

Correction du Bac blanc de Sciences de la Vie et de la Terre

Exercice 1 : Divisions cellulaires et diversité génétique

La diversité génétique est importante pour assurer la pérennité des espèces. La méiose et la mitose, sont sources de diversité.

Comment participent-elles à la diversité des êtres vivants ?

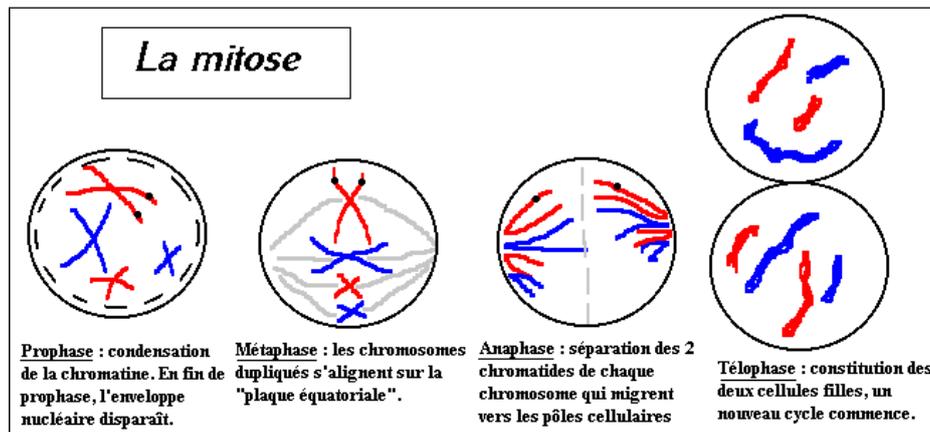
Nous étudierons dans un premier temps la mitose et son rôle dans la diversité des individus puis nous nous intéresserons à la méiose et aux brassages génétiques qu'elle produit.

I – La mitose, source de diversité

1 – Le déroulement de la mitose

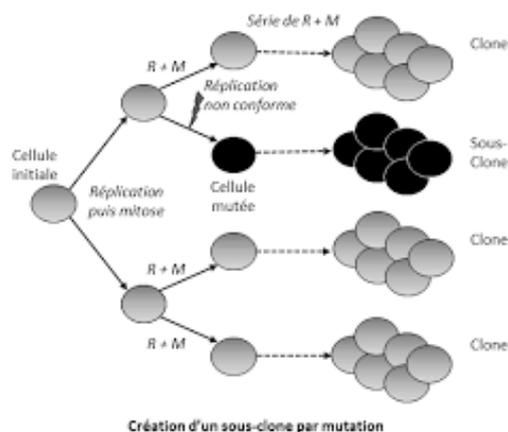
Lors d'une mitose, deux cellules filles sont produites à partir d'une cellule mère. Dans le cas d'une mitose normale les deux cellules filles possèdent chacune le même patrimoine génétique que leur cellule mère.

La mitose se compose de 4 étapes précédées d'une réplication de l'ADN : Prophase, métaphase, anaphase et télophase.



2 – Des sous-clones à l'origine de la diversité génétique

La succession de réplifications et de mitoses produit donc un clone, c'est-à-dire un ensemble de cellules, toutes génétiquement identiques, aux mutations près. En effet, des erreurs lors de la réplication peuvent se produire et conduire à des cellules filles dont le patrimoine génétique diffère. Ces cellules forment alors un sous-clone.



Nous remarquons alors une diversité génétique apparaitre entre les clones et sous-clones.

Nous venons de montrer que la mitose peut être source de diversité chez les êtres vivants. Intéressons-nous maintenant à la méiose.

II – La méiose, source de diversité génétique

1 – Le déroulement de la méiose

La méiose permet la formation des gamètes. Elle correspond à la succession de deux divisions cellulaires précédées comme toute division d'un doublement de la quantité d'ADN (réplication).

