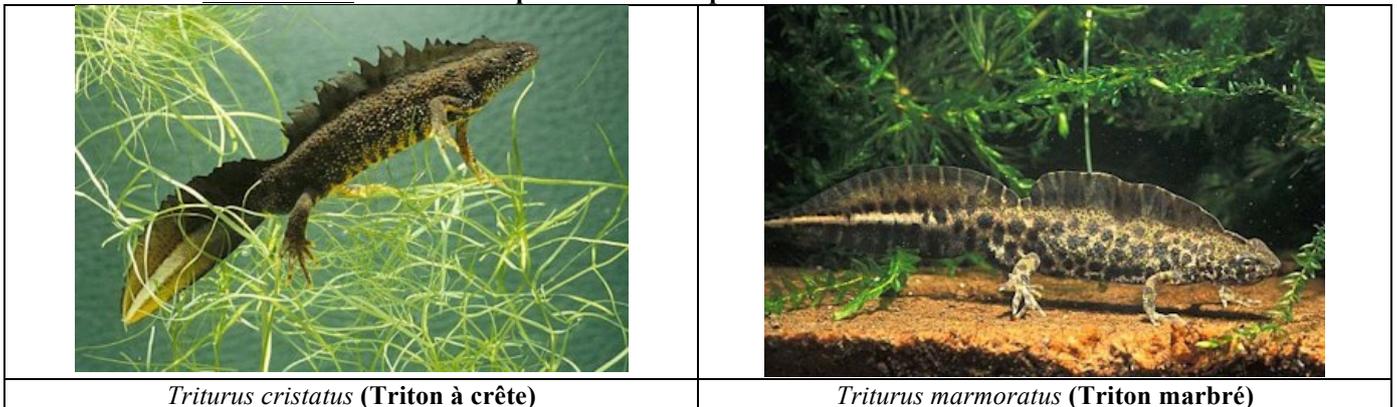


Partie II Exercice 1 - Pratique du raisonnement scientifique dans le cadre d'un problème donné.

Historiquement, Georges Cuvier (1769-1832) a défini ainsi l'espèce : « L'espèce est la collection de tous les individus issus de parents communs et de tous ceux qui leur ressemblent autant qu'ils se ressemblent entre eux ».

En utilisant cette définition et les documents ci-dessous, citez deux arguments en faveur de l'appartenance de ces deux tritons à la même espèce et deux arguments qui permettent d'en douter.

Document 1a. Deux tritons présents en Europe : *Triturus cristatus* et *Triturus marmoratus*.

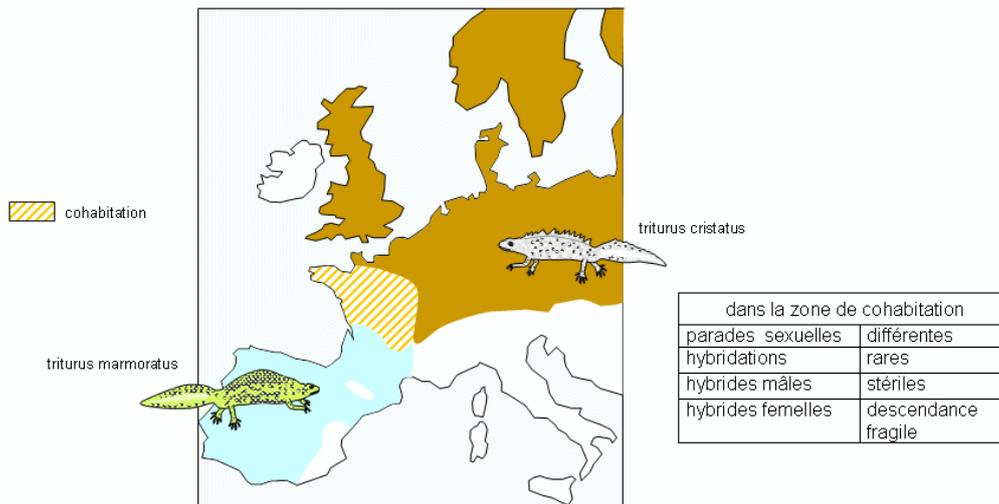


Triturus cristatus (Triton à crête)

Triturus marmoratus (Triton marbré)

Document 1b. Répartition géographique des deux populations : *Triturus cristatus* et *Triturus marmoratus*.

répartition de 2 espèces de tritons à crête
modifié d'après article de J.Généromont dans *Pour la Science* janvier 1997



2^{ème} PARTIE - Exercice 2 - Pratique d'une démarche scientifique ancrée dans des connaissances.

