La mutation à l'origine du mélanisme industriel de la phalène du bouleau

Publié le 21.09.18 | Par Vincent Guili

L'exemple de la phalène du bouleau est souvent utilisé pour illustrer la notion de sélection naturelle. En 2016, des chercheurs ont mis en évidence le locus impliqué dans la coloration de ce papillon. Chez les formes carbonaria, c'est l'insertion d'un transposon au niveau du gène cortex qui est responsable de la couleur sombre. Les relevés des variations de fréquences alléliques ont permis de proposer une date d'apparition de cette mutation.

Un exemple classique pour illustrer la sélection naturelle est le remplacement au cours de la révolution industrielle de la forme commune, pâle, de la phalène du bouleau (*Biston betularia*) par une forme noire : l'utilisation intensive du charbon libérant des suies qui noircissent l'environnement, les formes claires deviennent plus visibles et plus vulnérables à la prédation par les oiseaux. Les formes noires survivent donc mieux et se reproduisent, ce qui fait changer la population.



Figure 1 - Les deux types de coloration de la phalène du bouleau (*Biston betularia*)
(A) Forme claire, appelée *typica*. (B) Forme sombre, appelée *carbonaria*.
Sources des images : forme *typica* par Olaf Leillinger, CC-BY-SA, Wikimedia ; forme *carbonaria* par Olaf Leillinger, CC-BY-SA, Wikimedia

Auteur(s)/Autrice(s) : Vincent Guili – Licence : CC-BY-SA

En 2016 une équipe de chercheurs britanniques a publié une étude dans laquelle ils identifient la mutation à l'origine de l'apparition du phénotype *carbonaria*. Les ressources proposées ci-dessous sont adaptées de leur publication.

À partir des études génétiques classiques ayant permis de localiser le locus *carbonaria*, les chercheurs ont identifié le gène porteur de la mutation. Il s'agit du gène *cortex*. Ce gène présente une organisation morcelée : un premier exon ayant de multiples formes alternatives, séparé par un grand intron des huit exons suivants (cf schéma). La mutation identifiée est l'insertion au sein du premier intron d'un élément transposable (ou transposon), long de 21 925 nucléotides. Il a été nommé *carb*-TE.



Figure 2 - Structure schématique du gène *cortex*
Les allèles *typica* et *carbonaria* possèdent chacun 9 exons, numérotés de 1 à 9. Les deux allèles diffèrent par l'insertion dans le premier intron de l'allèle *carbonaria* d'une séquence d'ADN mobile (un transposon), nommé *carb*-TE.

Auteur(s)/Autrice(s) : Vincent Guili – Licence : CC-BY-NC

Les transposons sont des éléments d'ADN qui peuvent se déplacer d'un endroit à un autre sur un même brin d'ADN ou sur un autre brin. Pour faire de la transposition, aussi appelée recombinaison, un transposon a besoin d'enzymes spéciales telles une intégrase ou une transposase . C'est habituellement le transposon lui-même qui code ces protéines. À l'endroit d'insertion (cible, site accepteur), une courte séquence de 4 à 12 paires de bases est dupliquée et encadre l'élément transposable. Ces deux séquences forment une répétition directe et constituent une marque de reconnaissance de la transposition.

