

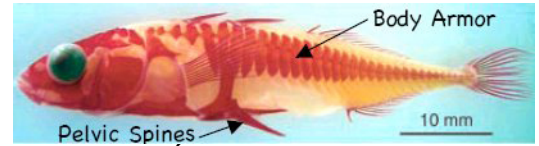
## Une différence de morphologie chez les épinoches du littoral et les épinoches des lacs canadiens

TS - Génétique et évolution - TD.4-2 - Les mécanismes de diversification des êtres vivants

Tous les textes sont extraits du dossier réalisé par N. Salamé et J-C Hervé pour le site Acces

### Présentation

En 10.000 ans environ, suite à la fonte de la calotte glaciaire qui recouvrait l'Amérique du nord, des lacs se sont mis en place et ont été peuplés par des épinoches issues des régions côtières. Aujourd'hui, on constate de nettes différences morphologiques entre les épinoches marines et les épinoches des eaux lacustres peu profondes. Les épinoches marines ont une armure de plaques osseuses sur leurs flancs alors que les épinoches lacustres en sont dépourvues. En outre les épinoches marines ont deux nageoires pelviennes épineuses bien développées alors que les lacustres ont des nageoires très réduites sans épines.



Épinoche marine



Épinoche lacustre

Cresko, W.A., et al. 2004 Parallel genetic basis for repeated evolution of armor loss in Alaskan threespine stickleback populations. *Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A.* 101:6050-6055, Fig. 4, p. 6053

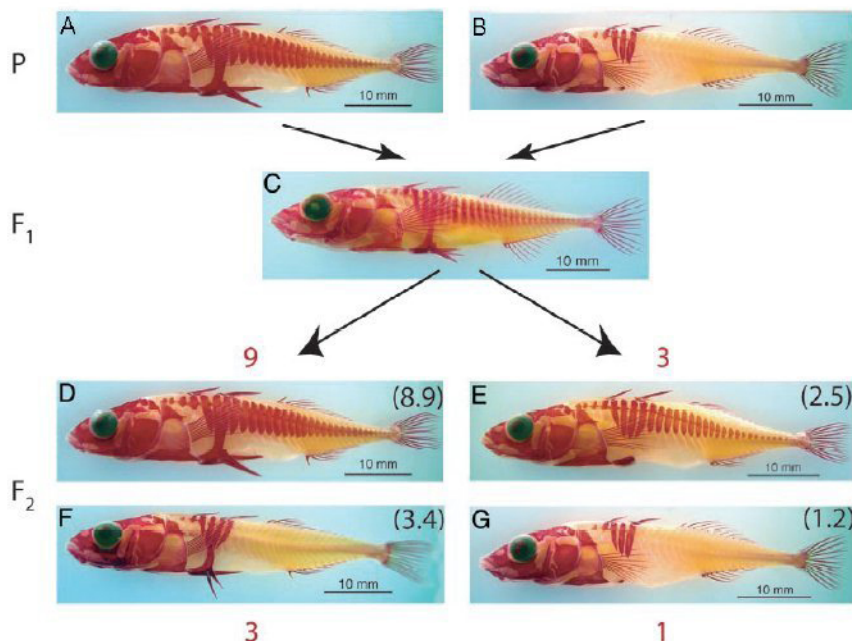
### Problème posé.

On recherche la cause de cette diversification. Plusieurs pistes sont envisagées.

À l'aide des documents mis à disposition, discuter les pistes successives envisagées et définir quelle est la piste la plus vraisemblable. Présenter une argumentation correctement étayée.

### Document 1 - Analyse génétique classique des différents phénotypes.

Croisement entre formes parentales marine et lacustre, phénotype des hybrides F<sub>1</sub> et génération F<sub>2</sub> obtenues par croisement entre hybrides F<sub>1</sub>.



## Document 2 - Recherche du gène qui commande le développement des épines pelviennes.

Poursuivant leurs recherches au niveau moléculaire, les biologistes ont isolé un gène en jeu dans le développement des épines pelviennes et l'ont appelé *Pitx1*. Les données et documents suivants permettent de tester l'hypothèse que ce gène est impliqué dans cette différence phénotypique.