Diversification génétique et diversification des êtres vivants

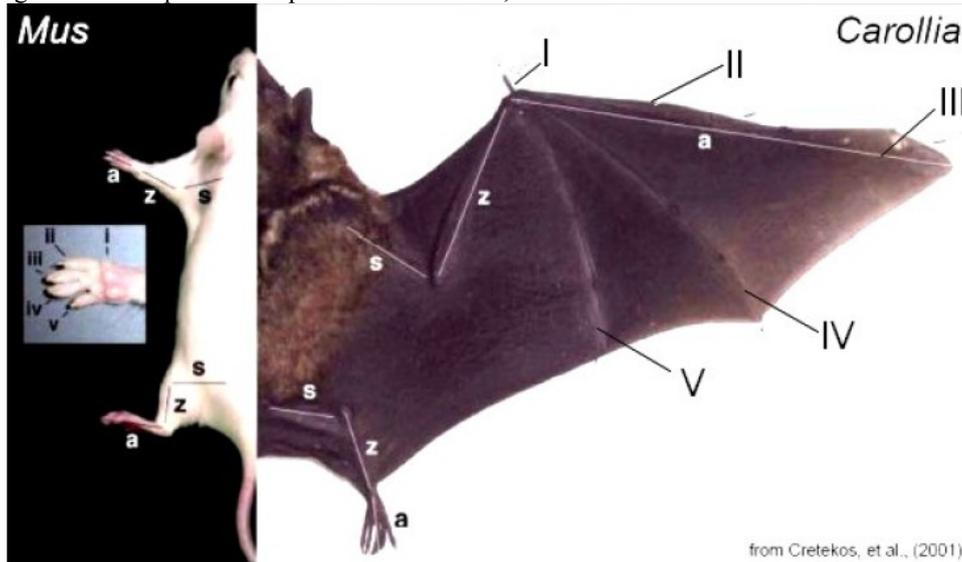
Les chauves-souris sont des Mammifères appartenant au groupe des Chiroptères ; elles présentent des membres antérieurs spécialisés (ailes) adaptés au vol.

Les premiers Chiroptères fossiles apparaissent il y a une cinquantaine de millions d'années avec d'emblée les caractéristiques des Chauves-souris actuelles. Les spécialistes s'accordent pour dire que les Chiroptères proviennent de l'évolution de formes ancestrales ayant l'aspect de mammifères quadrupèdes aux membres non spécialisés comme ceux des rats et souris actuels. Des travaux récents ont eu pour objectif de déceler **les innovations génétiques** à l'origine de l'adaptation au vol des Chauve-souris, notamment de la transformation des membres antérieurs en ailes. L'intérêt s'est porté sur les **gènes Prx1 et Bmp2** connus pour agir sur la croissance des os longs des membres au cours du développement embryonnaire.

Exploitez les documents 1 à 4 ci-dessous et mobilisez vos connaissances sur le gène et les modalités de son expression pour dégager des arguments permettant de penser que des modifications de l'expression de certains gènes de développement peuvent être à l'origine du groupe des Chiroptères.

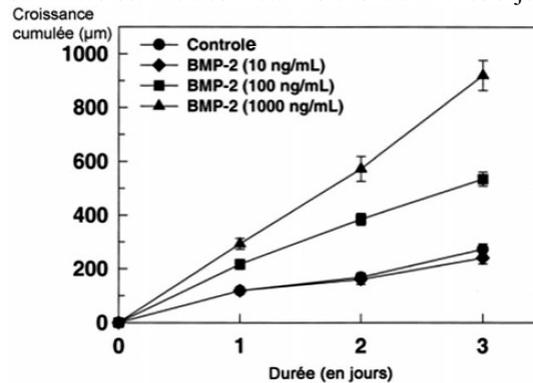
Document 1 : Comparaison de l'organisation des membres antérieurs d'une souris (*Mus musculus*) et de chauve souris (*Carollia perspicillata*)

I, II, III, IV et V correspondent aux doigts. Le doigt I correspond au pouce.
s, z et a = segments correspondant respectivement au bras, à l'avant-bras et à la main.



