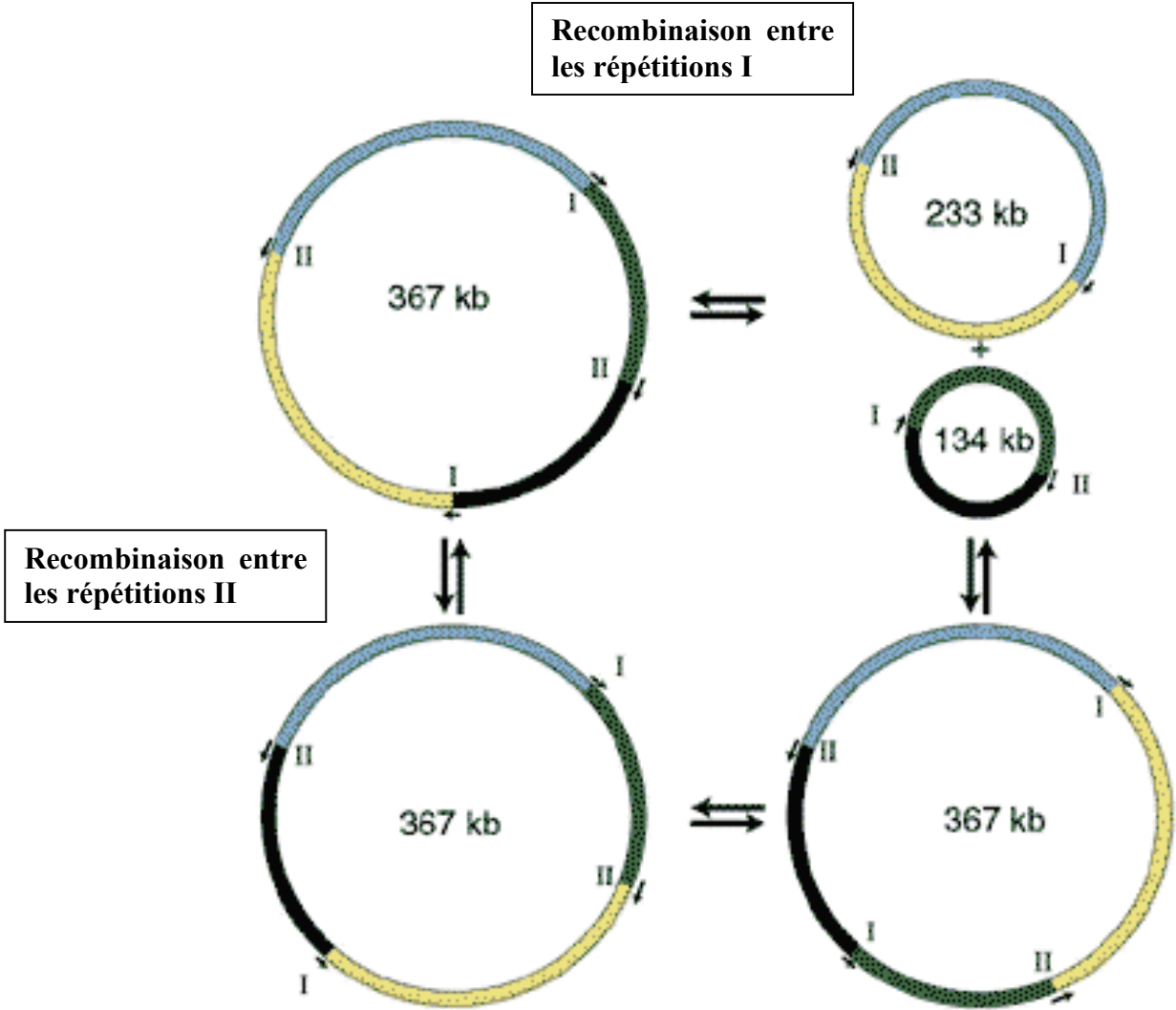


Figure A5 : modèle représentant la structure multipartite du génome mitochondrial d'*Arabidopsis thaliana*.
 L'ADN mitochondrial contient des répétitions directes (I) et des répétitions inversées (II). Lorsque deux copies de la même répétition sont présentes en orientation directe (répétitions I) l'une par rapport à l'autre sur le CM (de 367 kb), ces copies induisent des recombinaisons intragénomiques à l'origine de la formation de cercles sub-génomiques (de 233 kb et de 134 kb). Lorsque deux copies de la même répétition sont présentes en orientation inverse sur le CM (répétitions II), elles induisent la formation de formes isomériques présentant des inversions par rapport au CM (Palmer and Shields, 1984 ; Shedge et al., 2007). Schéma adapté de Rasmusson et al., Plant physiology online Fifth Edition (<http://5e.plantphys.net/article.php?ch=0&id=151>).

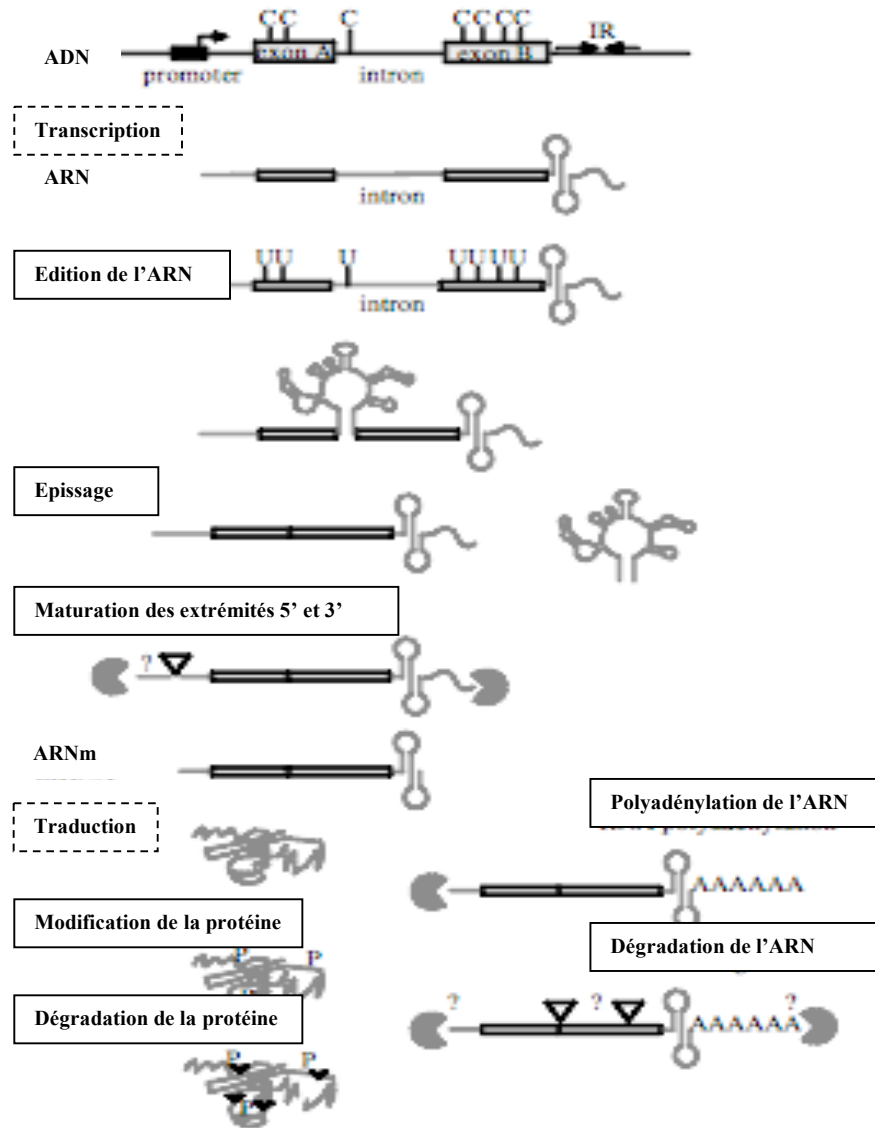


Figure A6 : étapes de la maturation post-transcriptionnelle des ARN dans les mitochondries de plantes