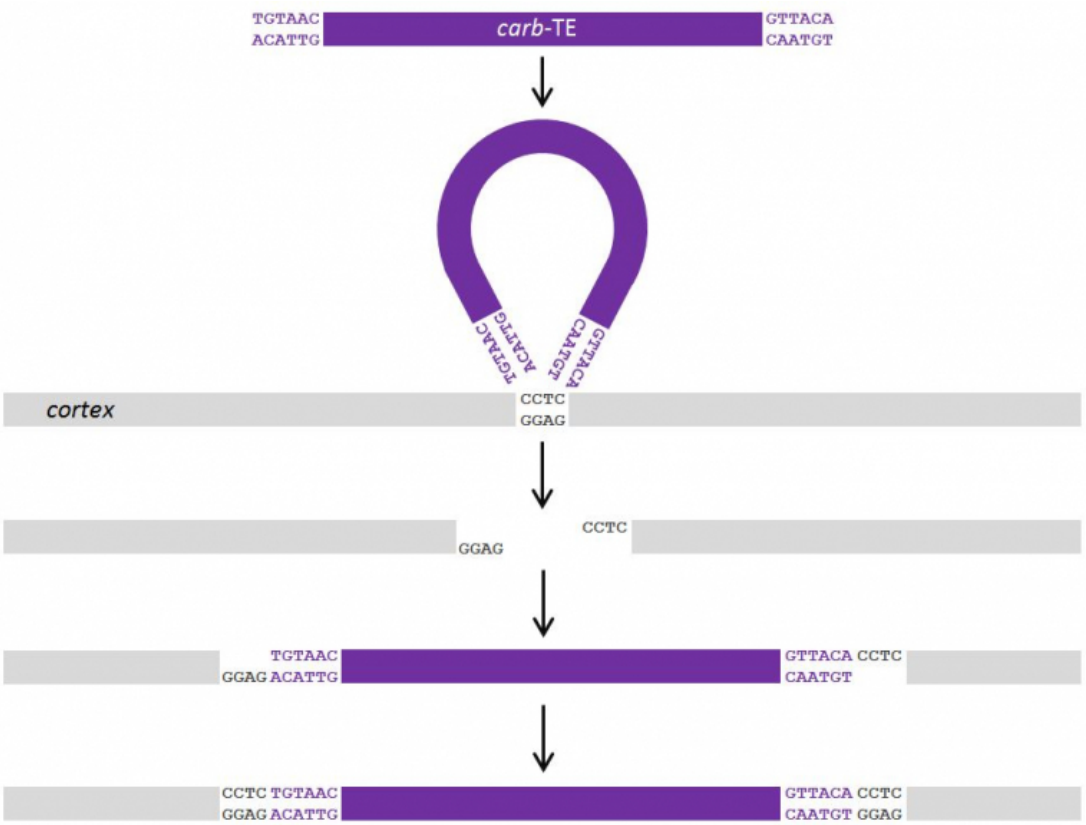


Figure 3 - Mécanisme hypothétique de l'insertion du transposon *carb*-TE dans le gène *cortex*
À l'endroit d'insertion (cible, site accepteur), une courte séquence de 4 paires de bases est dupliquée et encadre l'élément transposable. Ces deux séquences forment une répétition directe et constituent une marque de reconnaissance de la transposition. D'après van't Hof *et al.*, 2016.

Auteur(s)/Autrice(s) : Vincent Guili – Licence : CC-BY-NC

Le rôle du gène *cortex* dans la mélanisation des ailes n'est pas évident. Il interviendrait dans la régulation de la prolifération cellulaire, qui se produit notamment dans les disques imaginaux des ailes.

Pour rappel, les disques imaginaux sont des structures à partir desquelles différentes parties de l'insecte adulte sont formées dans la nymphe. Ils sont constitués d'une dizaine de cellules indifférenciées (cellules souches) et se développent en structures comme les ailes, les pattes ou encore les antennes lors de la métamorphose.

L'insertion du transposon *carb*-TE dans le premier intron du gène *cortex* a pour effet de fortement augmenter la quantité de protéines cortex produite dans les disques imaginaux des ailes, et plus particulièrement de la forme B1, produite par épissage alternatif du transcrit primaire. Le mécanisme de cette régulation est inconnu à ce jour. Quoi qu'il en soit, c'est la plus grande quantité de protéine cortex produite qui aboutirait à la mise en place d'ailes noires.