Doc2 : résultats expérimentaux. Effets de la protéine Bmp2 sur la croissance en longueur des métatarsiens (os du pied).

Le rôle du gène BMP2 (bone morphologic protein) dans l'ossification étant connu, on a constaté qu'il s'exprimait dans les bourgeons des membres et donc émis l'hypothèse qu'il pouvait être impliqué dans la croissance des os de la main et du pied. Pour tester cette idée, les scientifiques ont prélevé des os métatarsiens de fœtus de rats et les ont mis en culture dans un milieu contenant des concentrations variées de la protéine Bmp2. Le graphique renseigne sur la croissance des métatarsiens¹ durant les 3 jours qu'a duré l'expérience.

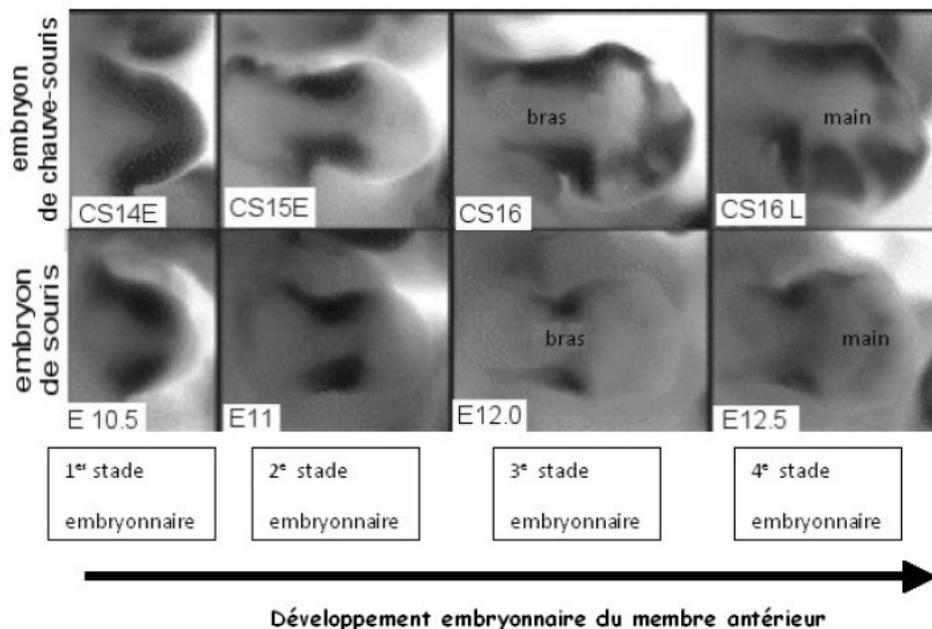


D'après Luca F et al. Endocrinology 2001 ; 142 :430-436

Document 3 : Comparaison de l'expression du gène Prx1 au cours du développement embryonnaire des membres antérieurs de la chauve-souris et de la souris.

Par la méthode d'hybridation in situ, les chercheurs ont repéré les endroits du membre où est présent l'ARN messager du gène Prx1 à divers stades de développement chez la chauve-souris (photos de la première ligne) et la souris (photos de la deuxième ligne).

Avec la technique utilisée, ces endroits sont colorés en bleu plus ou moins foncé (ici, les zones noires correspondent aux zones colorées en bleu foncé dans l'échantillon).



Document 4 : Le gène Prx1 et l’allongement des membres

Le gène Prx1 est un gène qui s’exprime au cours du développement embryonnaire au niveau du crâne, de la face et des membres de la souris.

On connaît des souris mutantes affectées par une mutation des deux allèles du gène Prx1. Ces mutations ayant pour effet de rendre non fonctionnelle la protéine codée par le gène.