Plusieurs étapes de maturation du transcrit primaire sont nécessaires avant la traduction de l'ARNm mature. Ces étapes sont l'édition des ARN, l'épissage des introns et la maturation des extrémités 5' et 3'. Le contrôle de l'expression des gènes peut se faire à chacune de ces étapes. La dégradation de l'ARNm peut être favorisée par une polyadénylation de l'extrémité 3' UTR (d'après Binder et Brennicke, 2003).

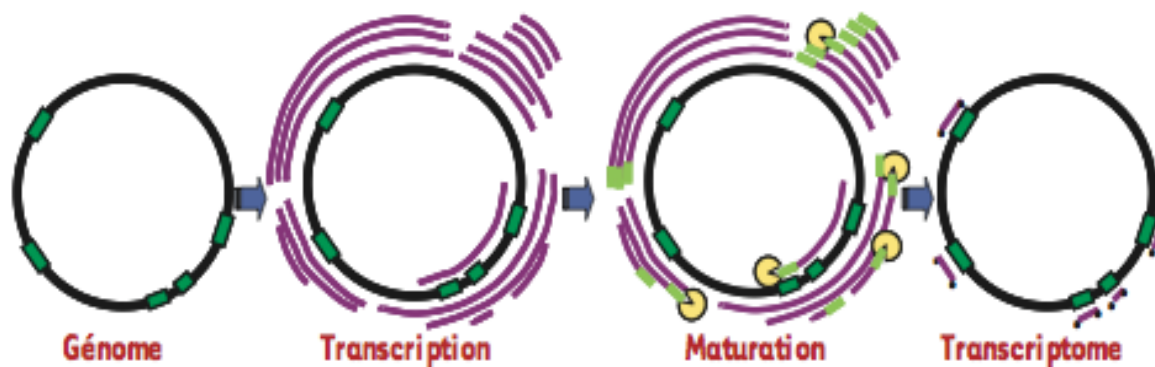


Figure A7 : modèle présentant la polyadénylation des extrémités 3' des transcrits et la dégradation de ces transcrits par la PNPase

Le génome est représenté par un cercle, les gènes par des rectangles verts. La transcription mitochondriale donne lieu à une population de transcrits primaires, représentés par des traits violets. Après la polyadénylation, représentée par des ajouts verts, la PNPase, en jaune, dégrade les ARN aberrants et mature les précurseurs. Il en résulte un transcriptome constitué de transcrits matures, dont les extrémités sont ici marquées par des points (Holec et Gagliardi, 2006).

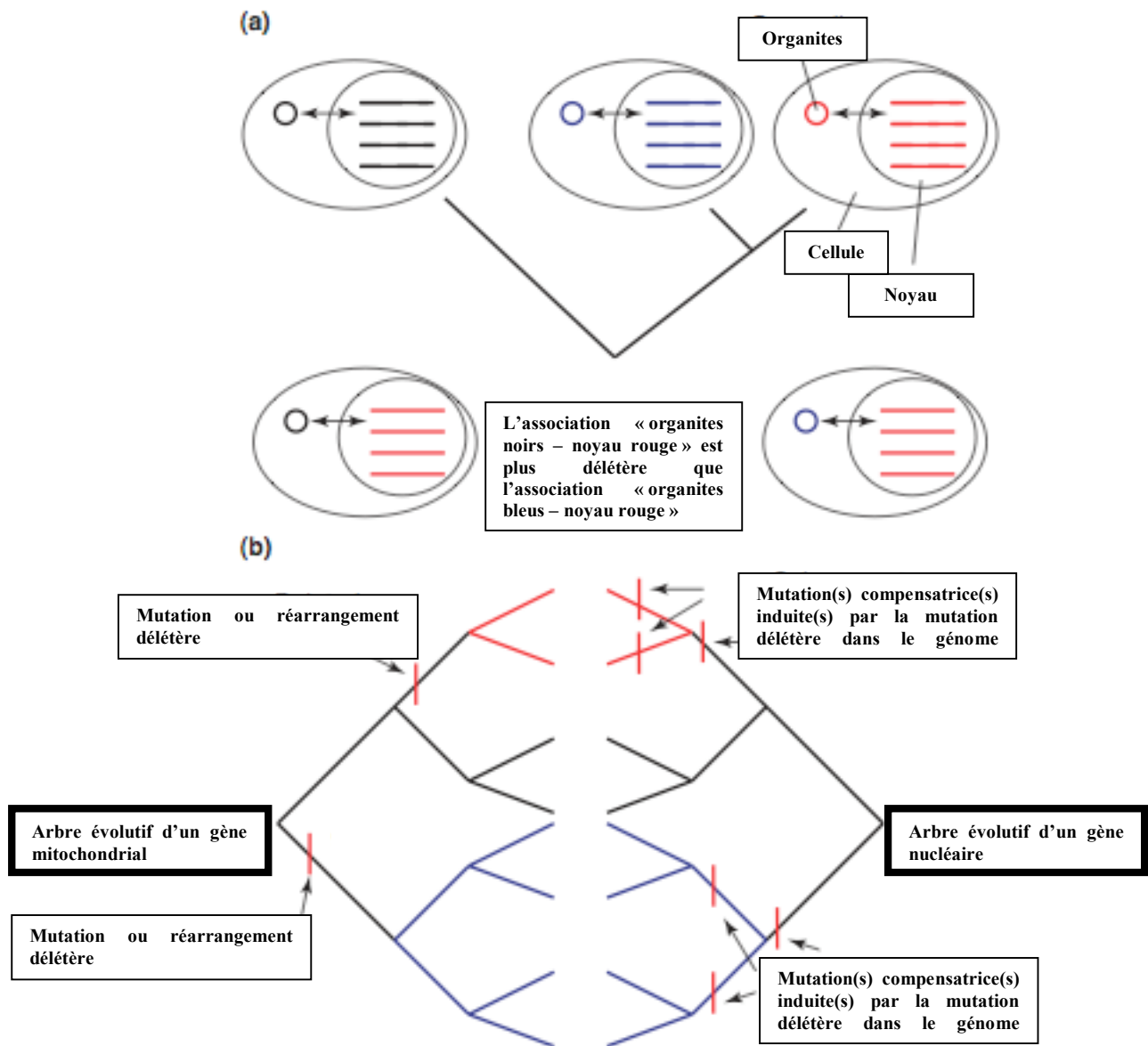


Figure A8 : modèle de la coadaptation nucléocytoplasmique

La co-adaptation a lieu lorsque la sélection naturelle agit sur l'évolution des gènes en interaction. (a) Des complexes de gènes co-adaptés peuvent être perturbés lorsque les organites d'une lignée sont mis en présence d'un fond nucléaire provenant d'une lignée différente. Le degré de perturbation peut dépendre du temps de divergence entre les deux lignées. (b) Au niveau moléculaire, ce modèle de coadaptation nucléocytoplasmique prédit qu'une mutation ou un réarrangement délétère dans l'un des gènes en interaction sera compensé par une ou plusieurs mutations compensatrices dans le ou les autres gènes en interaction. Ce schéma représente l'évolution de deux gènes coadaptés, celui d'un gène mitochondrial (à gauche) et celui d'un gène nucléaire, pour différents lignages (d'après Rand et al., 2004).