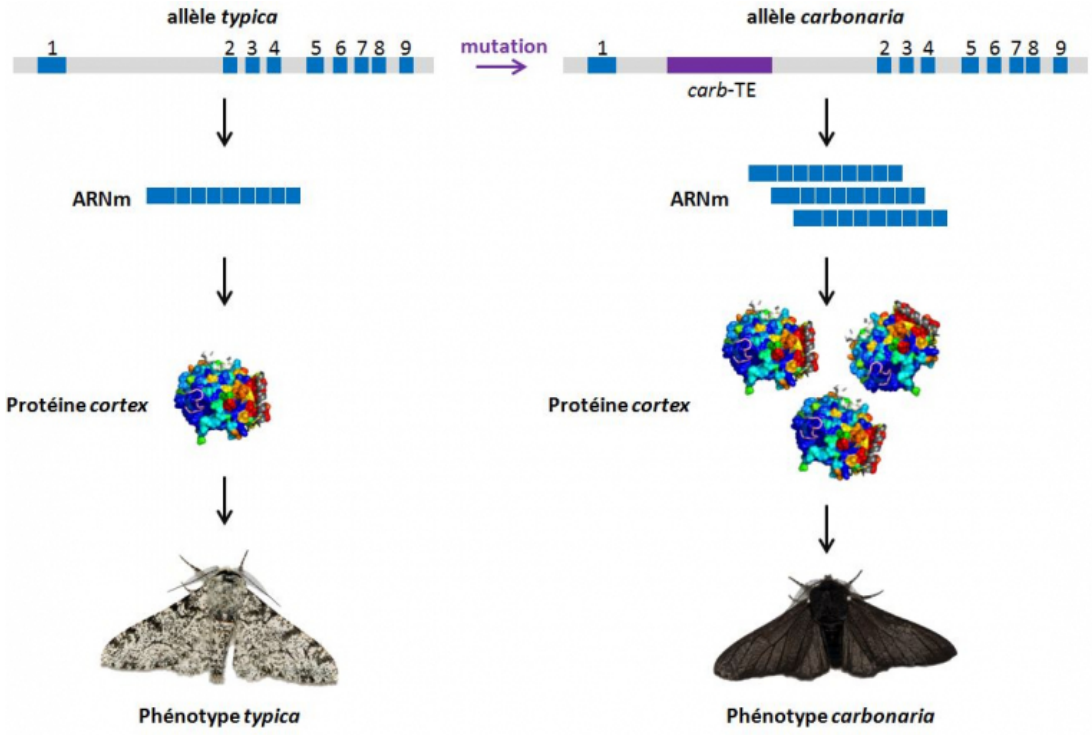


Figure 4 - La mutation à l'origine de l'apparition d'un phénotype alternatif

Auteur(s)/Autrice(s) : Vincent Guili – Licence : CC-BY-NC

Divers fichiers de séquences sont proposés ici pour permettre l'étude de cette mutation. Il est à noter que compte-tenu de la grande longueur des séquences génomiques (plus de 100 000 nucléotides) le traitement par Anagène (version téléchargeable ou version en ligne) ou GenieGen est soit long, soit impossible selon le matériel informatique utilisé.

DOCUMENTS À TÉLÉCHARGER

alleles_cortex_carbonaria_typica.edi

Télécharger

Séquences des allèles carbonaria et typica

alignement_carbonaria-typica.alg

Télécharger

Séquences alléliques déjà alignées

cortex_isoformesb1_arnm.edi

Télécharger

Séquence de l'ARNm codant l'isoforme B1 de la protéine cortex

L'alignement des séquences des ARN messagers ou des protéines *typica* vs *carbonaria* ne montrera pas de différence. L'origine de la mutation est donc à aller chercher dans les séquences des allèles.

De fait, l'alignement des allèles met en évidence la présence de près de 22 000 nucléotides de plus sur l'allèle *carbonaria* que sur l'allèle *typica*.



Figure 5 - Alignement des séquences des allèles *carbonaria* et *typica* avec Anagène
L'alignement met en évidence l'insertion d'environ 22 000 nucléotides dans l'allèle *carbonaria*. Pour rendre les bornes de l'insertion visibles, la partie centrale n'est pas représentée.

Auteur(s)/Autrice(s) : Vincent Guili – Licence : CC-BY-NC

Une autre possibilité de visualiser cette différence est d'utiliser les outils d'analyse de séquences en ligne. Une liste de ces outils est consultable ici : https://molbiol-tools.ca/Alignments.htm

Pour cela les fichiers de séquence sont également proposés au format FASTA.