- La première division (réductionnelle) et la séparation des chromosomes homologues : Au cours de la prophase I, les chromosomes homologues de chaque paire, formés de deux chromatides s'apparient ; il y a formation de bivalents. A la métaphase I, les deux chromosomes de chaque paire se répartissent de part et d'autre du plan équatorial. A l'anaphase I, l'un des chromosomes d'une paire va vers un pôle et l'autre vers l'autre pôle, indépendamment du comportement des chromosomes des autres paires. Chaque cellule fille n'hérite donc que d'un seul chromosome de chaque paire, toujours formé de deux chromatides. La cellule entrant en méiose était diploïde. Les deux cellules formées en télophase I sont ainsi haploïdes.
- La deuxième division (équationnelle) et la séparation des chromatides Au cours de la deuxième division de la méiose, il y a séparation des deux chromatides de chaque chromosome double. Les quatre cellules formées (qui donneront les gamètes) héritent donc, pour chaque paire d'un chromosome simple à une chromatide. Ce sont des cellules haploïdes.

LES ETAPES DE LA MEIOSE					
Clichés de méiose chez le lys (2n = 24)	Schémas explicatifs (2n = 4)	Caractéristiques	Clichés de méiose chez le lys (2n = 24)	Schémas explicatifs (2n = 4)	Caractéristiques
		PROPHASE I -appariement des chromosomes homologues formant n bivalents (=tétrades de chromatides). -présence de chiasmata (croisement entre chromatides homologues)			PROPHASE II -individualisation des n chromosomes (comme pour une mitose)
		METAPHASE I -bivalents placés au niveau du plan équatorial, les centromères disposés de part et d'autre de ce plan. -disposition aléatoire des chromosomes d'origine maternelle ou paternelle, indépendante entre chaque bivalent.			METAPHASE II -n chromosomes placés au niveau du plan équatorial avec les centromères disposés sur ce plan (plaque équatoriale comme en mitose).
		ANAPHASE I -séparation (disjonction) des chromosomes homologues qui migrent vers les pôles opposés. Il y a donc REDUCTION CHROMATIQUE soit passage de 2n à n pour chaque future cellule fille.			ANAPHASE II -séparation (disjonction) des chromatides sœurs qui migrent vers les pôles opposés (migration polaire après duplication des centromères comme en mitose).
		TELOPHASE I -reconstitution du noyau des cellules filles haploïdes contenant n chromosomes à 2 chromatides chacun. -séparation des 2 cellules filles. Absence d'interphase : pas de phase S (synthèse ADN)			TELOPHASE II -reconstitution du noyau des cellules filles haploïdes contenant n chromosomes à 1 chromatide chacun. -séparation des 2 x 2 cellules filles haploïdes à n chromosomes à 1 chromatide.

En quoi la méiose est source de diversité génétique ?

2 – Les brassages lors de la méiose

Nous étudierons une cellule $2n=4$, et la transmission de 3 gènes hétérozygotes et de 2 paires de chromosomes : 2 gènes A et B liés, c'est-à-dire portés par la même paire de chromosomes homologues, et un 3ème gène E indépendant, porté par une autre paire de chromosomes. Chaque gène est présent sous 2 formes alléliques dans la cellule mère des gamètes.

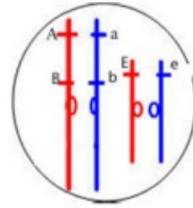
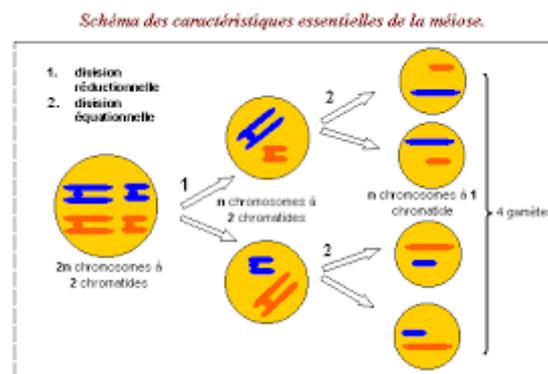