Les souriceaux mutants meurent à la naissance à cause d’anomalies de la face et du crâne. Ils possèdent par ailleurs un raccourcissement significatif des 2 os de l’avant-bras.

2^{ème} PARTIE - Exercice 2 - Pratique d’une démarche scientifique ancrée dans des connaissances.

Différentes classifications possibles chez les Primates

La place de l’Homme et des chimpanzés n’a cessé d’interroger les scientifiques dès les premières classifications.

Le premier à classer l’Homme parmi les Primates, juste à côté des singes, est le suédois Carl Von Linné en 1758 qui va attribuer le nom savant d’*Homo sapiens* à l’Homme et d’*Homo troglodytes* (Homme des cavernes) au chimpanzé.

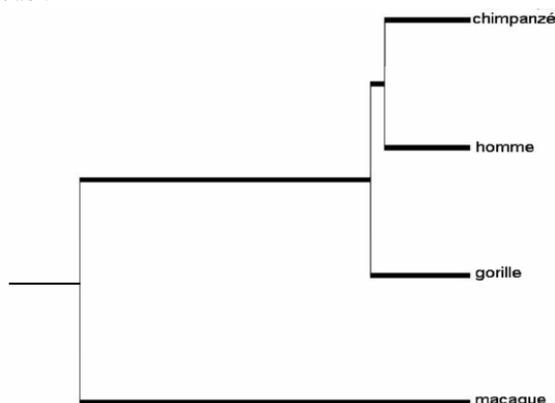
Cependant, en 1767, c’est au français Buffon que revient l’idée de placer l’homme à part, dans son dernier volume consacré aux singes. Il faudra deux siècles pour que le singe soit à nouveau classé parmi les primates avec l’Homme.

Des travaux réalisés par M. Goodman et publiés en 2003, ont été consacrés à l’étude de séquences de différentes molécules chez l’Homme et le chimpanzé. Ils ont permis à M. Goodman et ses collaborateurs d’envisager de réunir l’homme et le chimpanzé en un seul genre : *Homo*.

À partir des documents ci-dessous et de l'utilisation de vos connaissances, discuter de la proposition de M. Goodman et ses collaborateurs.

Document 1 : COX2 et arbre phylogénétique des primates

La COX2 (Cytochrome Oxydase) est une enzyme indispensable à la respiration cellulaire chez les êtres vivants. La comparaison des séquences protéiques de la COX2 pour différents primates a permis de construire l’arbre phylogénétique ci-dessous :



D’après le logiciel Phylogène.

Document 2 : Opsine bleue et phylogénie des primates

Tous les primates possèdent le gène codant l'opsine bleue, pigment rétinien des cellules à cônes de l'œil. Le tableau ci-dessous présente les différences dans les séquences protéiques de l'opsine bleue pour quelques primates :

	Homme	Gorille	Chimpanzé	Macaque
Homme	0	1	0	13
Gorille		0	1	14
Chimpanzé			0	13
Macaque				0

Document 3 :

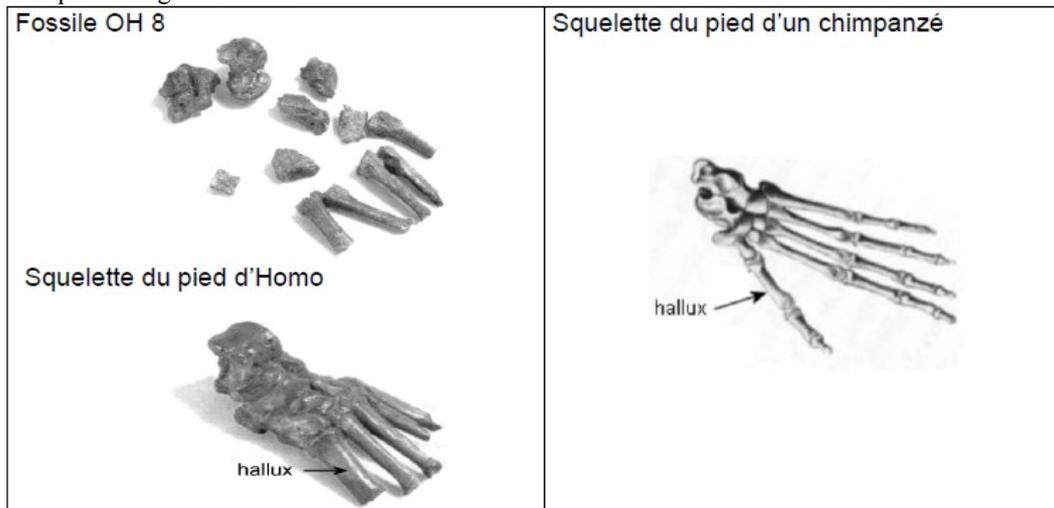
Le gène COI code pour la première sous-unité de la cytochrome oxydase. Le tableau ci-dessous présente les différences dans les séquences de nucléotides du gène COI pour quelques primates :