DOCUMENTS À TÉLÉCHARGER

Allèle_typica.txt

Télécharger

Séquence de l’allèle typica

Allèle_carbonaria.txt

Télécharger

Séquence de l’allèle carbonaria

carb-TE.txt

Télécharger

Séquence de l’élément transposable carb-TE

Cortex_isoformeB1_ARNm.txt

Télécharger

Séquence de l’ARNm codant l’isoforme B1 de la protéine cortex

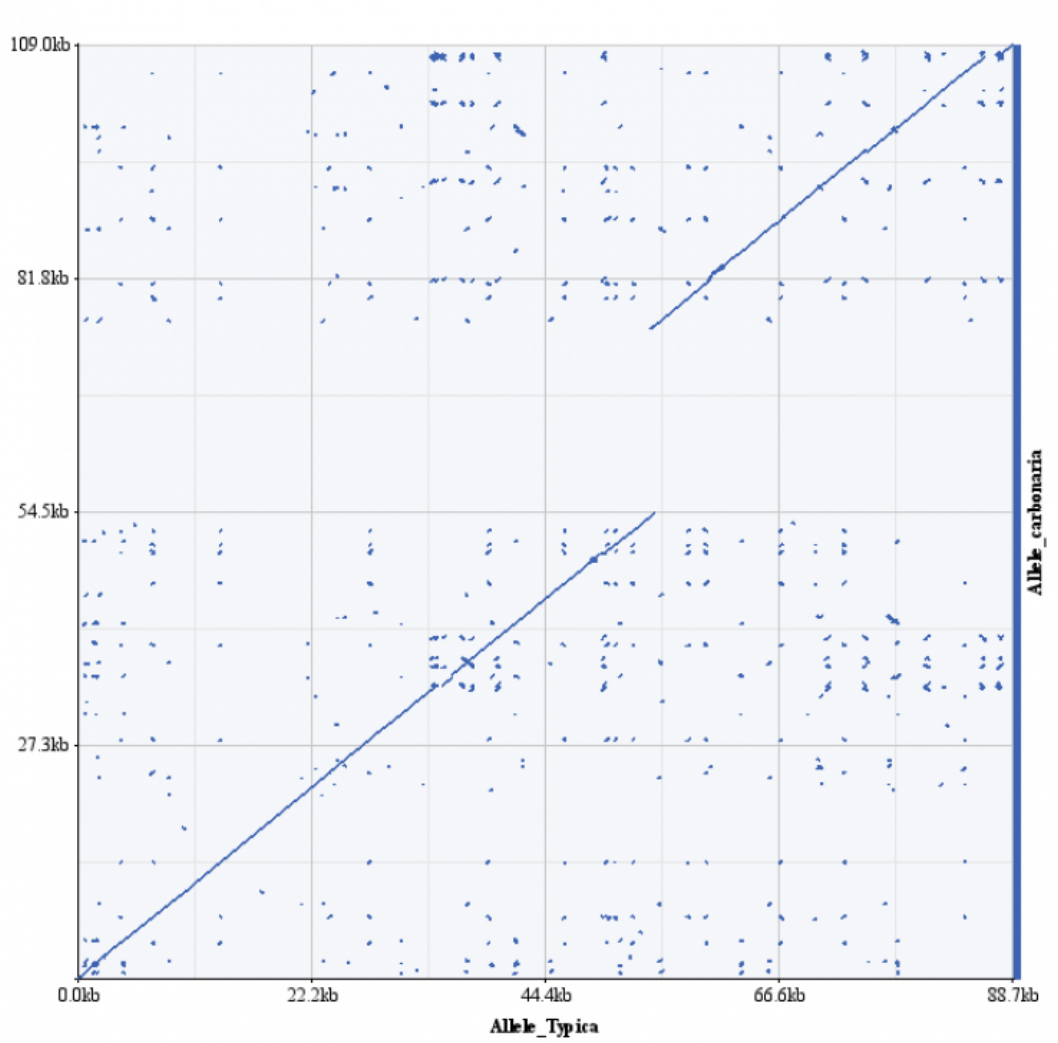


Figure 6 - Exemple d'analyse de séquences utilisant l'outil zPicture
La représentation graphique en dot-plot met en évidence la présence du transposon dans l'allèle *carbonaria*.

Auteur(s)/Autrice(s) : Vincent Guili – Licence : CC-BY-NC

La plus ancienne mention de la présence de papillons du type *carbonaria* dans la région de Manchester date de 1848. En utilisant des simulations informatiques, les chercheurs ont obtenu un modèle de l'évolution de la fréquence du phénotype *carbonaria*.