Schéma : caryotype ($2n=4$) de la cellule mère des gamètes avant répllication

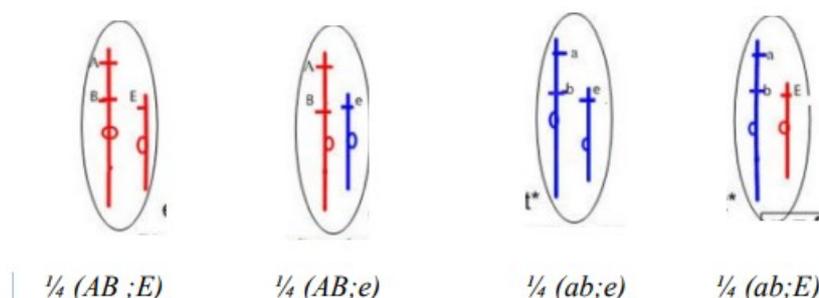
A - Brassage interchromosomique lors de l'anaphase I.

On supposera dans ce paragraphe que les crossing-over n'ont pas eu lieu entre les gènes A et B liés. En anaphase I, lors de la disjonction des chromosomes, les deux chromosomes homologues de chaque paire se séparent. Chaque chromosome migre vers l'un ou l'autre pôle de la cellule. C'est un phénomène aléatoire et le nombre de combinaisons ou lots possibles entre les n paires est infini : ainsi le chromosome d'une paire peut être associé avec l'un ou l'autre chromosome d'une deuxième paire ; ceci est valable pour les n paires. Un tel brassage est qualifié d'interchromosomique. Les différents chromosomes se séparent donc indépendamment les uns des autres.



Le nombre de combinaisons possibles est de : 2^n . Dans le cas de l'espèce humaine, $n = 23$, donc un individu peut produire 2^{23} spermatozoïdes ou ovules différents (soit plus de 8 millions de spermatozoïdes ou d'ovules différents). → Un individu hétérozygote, pour 2 gènes situés sur 2 paires de chromosomes différents (on parle de gènes indépendants) produira 4 types de gamètes en quantité équiprobable. → Les individus F2BC issus de la méiose et de la fécondation auront 4 phénotypes équiprobables qui reflètent les 4 gamètes équiprobables produits par le parent F1.

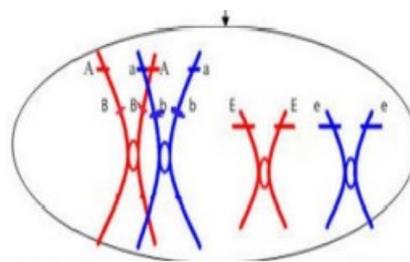
A partir d'une cellule à $2n = 4$ chromosomes on peut obtenir 4 gamètes équiprobables



Mais ce nombre de possibilités est encore sous-évalué car un autre phénomène intervient : Le brassage intrachromosomique.

B- Brassage intrachromosomique lors de prophase 1

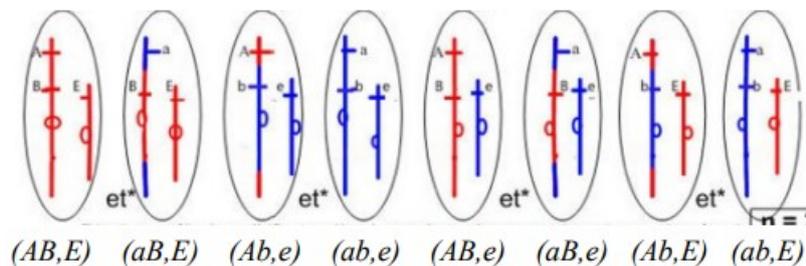
Ce type de brassage ne peut intervenir que lorsque 2 gènes sont liés ici les gènes de A et B. La photographie fournie de chromosomes réalisée dans des cellules de testicules lors de la prophase de première division de méiose montre que lors de l'appariement des chromosomes, on observe des figures en X, appelés chiasma, au niveau desquelles les chromatides s'enchevêtrent. Des portions de chromatides peuvent alors s'échanger d'un chromosome à l'autre : c'est le crossing-over à l'origine de chromosomes remaniés. De nouvelles combinaisons d'allèles apparaissent sur les chromatides remaniés. On parle de brassage intrachromosomique.



Cellule mère des gamètes en prophase de 1ère division de méiose.

