

Exercice 6 p 60– L'évolution des hormones hypophysaires

Eléments de correction :

Remarque : Beaucoup des documents sont redondants, le même sujet aurait pu être posé avec moins de ressources, le document b par exemple aurait pu être retiré.

Introduction : on s'intéresse à l'histoire évolutive de 3 hormones, la vasotocine (AVT), l'ocytocine (OT), et l'hormone antidiurétique (ADH), toutes 3 fabriquées par l'hypophyse postérieure. Nous montrerons qu'elles appartiennent à une même famille multigénique, et que ces familles permettent de complexifier les génomes et contribuent donc à l'évolution des espèces.

Similitudes/différences entre les 3 hormones/gènes :

	Similitudes	Différences
Doc e	- Point commun sur la localisation des gènes : sur un même chromosome	
Doc f	- 3 petits gènes de même taille (27nt, 9 acides aminés) - forte identité de séquences entre les 3 gènes Connaissance : origine commune (existence d'un gène ancestral)	- il existe des mutations entre les 3 gènes, de type substitution, pas de décalage du cadre de lecture - Ces mutations modifient la séquence protéique des gènes
Doc e	- les mutations observées dans le doc f n'affectent peu la formule semi-développée de la molécule. Je peux supposer que la forme 3D est proche, et que le mode d'action de la molécule aussi.	- les différences observées peuvent expliquer une spécificité pour les récepteurs de ces 3 hormones
Doc a	- Les 3 molécules sont des hormones produites par le même organe - AVT/OT : régulent la contraction de muscles - AVT/ADH : interviennent sur des flux d'eau et/ou ions -> similitudes fonctionnelles.	- Elles n'agissent pas sur les mêmes tissus-cibles, et n'ont donc pas les mêmes effets.

Ces similitude laissent à penser qu'il s'agit d'une famille multigénique, c'est-à-dire que les 3 gènes sont issus du même gène ancestral qui a été dupliqué. Les copies ont ensuite accumulé des mutations et se sont spécialisées.

Reconstitution de l'histoire évolutive de la famille :

Doc c	Obtention d'une duplication de gène par un crossing-over inégal se déroulant en prophase 1 de méiose : échange de parties de chromatides non-homologues . Mise en relation : ce mécanisme s'est produit au moins 2 fois en 420 Ma pour expliquer l'existence de 3 gènes si proches.
Doc d	Duplication et histoire évolutive des vertébrés. On regarde l'apparition de chaque gène sur un arbre phylogénétique de certains vertébrés. Chez l'ancêtre commun de ces espèces, seul le gène AVT existait. Ensuite le gène OT, issu

	<p>d'une duplication est apparu (ou n'a été conservé) que chez l'ancêtre commun aux mammifères et dipneuste/amphibiens/sauropsides. Toutes ces espèces possèdent donc deux gènes : OT et AVT.</p> <p>Enfin, une seconde duplication a permis l'apparition (ou le maintien) du gène ADH uniquement dans la branche des mammifères. Ce sont donc les seuls à avoir les 3 gènes.</p>
Doc d/b	<p>Datation des événements :</p> <p>L'âge des fossiles les plus anciens permet de connaître l'âge minimum du dernier ancêtre commun localisé sur les croisements de branches de l'arbre, et de ce fait donner un encadrement sur l'âge supposé des duplications. Les données sont récapitulées sur le doc b qui reprend l'histoire de la famille multigénique chez les mammifères.</p>

En résumé :

Les 3 hormones hypophysaires présentes chez les mammifères font partie d'une famille multigénique. Elles sont issues de 2 duplications successives. Ces duplications ne se sont pas produites au même moment, ce qui explique pourquoi tous les vertébrés ne possèdent pas ces 3 hormones. On est bien dans le cas de complexification du génome par ajout de copies supplémentaires de gènes.

Les copies du gène ont accumulé des mutations indépendantes, qui ont permis une modification de leur séquence protéique. Elles ont pu acquérir des fonctions différentes. Ces nouvelles fonctions participent activement à la diversification des espèces. En effet, le gène OT devient primordial pour permettre l'expulsion et l'allaitement des descendants, ces spécificités de la reproduction caractérisent par ailleurs le groupe des mammifères.

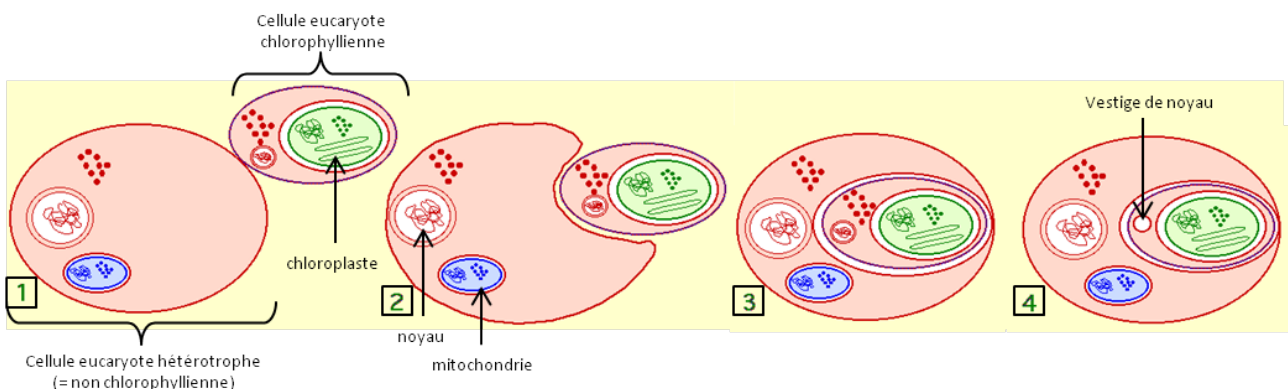
(Remarque l'OT existe aussi chez le dipneuste, mais il n'assure pas la même fonction)

Exercice 2 p 74 – un cas d'endosymbiose secondaire

Q1 – La cellule eucaryote possède des chromosomes protégés dans un noyau, ainsi que des organites : mitochondries, et pour certaines cellules chlorophyllienne des végétaux les chloroplastes. Sur ce schéma je remarque l'absence de mitochondries ; mais elles existent sûrement mais n'ont pas été représentées.

