

Chap.II Diversification des êtres vivants

I Modification du développement et diversification du vivant

7/11/2016

Excellent travail. Vous avez tenu compte des critères d'évaluation: présentation, intro, réponses structurées et doc exploités, connecteurs logiques, argumentation, vocabulaire scientifique, travail effectué dans les délais. L'ensemble est cohérent.

Documents page 40-41

Au cours de l'évolution des êtres vivants de nombreuses espèces sont apparues. Cette diversité des êtres vivants est permise grâce à divers mécanismes, notamment une modification dans le fonctionnement des gènes de développement. Nous allons étudier ces modifications avec pour exemple les gènes Bmp4 et HoxD13 pour comprendre leur impact sur la diversification du monde vivant.

Question 1 : Montrez que le gène Hox D13 a un rôle clé dans le développement des doigts.

Etude des documents 1 et 2 :

Les gènes Hox sont des gènes de développement*, c'est à dire qu'ils jouent un rôle important dans la formation d'organes lors du développement de l'embryon. Ils ont donc un rôle clé dans la formation de la région où ils s'expriment. (doc 1)

A partir de l'observation du document 2, on peut voir qu'une mutation du gène Hox D13 a pour conséquences des malformations des doigts sur la main d'un homme.

Interprétation :

Les gènes Hox s'exprimant dans une région donnée de l'embryon déterminent donc l'organe qu'ils vont former. Grâce au document 2, on peut supposer que le gène Hox D13 semble donc avoir un rôle clé dans le développement des doigts.

Question 2 : Formulez une hypothèse afin d'expliquer pourquoi le poisson zèbre n'a pas de doigts alors qu'il possède le gène Hox D13

Etude des documents 3 et 4:

Sur le document 3 on remarque que les séquences codantes pour le gène Hox D13 du poisson zèbre et pour le gène Hox D13 de l'homme sont voisines. Ces deux séquences sont donc homologues*. Cette homologie indique un gène ancestral commun. En effet sur le doc.3, on compare les protéines codées par ces gènes. On observe que les séquences en acides aminés sont très semblables (ressemblance à 55%). On en déduit alors que les gènes qui codent ces protéines sont également très semblables: les séquences codantes pour le gène Hox D13 du poisson zèbre et pour le gène Hox D13 de l'homme sont voisines. Ces deux séquences sont donc homologues*. Cette homologie indique un gène ancestral commun.

Sur le document 4, on remarque que la région du bourgeon du membre et la chronologie de l'expression du gène Hox D13 n'est pas la même chez le poisson zèbre et la souris.

Le gène Hox D13 s'exprime uniquement dans la partie postérieure du bourgeon chez le poisson zèbre tandis qu'il s'exprime dans la partie postérieure puis la partie avant du bourgeon chez la souris. **Noter clairement que la phase 2 est obtenue en 4 heures chez le poisson-zèbre alors qu'il faut 2 jours pour la souris: le bourgeon chez l'embryon de souris s'allonge donc moins vite.**

Cela aboutit à une différence au niveau des membres postérieurs du nouveau-né : le poisson zèbre possède des nageoires tandis que la souris possède des doigts.

Interprétation :

Bien que le gène Hox D13, que ce soit chez le poisson zèbre ou la souris, contribue à la formation des membres antérieurs ou postérieurs, il est possible que la région et la chronologie **d'expression d'un gène** influence la formation des membres dont il détermine la mise en place.

Le poisson zèbre n'aurait donc pas de doigts bien qu'il possède le gène Hox D13 car ce gène n'est pas le seul élément nécessaire pour avoir des doigts. Le fait d'avoir des doigts dépend aussi du lieu où s'exprime le gène et de la chronologie de l'expression de ce gène.

Question 3 : Proposez une hypothèse expliquant la différence de forme de bec chez les deux espèces de pinsons.

Etude document 5 :

Expliquer rapidement le principe de l'expérience: on cherche à analyser l'expression du gène Bmp4 en détectant la présence de l'ARNm transcrit par ce gène. L'ARNm est détecté grâce à une coloration noire.