	Homme	Chimpanze	Gorille	Macaque
Homme	0	65	68	117
Chimpanze		0	64	121
Gorille			0	116
Macaque				0

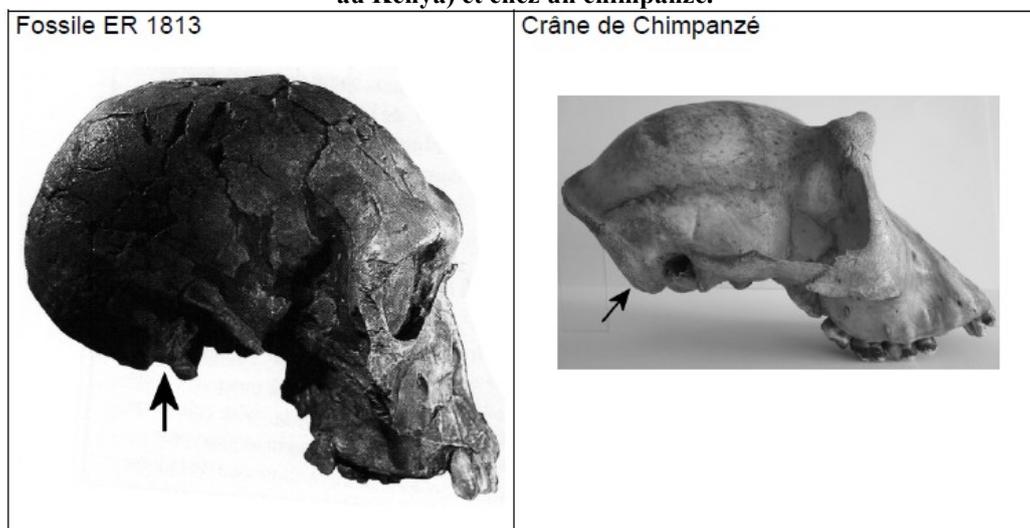
Document 4 : données morphologiques et anatomiques

Document 4a : Comparaison de l'organisation du pied chez Homo habilis et chez un chimpanzé.

Le fossile OH 8 d'Olduvai découvert en Tanzanie (à gauche) a permis de reconstituer l'anatomie du pied d'Homo habilis (-2,6 / -1,6 Ma) ; le gros orteil (hallux) est court et accolé aux autres orteils comme chez toutes les espèces du genre Homo.



Document 4b : Comparaison de la position du trou occipital chez Homo habilis (fossile ER 1813 découvert au Kenya) et chez un chimpanzé.



Corrections

Exercice 1.

Deux arguments en faveur d'une seule espèce :

* ressemblance morphologique (définition typologique de l'espèce)

* les deux tritons cohabitent sur une partie de la France où ils peuvent se reproduire entre eux. De plus les hybrides femelles peuvent se reproduire parfois.

Quatre arguments qui permettent d'en douter (qui contredisent majoritairement la définition biologique de l'espèce) :

* ressemblance pas totale ;

* hybridation qui reste rare malgré la cohabitation donc peut-être isolement génétique en cours ;

* isolement écologique (parade nuptiale différente) ;

* les hybrides ne pouvant que très rarement se reproduire

Exercice 2.