On peut comparer les séquences codantes des allèles du gène PITX1 pour les épinoches marines et les épinoches lacustres (fichier disponible sur le site et traité avec les logiciels Anagene ou GenieGen).

La comparaison des séquences du gène chez les formes marines et les formes lacustres, indique qu'il n'existe aucune différence. La protéine *Pitx1* est la même.

## Document 3 - Expression du gène *Pitx1* au cours du développement des épinoches

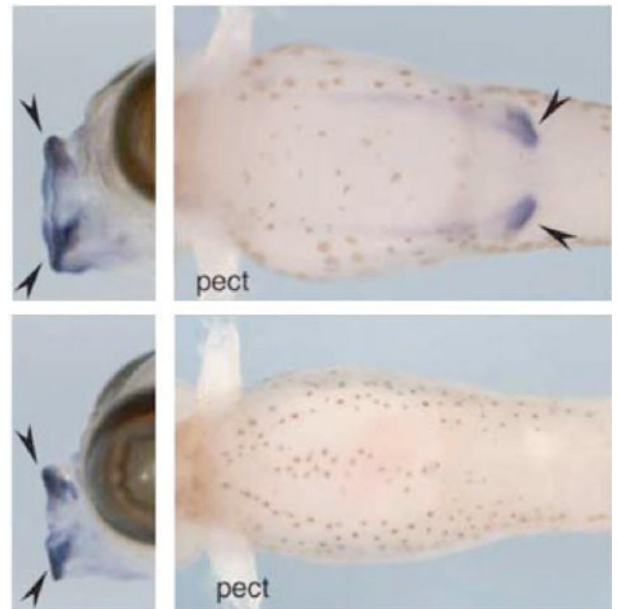
Par la méthode d'hybridation *in situ*, les biologistes ont recherché les endroits de l'organisme où on peut détecter la présence d'ARNm du gène *Pitx1* au cours du développement. Ces territoires sont colorés en bleu avec la méthode utilisée.

En haut, embryon d'épinoche marine.  
En bas embryon d'épinoche lacustre.

À gauche région de la tête grossie.

À droite la région ventrale montrant les nageoires pelviennes.

Pect = nageoire pectorale



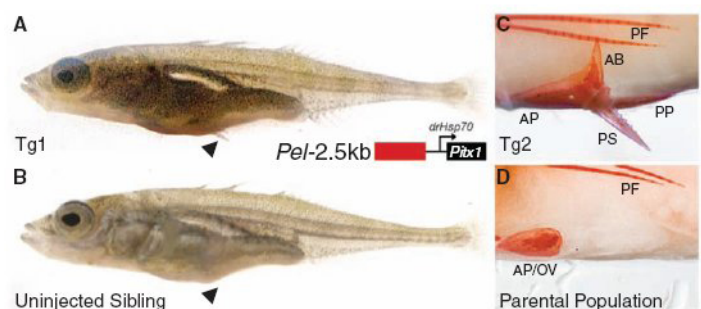
## Document 4 - Une mutation dans la séquence régulatrice du gène *Pitx1*.

La séquence régulatrice a été identifiée en 2010 et appelée « pel ». Pour détecter si des changements dans cette séquence pouvaient être à l'origine du changement morphologique, les chercheurs ont réalisé une expérience de transgénèse.

Ils ont injecté dans des œufs d'épinoches lacustres, une construction génétique comprenant la région régulatrice « pel » des épinoches marines, la région promotrice et le gène *Pitx1*.

La figure ci-après indique les résultats obtenus.

*Adaptive Evolution of Pelvic Reduction in Sticklebacks by Recurrent Deletion of a Pitx1 Enhancer. Yingguang Frank Chan et al. Science, 327, 2010, 302-305.*



A : Épinoche juvénile transgénique.

B : Épinoche juvénile lacustre.

C et D : gros plan sur la région pelvienne de ces épinoches.

Rappel - Un facteur de transcription est une protéine qui régule l'expression des gènes, soit qu'il active, soit qu'il inhibe la transcription. L'un des processus majeur de régulation est assuré par les facteurs de transcription qui se fixent directement sur l'ADN au niveau des séquences régulatrices auxquelles appartiennent les régions promotrices ou promoteurs.