On obtient cette fois 8 gamètes différents (non équiprobables car la probabilité de crossing-over dépend de la distance séparant les gènes), voici leurs génotypes :

- 4 gamètes de type parental majoritaires : (AB,E) ; (AB,e) ; (ab,e) ; (ab,E) ;
- 4 gamètes recombinés minoritaires : (aB,E) ; (aB,e) ; (Ab,e) ; (Ab, E)



Conclusion

La mitose du fait de l'existence de mutations et la méiose, grâce au brassages inter et intrachromosomiques sont deux divisions sources de diversité génétique chez les êtres vivants. D'autres mécanismes sont également source de diversité : la fécondation, les accidents chromosomiques...

Exercice 2 : La féminisation des cloportes

Dans les populations munies d'une reproduction sexuée, le rapport entre le nombre de mâles et le nombre de femelles est égale à 1 s'il y a autant de mâles que de femelles.

Dans diverses populations, le rapport n'est pas égal à 1, comme chez de nombreuses populations de cloportes.

Quels mécanismes expliquent la plus forte proportion de femelles que de mâles dans ces populations de ces crustacés ? Pour répondre à cette question, nous caractériserons l'équipement chromosomique des cloportes en fonction de leur sexe, puis nous analyserons différents types de croisements chez les cloportes, afin de comprendre comment s'effectue la détermination du sexe dans ces populations.

I- Déterminisme chromosomique du sexe des cloportes

Le doc 1 présente les formules chromosomiques des cloportes mâles et des cloportes femelles dans les populations de cloportes avec autant de mâles que de femelles.

→ Leur caryotype comporte 26 paires d'autosomes et une paire de chromosomes sexuels : ZZ chez les mâles et ZW chez les femelles → *déterminisme chromosomique du sexe*

Le doc 3 présente différents croisements de cloportes mâles et femelles.

On croise des mâles ZZ et des femelles ZW.

Nos connaissances sur la méiose montrent que :

- les mâles ZZ ne produisent, lors de la méiose, que des gamètes Z
- les femelles ZW produisent des gamètes Z ou W
- la fécondation aboutit à une descendance avec une proportion équivalente de femelles ZW et de mâles ZZ

→ Le déterminisme chromosomique du sexe explique qu'il existe autant de mâles que de femelles dans certaines populations de cloportes, mais ne permet pas de justifier la surreprésentation des femelles dans d'autres populations de cloportes.

Comment expliquer le sexe-ratio différent de 1 dans certaines populations de cloportes ?

II- Déterminisme cytoplasmique du sexe

Le doc 2 présente les résultats d'études montrant la présence de bactéries *Wolbachia* dans les cellules de tous les organes du cloporte, y compris les organes reproducteurs.

C'est donc **une bactérie endosymbiotique !**

Les photographies de MET montrent la présence de bactéries, dans les ovules, qui s'y maintiennent après la fécondation dans l'embryon.

À l'inverse, les spermatozoïdes, ne transmettent pas les bactéries lors de la fécondation.

Quelles sont les conséquences sur le sexe de l'embryon de la présence de la bactérie ?

D'après le doc 3, le croisement entre des mâles ZZ sans *Wolbachia* et des femelles ZW porteuses de *Wolbachia* → une population contenant 95 % de femelles et 5 % de mâles.

- Les mâles ZZ ne produisent que des gamètes contenant le chromosome Z et sans bactérie

Sachant que le taux de transmission lors de la fécondation de *Wolbachia* de l'ovule à l'embryon est 90 %, Les femelles ZW porteuses forment :

- 45 % de gamètes pourvus de la bactérie avec le Z,
- 45 % de gamètes pourvus de bactérie avec le W.
- 10 % de gamètes dépourvus de *Wolbachia*, dont la moitié avec Z et l'autre avec W

Échiquier du croisement mâles ZZ x femelles ZW porteuses de *Wolbachia*

Gamètes mâles \ Gamètes femelles	Z (100 %)	
Z (45 %) porteuse de <i>Wolbachia</i>	ZZ (45 %) porteuse de <i>Wolbachia</i>	femelle (95 %)
W (45 %) porteuse de <i>Wolbachia</i>	ZW (45 %) porteuse de <i>Wolbachia</i>	
Z (5 %)	ZZ (5 %)	
W (5 %)	ZW (5 %) mâle	

Ainsi, ce croisement aboutit à une grande majorité de descendants femelles, dont presque la moitié ont les chromosomes sexuels mâles ZZ et sont porteuses

de la bactérie *Wolbachia*.