Q2 –J'observe en bas, une double membrane qui contient non seulement deux chloroplastes, mais aussi un vestige de noyau. J'en déduis qu'il s'agit de l'endosymbiose non pas d'une bactérie photosynthétique seule, mais plutôt d'une cellule eucaryote chlorophyllienne. Cette algue n'a pas été digérée et survit dans la vésicule d'endosymbiose. Son génome régresse du fait de la symbiose avec son hôte, et du transfert de gènes vers le noyau.

Le chloroplaste localisé en haut sur la photo peut appartenir à la même algue (plan de coupe 2D qui ne reflète pas forcément la 3D).



Nématodes phytophage et paroi végétale**CORRIGE**

Introduction : Certains nématodes, contrairement à la plupart des animaux sont capable de digérer la paroi des végétaux. On cherche à comprendre quelle est l'origine de cette capacité.

Doc 2 : La digestion de la paroi végétale nécessite un bagage enzymatique particulier. Il existe plusieurs enzymes spécifiques de cette paroi, dont les polygalacturonases.

Doc 3 : Un arbre phylogénétique des nématodes est effectué. Il représente l'histoire évolutive de ce groupe. Les nématodes phytophages ont été identifiés. Je remarque que les espèces phytophages ne sont pas issues d'un unique ancêtre commun exclusif : elles ne sont pas regroupées dans l'arbre. Il s'agit donc d'acquisitions indépendantes (au moins 3). L'apparition par mutation de ces gènes est peu probable, nous pouvons envisager des transferts horizontaux de gènes à partir d'enzymes fonctionnelles provenant d'autres espèces.

Doc 4 : Un arbre phylogénétique a été constitué à partir de la séquence des gènes des polygalacturonases, enzyme capable de dégrader les pectines des cellules végétales (Doc 2). On peut remarquer que les gènes retrouvés chez les nématodes phytophages sont les plus apparentés au gène présent chez la bactérie *Ralstonia solanacearum*. La phylogénie obtenue à partir de ce gène est contradictoire avec celle des espèces. Je peux donc supposer qu'il y a eu un transfert horizontal de gène entre ces bactéries et les nématodes phytophages. Ces bactéries vivant dans le sol, elles partagent le même milieu de vie, les contacts entre les espèces sont facilités. Sachant que les nématodes sont bactériophages (introduction), il est même possible que ce transfert ait été facilité par l'ingestion des bactéries par les vers.

Conclusion : la capacité de certains nématodes à digérer les végétaux s'explique par des transferts de gènes (au moins celui de polygalacturonases) de bactéries telles que *Ralstonia solanacearum* vers leur génome nucléaire. 3 transferts indépendants de son type se sont produits.

Des organismes en poupée russe**Bordas**

Doc 1 : La cochenille est un parasite qui se nourrit exclusivement de la sève élaborée des végétaux. Elles libèrent un miellat sur les feuilles favorisant le développement de champignons qui ralentit la croissance des végétaux.

Doc 2 : Je remarque sur la photographie obtenue en microscopie électronique que le cytoplasme du bactériocyte de la cochenille contient des bactéries de grande taille *Tremblaya princeps* qui elles-mêmes contiennent des bactéries *Moranella Endobia*.

L'acquisition d'une bactérie endosymbiote à l'intérieur d'une bactérie endosymbiote préexistante correspond à la dernière étape du scénario décrit dans le document 4, et justifie le titre de l'exercice de « poupée russe ».

Doc 3 : La cochenille ne trouve pas tous les acides aminés et vitamines dont elle a besoin dans la sève élaborée de ses proies. Il est nécessaire qu'elle en synthétise certains, c'est le cas du tryptophane, de la phénylalanine, ou encore de la vitamine B2. Ce document s'intéresse aux chaînes de biosynthèse de ces éléments, et plus particulièrement de l'origine des gènes impliqués dans cette synthèse.

- Pour la phénylalanine et le tryptophane, les gènes impliqués proviennent minoritairement du génome de l'insecte, mais surtout des génomes des bactéries *Tremblaya* et *Moranella*. En échange de leur « hébergement » (voir doc 2) ces bactéries apportent donc le bagage enzymatique nécessaire à la synthèse d'éléments essentiels. Il s'agit donc bien d'une association à bénéfice réciproque, endosymbiose représentée dans le document 4.

- Pour la Vitamine B2 : je remarque que les gènes codant pour les enzymes nécessaires proviennent de la bactérie *Moranella*, mais aussi de gènes de protéobactéries intégrés dans le génome de la cochenille. Il s'agit donc de **transferts horizontaux** de gènes de ces protéobactéries vers le génome nucléaire de l'insecte, événement décrit au début du document 4. Ceci est confirmé avec la partie D du document montrant l'origine de certains gènes nucléaires de la cochenille.

Conclusion : De part des transferts horizontaux ainsi que des endosymbioses de bactéries, la cochenille parvient à compléter les chaînes des biosynthèses d'éléments qu'elle serait incapable de produire seule. Cet exemple confirme que transferts de gènes, comme endosymbioses sont des mécanismes essentiels pour comprendre l'évolution et la diversification.