On observe que la coloration est plus présente dans la coupe de tissu du pinson à gros bec que dans celle du pinson à bec moyen après 25h de développement. Le gène Bmp4 (gène de développement) a donc une expression plus intense chez le pinson à gros bec que celui au bec moyen. La localisation et la coloration de l'ARN messager de l'expression du gène Bmp4 se précisent davantage après 29h de développement et la coloration noire est bien plus intense chez l'embryon de pinson à gros bec.

Interprétation :

Les coupes de tissus sont prises dans la région de l'embryon à l'origine du développement du bec. De plus, on sait qu'à l'âge adulte, les deux espèces ont un bec de taille différente. On peut donc émettre l'hypothèse que le gène Bmp4 est le gène de développement du bec qui s'exprime différemment selon l'espèce, ce qui entraîne une différence de forme de bec. De plus, **on peut émettre l'hypothèse que l'intensité de l'expression du gène Bmp4 est donc plus importante chez l'embryon du pinson à gros bec que chez celui du pinson à bec moyen.**

Question 4 : éprouvez votre hypothèse

Etude document 6 :

On observe sur le document 6, trois tête d'embryons de poulet photographiés au dixième jour après la fécondation représentant chacun une expression différente du gène Bmp4. Des chercheurs ont modifié l'expression du gène Bmp4 chez certains embryons de poulet.

Pour une expression normale du gène Bmp4, la largeur, l'épaisseur et la largeur de la pointe du bec de l'embryon sont considérées comme normale. Il s'agit donc ici d'un témoin.

Pour une surexpression du gène Bmp4, la largeur, l'épaisseur et la largeur de la pointe du bec se trouvent supérieures à la normale.

Pour une sous-expression du gène Bmp4, la largeur, l'épaisseur et la largeur de la pointe du bec se trouvent inférieures à la normale.

Interprétation :

On peut donc confirmer que la taille du bec dépend de l'intensité de l'expression du gène Bmp4 chez l'embryon, au niveau de la future région du bec.

L'hypothèse est donc confirmée.

Question 5 : Conclusion.

Les gènes de développement sont présents chez tous les êtres vivants et ils jouent un rôle important lors du développement de l'embryon. Néanmoins, il y a deux exemples de la modification de l'expression de ces gènes :

- Par exemple, le gène Hox D13 est présent chez les poissons-zèbres et les mammifères. Dans les deux cas, il va permettre la formation des membres antérieurs de l'espèce. Cependant, le poisson a des nageoires tandis que la souris a des pattes... Cela prouve que le gène s'exprime différemment. En effet, on s'aperçoit que la région et la chronologie d'expression du gène changent d'une espèce à l'autre, ce qui est à l'origine de la formation de membres différents.
- De plus, le gène Bmp4 est présent chez les deux espèces de pinsons (à gros bec et à bec moyen). Cependant, on remarque très vite une différence d'intensité et de localisation de l'expression du gène : là où le gène est davantage exprimé, le développement du bec est plus important chez le pinson (donnant donc l'espèce pinson à gros bec). On peut donc en conclure que le gène Bmp4 participe à la formation du bec, et que son niveau d'intensité et de localisation participe à la variation de sa taille.

A travers ses deux exemples, on remarque donc qu'un même gène présent chez deux espèces peut causer des différences de développement d'une caractéristique (taille de bec ou membres) à cause d'une chronologie, d'une localisation ou d'une intensité de l'expression du gène différente. Cela participe donc à la diversification du monde du vivant.

LEXIQUE :

Gène de développement : gène jouant un rôle important dans la mise en place d'organes au cours du développement de l'embryon.

Plan d'organisation : disposition relative des différentes parties du corps et organes chez un être vivant.

Gène Hox : gène de développement intervenant dans la mise en place de l'axe antéro-postérieur des animaux. Ces gènes sont retrouvés chez de nombreux animaux, où ils ont des fonctionnements proches. La séquence de ces gènes est très fortement conservée.

Gène homologue : se dit d'une séquence d'ADN ou d'un gène d'une espèce donnée présentant des similitudes de séquences nucléotidiques avec un autre gène/séquence d'une autre espèce. Les gènes homologues proviennent d'un gène ancestral commun.