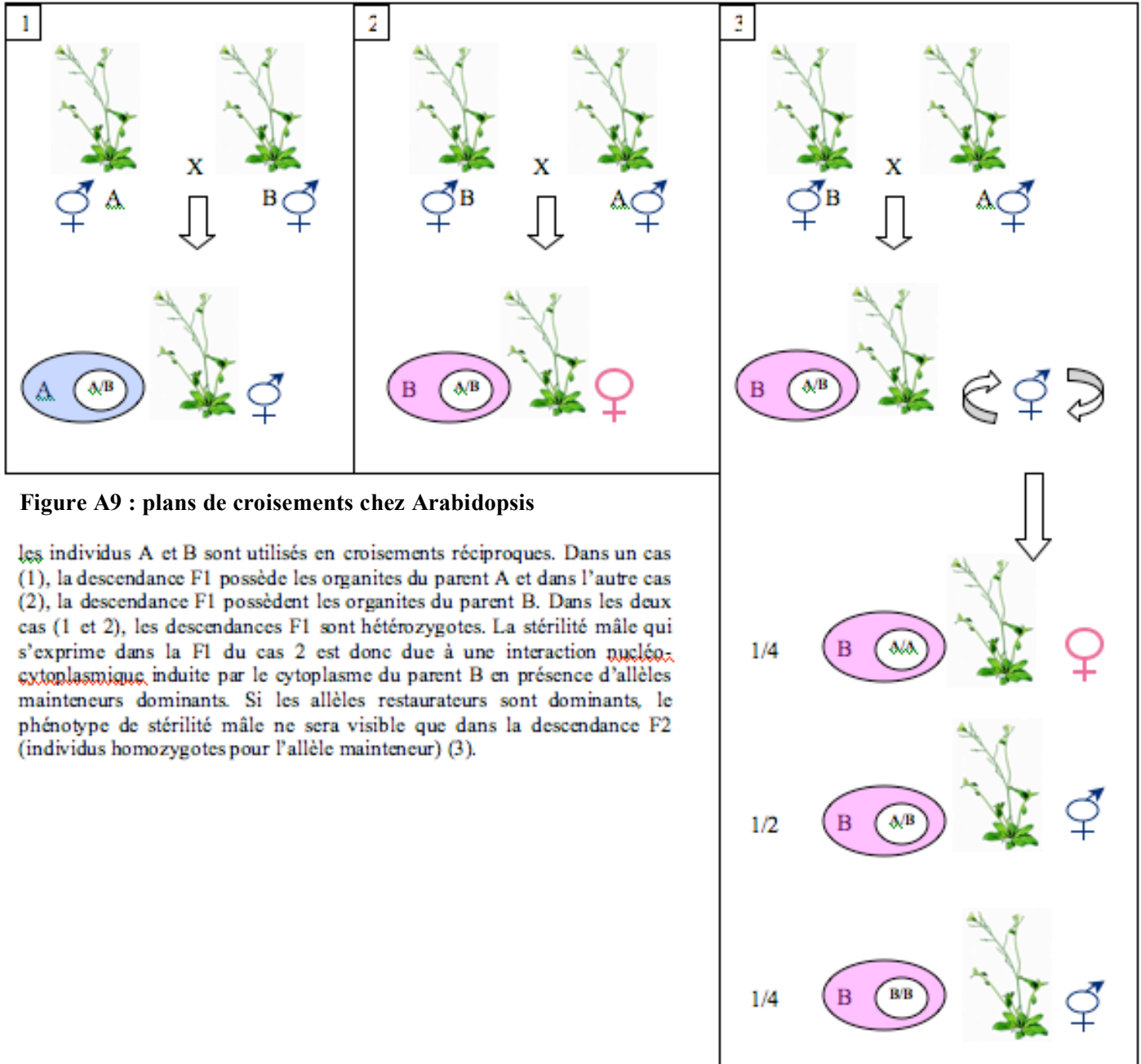
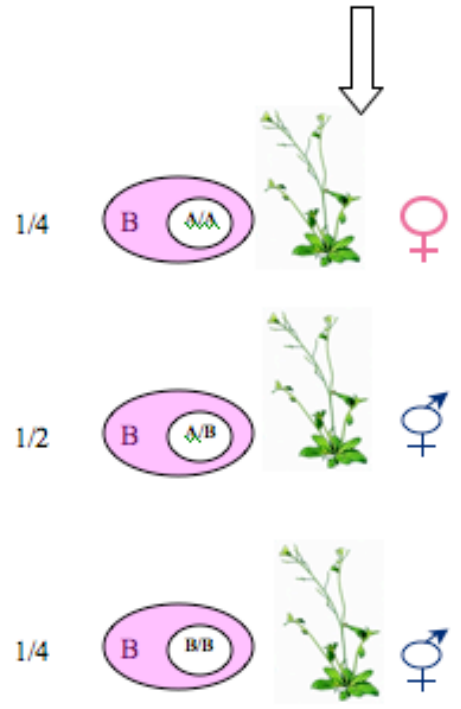


Figure A9 : plans de croisements chez Arabidopsis

Les individus A et B sont utilisés en croisements réciproques. Dans un cas (1), la descendance F1 possède les organites du parent A et dans l'autre cas (2), la descendance F1 possèdent les organites du parent B. Dans les deux cas (1 et 2), les descendance F1 sont hétérozygotes. La stérilité mâle qui s'exprime dans la F1 du cas 2 est donc due à une interaction nucléo-cytoplasmique induite par le cytoplasme du parent B en présence d'allèles mainteneurs dominants. Si les allèles restaurateurs sont dominants, le phénotype de stérilité mâle ne sera visible que dans la descendance F2 (individus homozygotes pour l'allèle mainteneur) (3).