On recherche ici les innovations génétiques à l'origine de l'adaptation au vol des chauves-souris, sachant que cette adaptation du membre antérieur au vol semble être apparue soudainement. On étudie pour ce faire deux gènes du développement, les gènes Prx1 et Bmp2. Comment des modifications d'expression de certains gènes du développement peuvent être à l'origine de la spécialisation du membre antérieur des chauves-souris ?

Document 1.

On compare l'organisation des membres antérieurs d'une souris et d'une chauve-souris (la souris est prise comme référentiel).

Points communs entre les deux membres antérieurs : 5 doigts, mêmes os du bras (même plan d'organisation).

Différences :

- les cinq doigts de la souris sont courts, alors que les doigts II, et surtout III à V de la chauve-souris sont très longs et servent d'armature à l'aile (constituée d'une vaste excroissance de peau qui va jusqu'au membre postérieur).
- Le segment correspondant à la main de la chauve-souris est beaucoup plus allongé que celui de la souris (ce qui est en lien avec la première différence exposée).
- D'une manière générale, les différents os du membre antérieur de la chauve-souris sont plus longs.

Ainsi, le plan d'organisation des deux membres antérieurs est le même mais il existe une différence de proportion (les différentes parties du membre antérieur de la chauve-souris, particulièrement « la main » sont beaucoup plus allongées). La mise en place du plan d'organisation étant sous contrôle génétique, on suppose qu'il doit exister des différences dans l'expression de certains gènes entre ces deux Mammifères.

Document 2.

On bascule sur le membre postérieur en étudiant les effets de la protéine Bmp2 sur la croissance en longueur des métatarsiens (les os du pied) sachant que les effets sont les mêmes sur la main. Le gène produisant cette protéine s'exprime dans les bourgeons des membres (structures à l'origine des quatre membres), d'où l'hypothèse qu'il puisse être impliqué dans la croissance des os de la main et du pied. Pour cela, on prélève des os métatarsiens de fœtus de rats et on les met en culture dans un milieu constitué de protéine Bmp2 en concentrations variables.

Le lot contrôle est probablement sans Bmp2 (lot témoin). Il y a une croissance cumulée d'environ 200 mm en 3j. La croissance est d'ailleurs sensiblement la même avec une très faible concentration de Bmp2 (10 ng/mL).

Avec 100 ng/mL de bmp2, la croissance cumulée des métatarsiens est de 500 mm en 3j, soit 2,5 fois plus que le témoin. Avec 1000 ng/mL de bmp2, la croissance cumulée des métatarsiens est de 900 mm en 3j, soit 4,5 fois plus que le témoin.

Ainsi, plus la concentration en protéine bmp2 est élevée, plus la croissance des os métatarsiens du membre postérieur est importante. On peut ainsi imaginer que plus le gène BMP2 est exprimé (intensité d'expression), plus il produira de protéines bmp2 permettant un allongement des os métatarsiens (le même phénomène doit se produire pour les membres postérieurs avec les métacarpes). Une différence d'intensité d'expression du gène BMP21 pourrait donc expliquer l'allongement de certains os du membre antérieur de la chauve-souris. Mais est-ce le seul gène en cause ?

Document 3.

On compare cette fois-ci l'expression du gène Prx1 au cours du développement embryonnaire des membres antérieurs de chauve-souris et de souris. Les chercheurs repèrent les endroits du membre où est présent l'ARNm du gène Prx1 à divers stades du développement (ce qui reflète l'expression du gène).

Chez la souris : le gène s'exprime d'abord à l'extrémité du bourgeon (stade 1) puis au niveau du bras de l'animal. L'intensité d'expression diminue franchement entre les stades 3 et 4 du développement embryonnaire.

Chez la chauve-souris : le gène s'exprime également d'abord à l'extrémité du bourgeon (stade 1) puis au niveau du bras de l'animal (stade 2). Mais, il s'exprime encore fortement aux stades 3 et 4, et particulièrement au niveau de la main pour ce dernier stade.

Ainsi, ce gène s'exprime davantage dans le temps chez la chauve-souris (chronologie d'expression plus longue) et également en intensité (plus forte expression). De même, le lieu d'expression varie (bras puis main). Cela pourrait expliquer la différence d'allongement de la main entre les deux animaux.

Document 4.