→ La présence de bactéries dans les embryons normalement mâles, c'est-à-dire ZZ, entraîne donc la féminisation de ces embryons.

Le croisement entre des mâles ZZ dépourvus de bactéries et des femelles ZZ porteuses aboutit également à une surreprésentation des femelles

Comment expliquer alors que la présence de cette bactérie dans les embryons ayant des chromosomes sexuels mâles ZZ entraîne leur féminisation ?

Des chercheurs ont cherché l'origine de la féminisation des cloportes ZZ dépourvus de bactérie (Doc4). Les ancêtres de ces cloportes étaient porteurs de la bactérie.

Le séquençage du génome des cloportes femelles ZZ sans *Wolbachia* montre l'existence d'une séquence codant une protéine particulière : le facteur f.

Cette séquence, absente chez les cloportes mâles ZZ dépourvus de *Wolbachia*, est présente dans le génome de la bactérie *Wolbachia*.

→ Le facteur f interviendrait dans la féminisation des embryons ZZ

→ Chez les femelles ZZ dépourvues de bactérie, la séquence codant le facteur f serait héritée de leurs ancêtres ayant hébergé la bactérie.

→ Ce processus d'acquisition d'information génétique d'un organisme (ici une bactérie) par un autre organisme non apparenté (ici le cloporte) est connu sous le nom de « transfert horizontal de gènes ».

Le doc5 permet de comprendre le rôle du facteur f dans la féminisation des cloportes ZZ pourvus de *Wolbachia*.

Chez un embryon ZZ sans bactérie, l'expression de gènes portés par le chromosome Z permet la production d'un facteur masculinisant → transformation d'une glande indifférenciée en une glande androgène qui sécrète une hormone mâle qui entraîne la différenciation de la gonade embryonnaire en testicule → l'embryon ZZ est un embryon mâle.

La présence de la bactérie dans un embryon ZZ sécrète le facteur f → inhibition par le facteur f de la production du facteur masculinisant → pas de différenciation de la glande indifférenciée en une glande androgène → la gonade embryonnaire se différencie en ovaire → l'embryon ZZ porteur de *Wolbachia* devient un embryon femelle.

Bilan

Dans les populations de cloportes comportant autant de mâles que de femelles, le sexe est déterminé uniquement de manière chromosomique : ZZ pour les mâles, et ZW pour les femelles.

Mais dans de nombreuses populations de cloportes, les femelles sont plus nombreuses que les mâles.

En effet, au déterminisme chromosomique du sexe des cloportes s'ajoutent les conséquences de la présence de la bactérie *Wolbachia* endosymbiotique, responsable de l'absence de masculinisation donc la féminisation des embryons ZZ.

La bactérie transmise aux embryons lors de la fécondation des ovules porte une séquence codant le facteur f, qui entraîne la féminisation de l'embryon pourtant porteur d'un caryotype mâle.

L'endosymbiose associe les génomes des deux partenaires au sein d'une même cellule. Souvent, celui de l'endosymbiote régresse, cette régression s'accompagnant d'un transfert de gènes vers le noyau de la cellule hôte, facilité par l'extrême proximité des partenaires.

En effet, le séquençage du génome des cloportes femelles ZZ sans *Wolbachia* montre l'existence d'une séquence de *Wolbachia* codant une protéine particulière : le facteur f.

Ce transfert contribue à la complexification du génome de la cellule hôte qui se trouve enrichi de nouvelles potentialités. Cette étude est une illustration spectaculaire et originale de la façon dont les bactéries peuvent influencer des processus biologiques fondamentaux chez les animaux et, ainsi, profondément impacter leur évolution et leur biologie.