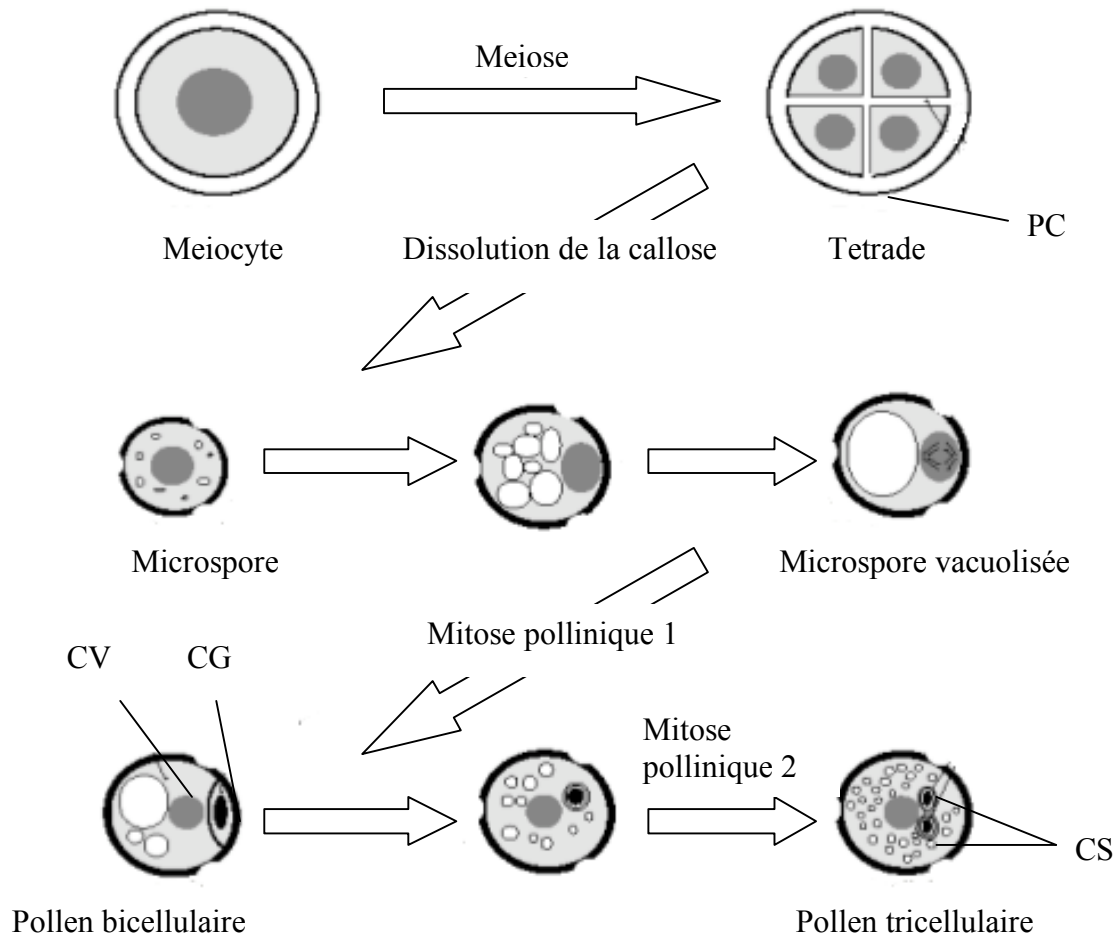


Figure A10 : développement du gamétophyte mâle chez Arabidopsis

PC paroi de callose. CV : cellule végétative. CG : cellule génératrice. CS : cellules spermatiques.

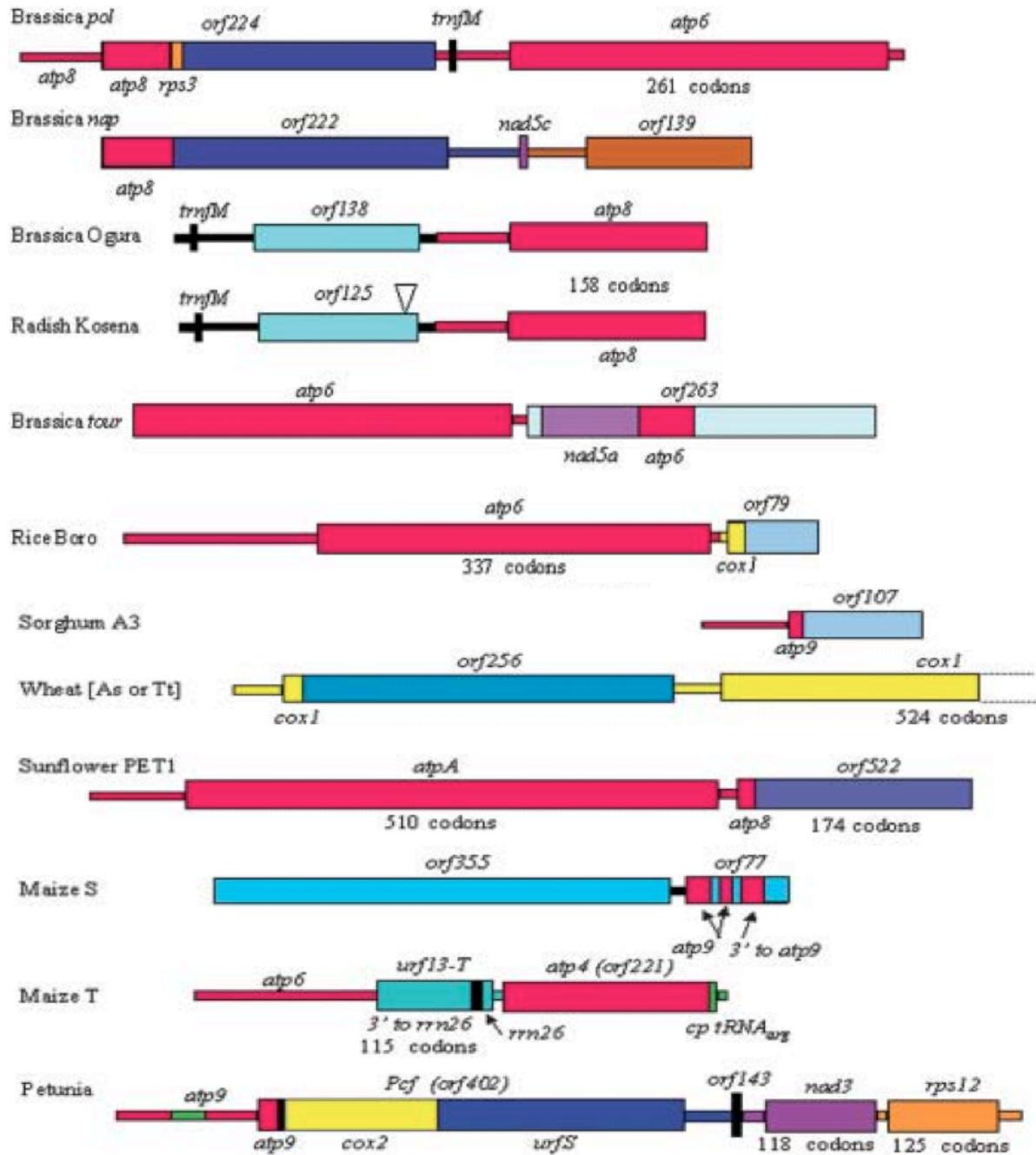


Figure A11 : gènes chimériques associés à différents systèmes de SMNC

En rouge : gènes codant des sous-unités de l'ATP synthase. En bleu : orf inconnues et non conservées dans les régions associées aux stérilités. En jaune : gènes codant des sous unités de la cytochrome oxydase. En orange : gènes codants des protéines ribosomiques. En marron : orf inconnues mais conservées dans l'ADN mitochondrial des plantes vasculaires. En vert : séquences d'ADN chloroplastique. (D'après Hanson et Bentolila, 2004).