On étudie des mutants de souris pour les deux allèles du gène Prx1 (gène non fonctionnel. Cette mutation est non viable, mais les embryons de souris ont des anomalies de la face, du crâne, mais aussi un raccourcissement significatif des os de l'avant-bras. Or, le document 3 montrait effectivement que Prx1 s'exprimait davantage en intensité et en durée chez la chauve-souris. Cela peut donc expliquer que les os du membre antérieur de la chauve-souris soient plus longs que ceux de la souris.

Conclusion et réponse à la problématique.

Les plans d'organisation du membre antérieur de la souris et de la chauve-souris sont similaires (mêmes os), mais les os chauve-souris sont beaucoup plus allongés. Or la mise en place du plan d'organisation du membre antérieur est sous contrôle génétique. Cela peut s'expliquer par une différence d'expression de certains gènes du développement, et notamment deux gènes :

- le gène BMP2 aurait une intensité d'expression supérieure chez la chauve-souris, permettant un plus grand allongement des os de la main ;
- le gène PRX1 aurait une intensité et une chronologie d'expression supérieure, ainsi qu'un lieu d'expression surtout au niveau des doigts, permettant également leur allongement.

On peut supposer que de simples mutations ont modifié le lieu, la chronologie et l'intensité d'expression de ces deux gènes (qui ne doivent pas être les seuls à intervenir dans l'allongement du membre). Ces innovations génétiques ont permis l'apparition de l'aile de chauve-souris. Ces mutations étant viables, elles ont été conservées au cours du temps.

Exercice 3.

On cherche à discuter de la proposition de M. Goodman et col. sur le fait de placer homme et chimpanzé en un seul genre : Homo.

Doc1. Les trois documents suivants sont effectués avec l'exploitation de molécules homologues (molécules qui présentent des séquences très proches, qui sont présentes chez toutes les espèces, et qui ont une origine commune). Cela reflète l'origine commune de tous ces organismes (AC). Plus il y a de différences entre les séquences, moins les espèces sont apparentées (AC plus éloigné).

Arbre de parenté bâti à partir de séquences peptidiques de COX2. On constate une proximité Homme-Chimpanzé (plus qu'avec les autres espèces de l'arbre. Distance entre espèces non indiquée ici.

Document 2. Même démarche, mais cette fois-ci avec l'opsine bleue (commune à tous les primates). On étudie ici aussi des séquences peptidiques. Homme et Chimpanzé ne présentent aucune différence, une seule avec le Gorille, et 13 avec le macaque. La parenté est une fois de plus vérifiée.

Document 3. Même démarche mais cette fois-ci avec le gène COI (séquence nucléotidique). Il y a plus de différences (compte-tenu que précédemment la redondance du code génétique limitait les effets sur la protéine). Homme-chimpanzé, 65 différences, 68 avec le gorille et 117 avec le macaque. La parenté la plus forte est encore une fois entre l'Homme et le chimpanzé, ce qui explique pourquoi on peut considérer qu'ils font partie du même genre.

Document 4. On exploite cette fois-ci des données morpho-anatomiques.

On compare en premier lieu l'organisation du pied d'Homo habilis, faisant partie du genre Homo, et un chimpanzé.

L'hallux de Homo habilis semble court, et accolé aux autres orteils (non opposable). C'est une adaptation à la bipédie. En revanche, chez le chimpanzé, l'hallux semble long et est opposable aux autres doigts. Il s'agit d'une innovation évolutive du genre Homo, que n'a pas le chimpanzé. Les deux espèces sont ainsi nettement différentes.

En ce qui concerne le trou occipital, il en est de même : celui d'Homo habilis est centré, celui du chimpanzé est en arrière (adaptation à la bipédie là-aussi).

Conclusion : autant les données moléculaires (molécules homologues, à la fois des séquences peptidiques et nucléotidiques) montrent une forte proximité Homme-chimpanzé, ce qui va dans le sens de l'hypothèse de Goodman de réunir Homme et Chimpanzé au sein du même genre Homo, autant les données morpho-anatomiques montrent de grandes différences (notamment dans l'acquisition de la bipédie, une des caractéristiques de la lignée humaine non partagée avec le chimpanzé).