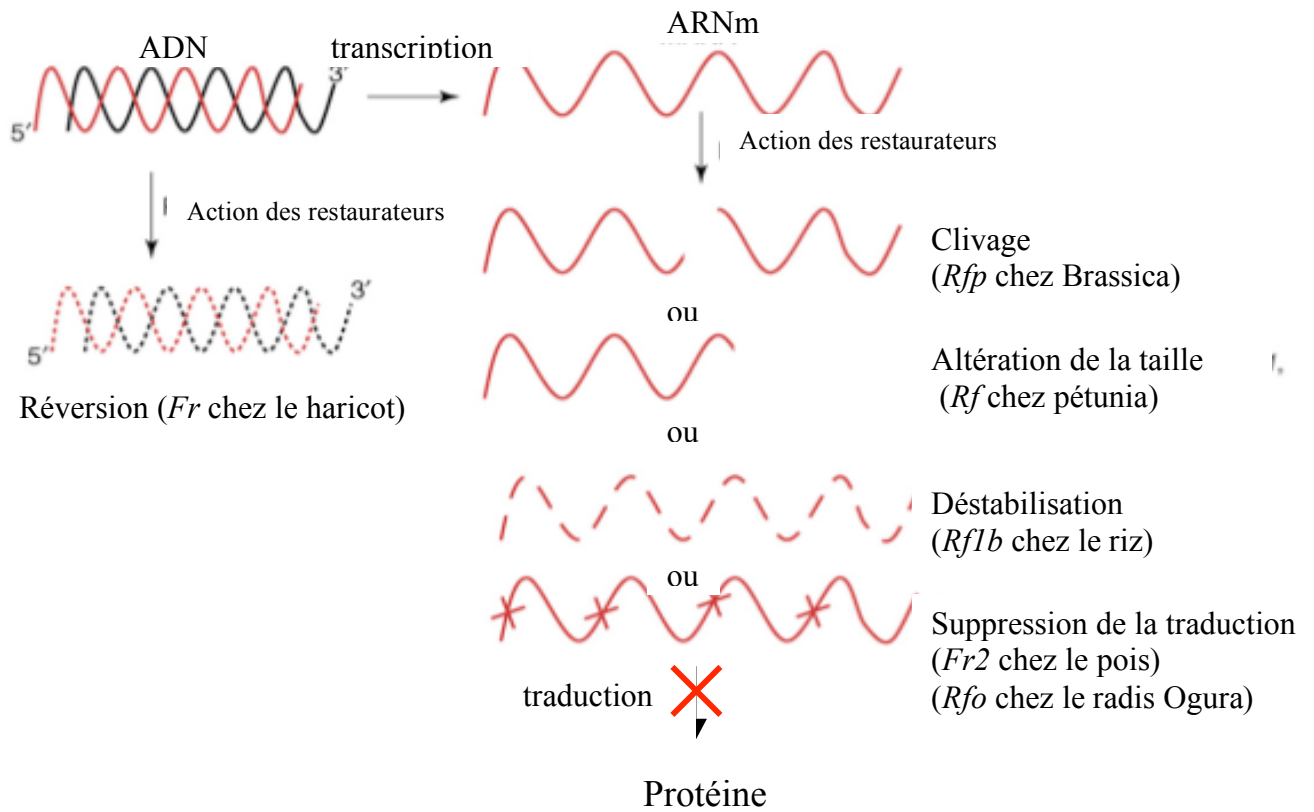


Figure A12 : effets des restaurateurs nucléaires sur l'expression des gènes mitochondriaux inducteurs de stérilité

Les restaurateurs empêchent l'accumulation de protéines associées à la stérilité par différents processus : le restaurateur *Fr* du haricot élimine la portion de l'ADN mitochondrial qui contient l'ORF associée à la stérilité ; *Rfp* agit en clivant l'ARNm ; *Rf* modifie la taille de l'ARNm alors que *Rflb* agit en le déstabilisant ; *Fr2* supprime la traduction de l'ARNm. Dans le système Ogura (Brassica et Raphanus), *Rfo* pourrait bloquer l'initiation de la traduction de l'ORF138 associée à la stérilité (Uyttewaal et al, 2008b).

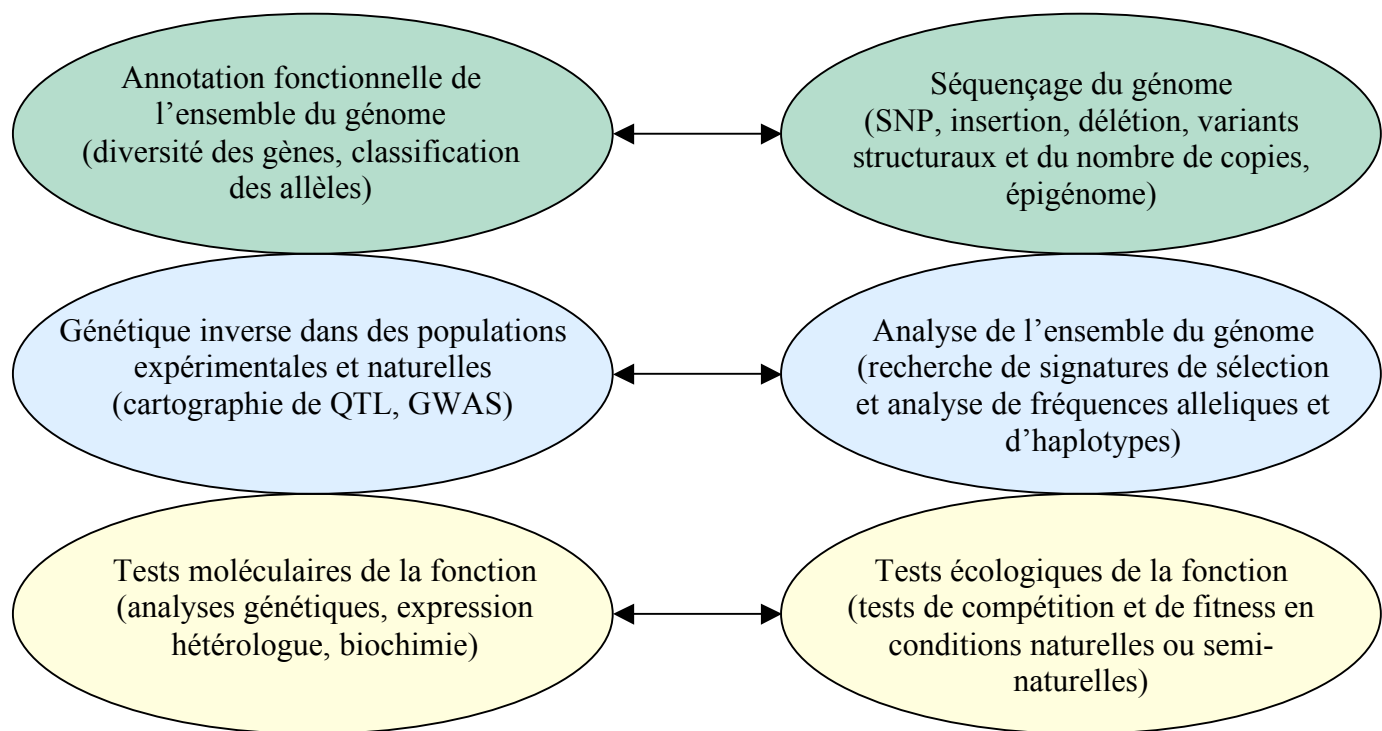


Figure A13 : relation entre les approches utilisées pour étudier la variation génétique
 Les flèches relient les approches qui sont complémentaires (d'après Weigel 2012).

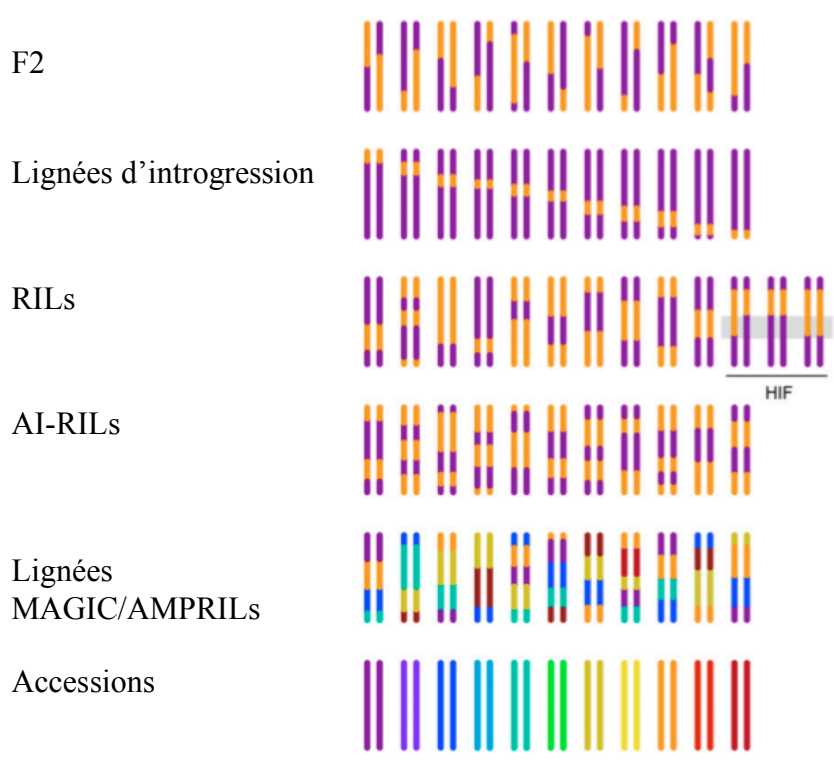


Figure A14 : ressources biologiques disponibles chez *Arabidopsis thaliana*
 Les couleurs indiquent la contribution génétique de différentes accessions parentales. Seule une paire de chromosome est représentée pour chaque individu. Les individus HIF dérivent des lignées RIL. Les lignées d'insertion T-DNA ne sont pas représentées (d'après Weigel 2012).



Figure A15 : distribution géographique d'*Arabidopsis thaliana*

Les zones vertes correspondent aux zones de distribution de l'espèce. Les origines géographiques des accessions collectées disponibles dans les centres de ressources sont indiquées par des points rouges. Fin 2011, 7000 accessions provenant de plantes collectées dans la nature étaient disponibles dans les centres de stockage (d'après Koornneef et al., 2004 ; pour revue, Weigel et al., 2012).

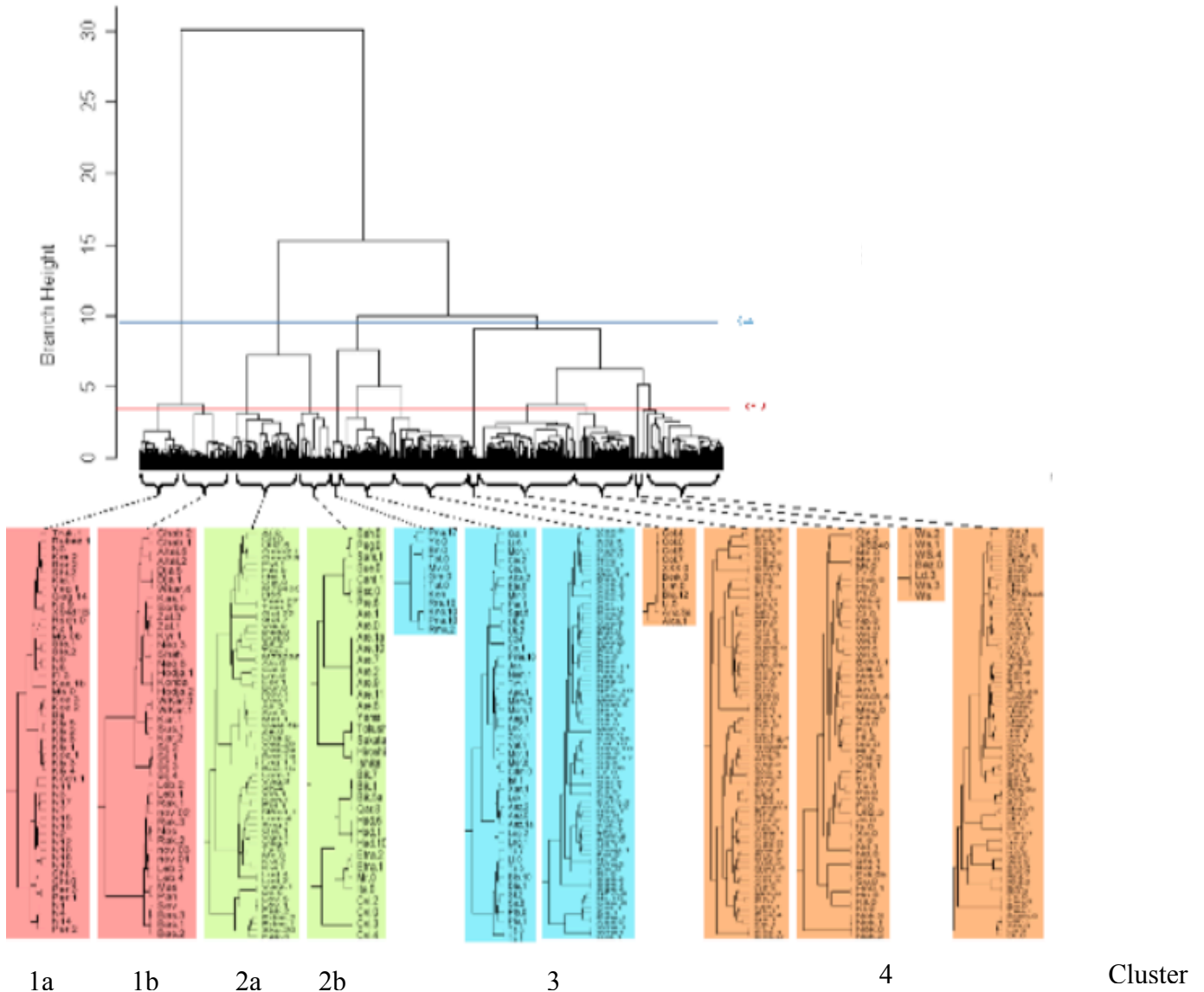


Figure A16 : résultats de clustering d'accèsions d'*A. thaliana* réalisé avec des marqueurs nucléaires SNP (Simon et al., 2011)

Dendrogramme obtenu à partir d'une matrice de 598 lignées et 341 marqueurs SNP. La ligne bleue coupe les clades pour un nombre de clusters $K = 4$. La ligne rouge coupe les clades pour un nombre de clusters $K = 12$, ce qui correspond à une analyse plus détaillée du clustering. Le clustering des accèsions contenues dans chacun des 12 groupes sont détaillées dans les cadres colorés.

Région	MatK-trnK	NdhC-trnV	rbcL-accD	ndhF-rpl32	Total
Coordonnées	3378-4340	50289-51242	56283-57204	112547-113489	
Taille (pb)	850	840	810	830	3330
SNP	5	18	6	10	39
In/Del	2	7	1	4	14
Inversion	0	0	1	0	1
MSAT	2	3	3	6	14
Total	9	28	11	20	68

Tableau A1 : sites polymorphes chloroplastiques identifiés chez *A. thaliana* (Moison et al., 2010)

Les quatre régions chloroplastiques de 95 accessions ont été séquencées par Moison et al. (2010). Les coordonnées se réfèrent aux régions de l'ADN chloroplastique de Col-0.

Région	Coordonnées	Type de polymorphisme	Référence	Stratégie
nad5-rrn26	11944-13795	Recombinaison	(Ullrich et al., 1997)	PCR directe
nad5-rrn26	16606-18591	Recombinaison	(Ullrich et al., 1997)	PCR directe
orf131	16965-17203	Présence/absence	(Moison et al., 2010)	PCR directe
orf315	16959-17451	Présence/absence	(Moison et al., 2010)	PCR directe
nad9-rpl16	24147-25309	In/Del 6 pb	(Moison et al., 2010)	PCR-RFLP
cox2	39529-40374	SNP	(Moison et al., 2010)	PCR-RFLP
atp8-orf107c	130231-131125	SNP	(Moison et al., 2010)	PCR-RFLP
orf240a	203703-204264	Présence/absence	(Moison et al., 2010)	PCR directe
orf120	207558-207869	Présence/absence	(Moison et al., 2010)	PCR directe
orf107d	209506-209789	Présence/absence	(Moison et al., 2010)	PCR directe
cox3/atp9	217884/278985	Réarrangement	(Forner et al., 2008)	PCR directe
ccmC	240858-241488	Multiples SNP	(Forner et al., 2008 ; Moison et al., 2010)	PCR-RFLP + séquençage
orf262	279543-280170	Présence/absence	(Moison et al., 2010)	PCR directe
atp6-2	297337-298283	Présence/absence	(Forner et al., 2008)	PCR directe
orf111b	301020-301272	Présence/absence	(Moison et al., 2010)	PCR directe

Tableau A2 : polymorphismes testés dans l'ADN mitochondrial des accessions d'*A. thaliana* (Moison et al., 2010)

Le nom des 15 marqueurs mitochondriaux est décrit dans la première colonne. La seconde colonne donne la position de ces marqueurs sur le génome mitochondrial de l'accession C24 et la troisième colonne, le type de polymorphisme observé pour chacun des marqueurs. La stratégie utilisée pour révéler le polymorphisme à chaque marqueur est décrite dans la dernière colonne.

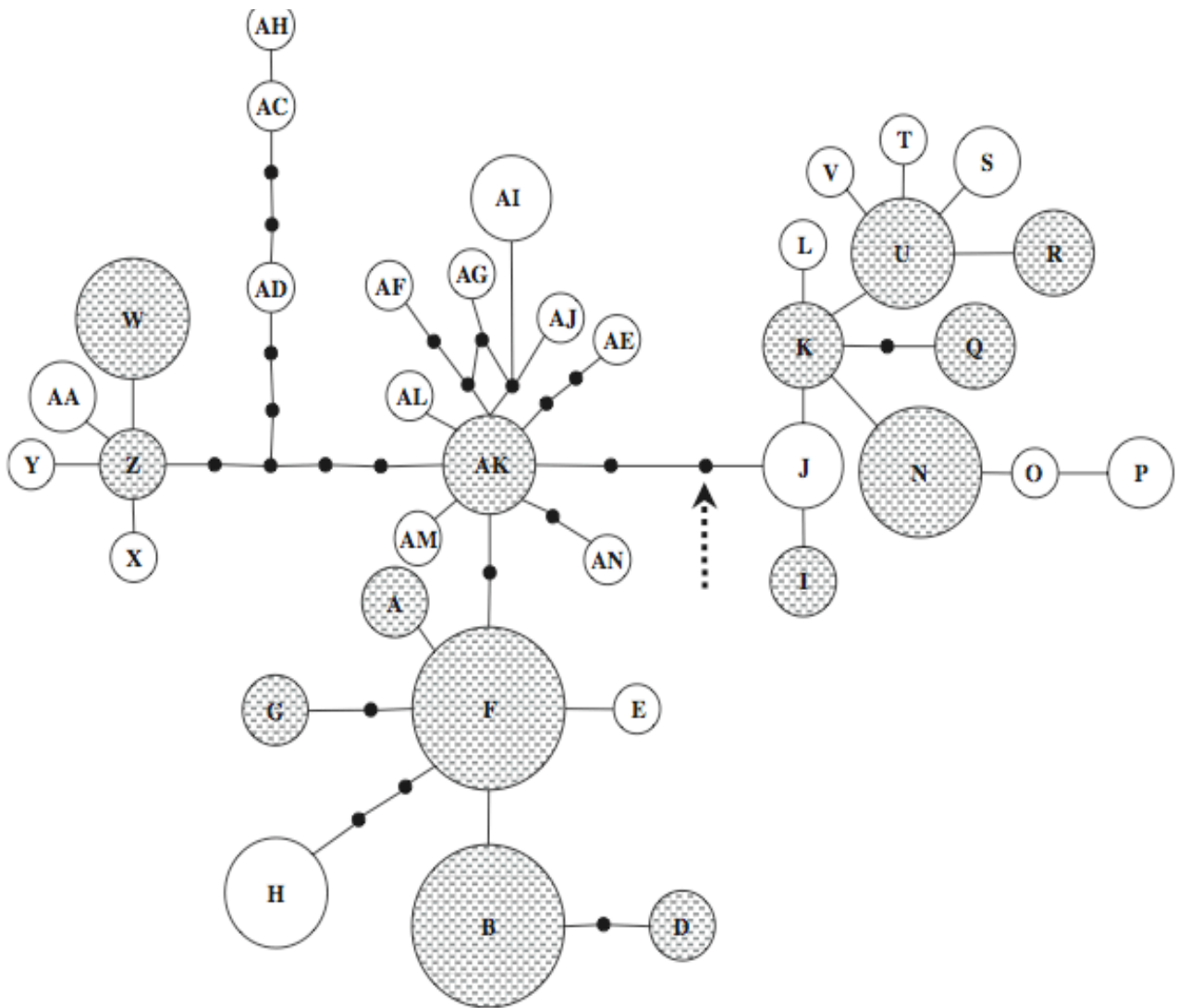


Figure A17 : phylogénie des génomes chloroplastiques d'*A. thaliana*

Chaque chlorotype est représenté par un cercle dont l'aire est proportionnelle au nombre d'accessions appartenant au chlorotype dans l'étude de Moison et al (2010). Chaque chlorotype est nommé avec une lettre capitale. Les cercles grisés correspondent aux chlorotypes regroupant plusieurs haplotypes qui diffèrent seulement par la longueur de certains MSAT. Chaque segment entre les cercles représente un polymorphisme ; la longueur du segment n'a pas de signification particulière. Les points noirs représentent des chlorotypes intermédiaires hypothétiques qui n'ont pas été observés. La flèche pointillée indique la racine du réseau (d'après Moison et al., 2010).

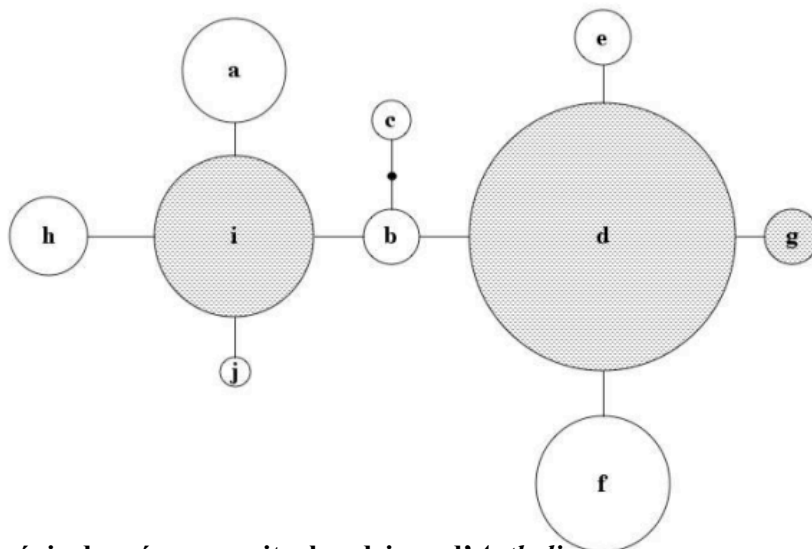


Figure A18 : phylogénie des génomes mitochondriaux d'*A. thaliana*

La légende est la même que dans la figure A17 en remplaçant « chlorotype » par « mitotype ». Chaque mitotype est nommé avec une lettre minuscule. Les cercles grisés correspondent aux mitotypes regroupant plusieurs haplotypes qui diffèrent par l'état stœchiométrique d'un réarrangement (d'après Moison et al., 2010).

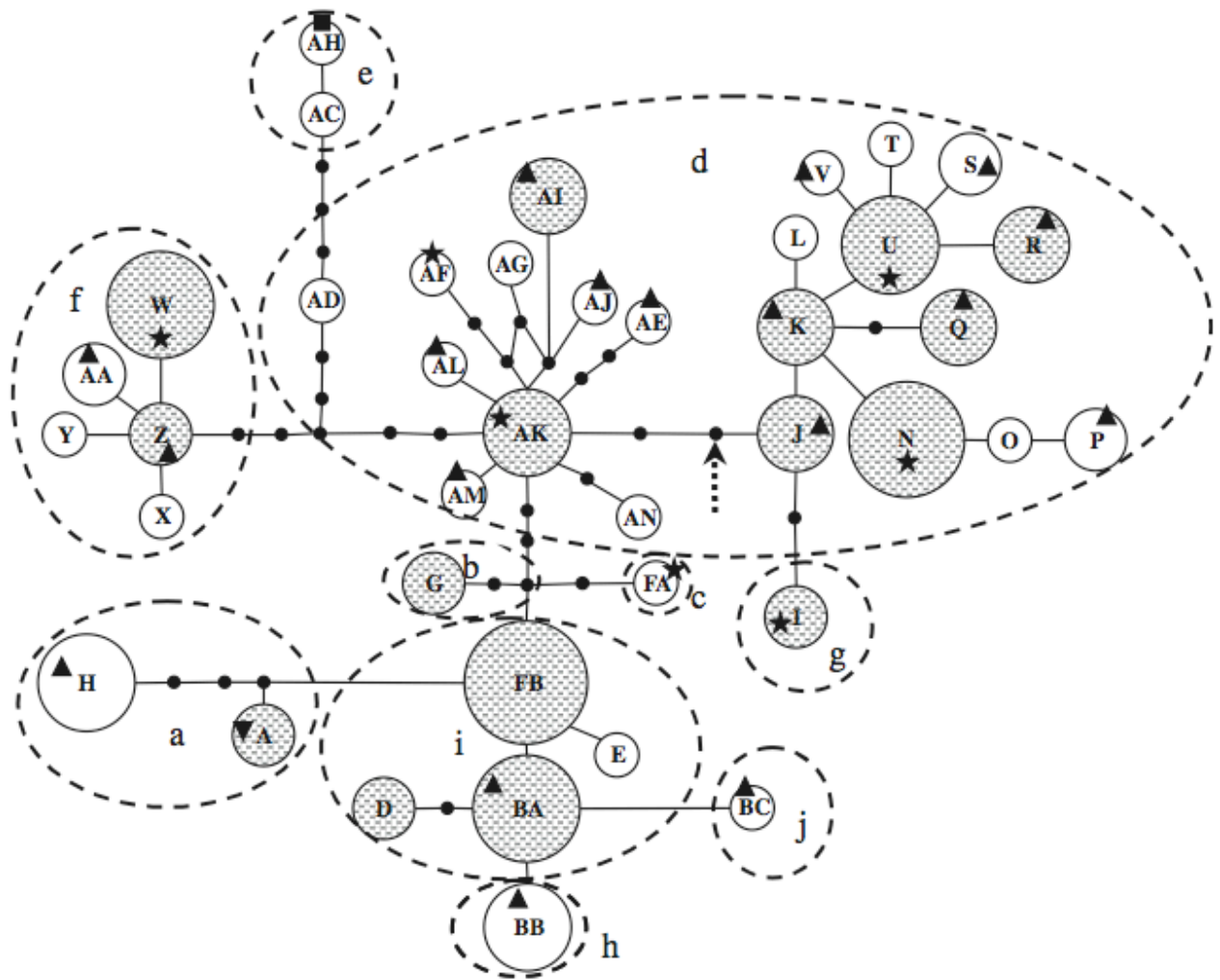


Figure A19 : phylogénie des génomes cytoplasmiques d'*A. thaliana*

La légende est la même que dans la figure 17. Chaque cytotype est nommé avec une lettre capitale qui correspond au chlorotype (sauf pour le chlorotype F, divisé en FA et FB, et le chlorotype B, divisé en BA, BB et BC). Les cercles grisés contiennent plusieurs haplotypes chloroplastiques ou mitochondriaux, selon les mêmes critères que dans les figures 17 et 18. Les cercles pointillés regroupent les cytotypes qui ont le même mitotype. Les étoiles indiquent les groupes qui contiennent au moins une accession de la petite core-collection ($n=8$) de McKhann et al. (2004). Les triangles indiquent les groupes qui contiennent au moins une accession de la grande core-collection ($n=48$) de McKhann et al. (2004). Le triangle orienté pointe vers le bas indique le groupe qui contient l'accession Col-0 (référence pour le génome chloroplastique) et le carré indique le groupe qui contient C24 (référence pour le génome mitochondrial) (d'après Moison et al., 2010).