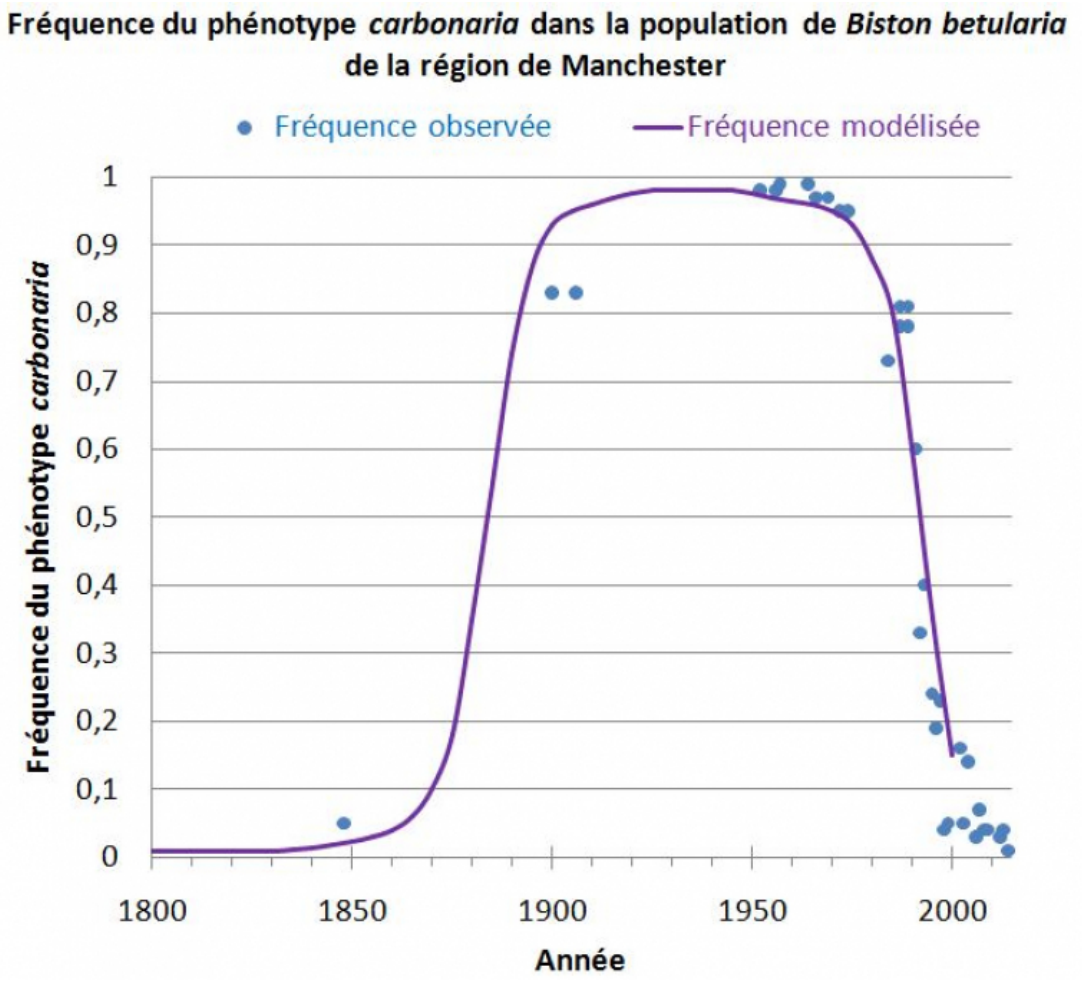


Figure 7 - Extension et déclin du phénotype *carbonaria* dans la région de Manchester
Graphique construit à partir des données historiques et en retranscrivant les données de la modélisation numérique proposées par vant't Hof *et al.*, 2016. Lire également à ce sujet le paragraphe *Papillons et pinsons montrent l'exemple* de l'article *L'évolution en action*.

Auteur(s)/Autrice(s) : Vincent Guili – Licence : CC-BY-NC

DOCUMENTS À TÉLÉCHARGER

frequence_historique_carbonaria_manchester_0.xlsx

Télécharger

Données brutes (format xlsx)

frequence_historique_carbonaria_manchester_0.ods

Télécharger

Données brutes (format ods)

frequence_historique_carbonaria_manchester_graph.xlsx

Télécharger

Données brutes et graphique (format xlsx)

frequence_historique_carbonaria_manchester_graph.ods

Télécharger

Données brutes et graphique (format ods)

Ces données de modélisation (1 million de simulations) ont été utilisées pour estimer la date de la mutation. Les résultats des simulations donnent des probabilités de mutation à une date donnée, et on visualise graphiquement la répartition des probabilités.

En conclusion, cet exemple présente une mutation aléatoire qui confère quelques années plus tard un avantage aux mutants lorsque l'environnement change. C'est un exemple de mutation qui change la régulation, le niveau d'expression d'un gène. La mutation est récente, environ 200 ans, c'est-à-dire 200 générations au cours desquelles elle est passée par sélection naturelle de mutation unique à la presque fixation dans la population (au moins localement) et a maintenant quasiment disparu suite aux mesures de protection de l'environnement mises en place à partir des années 70.

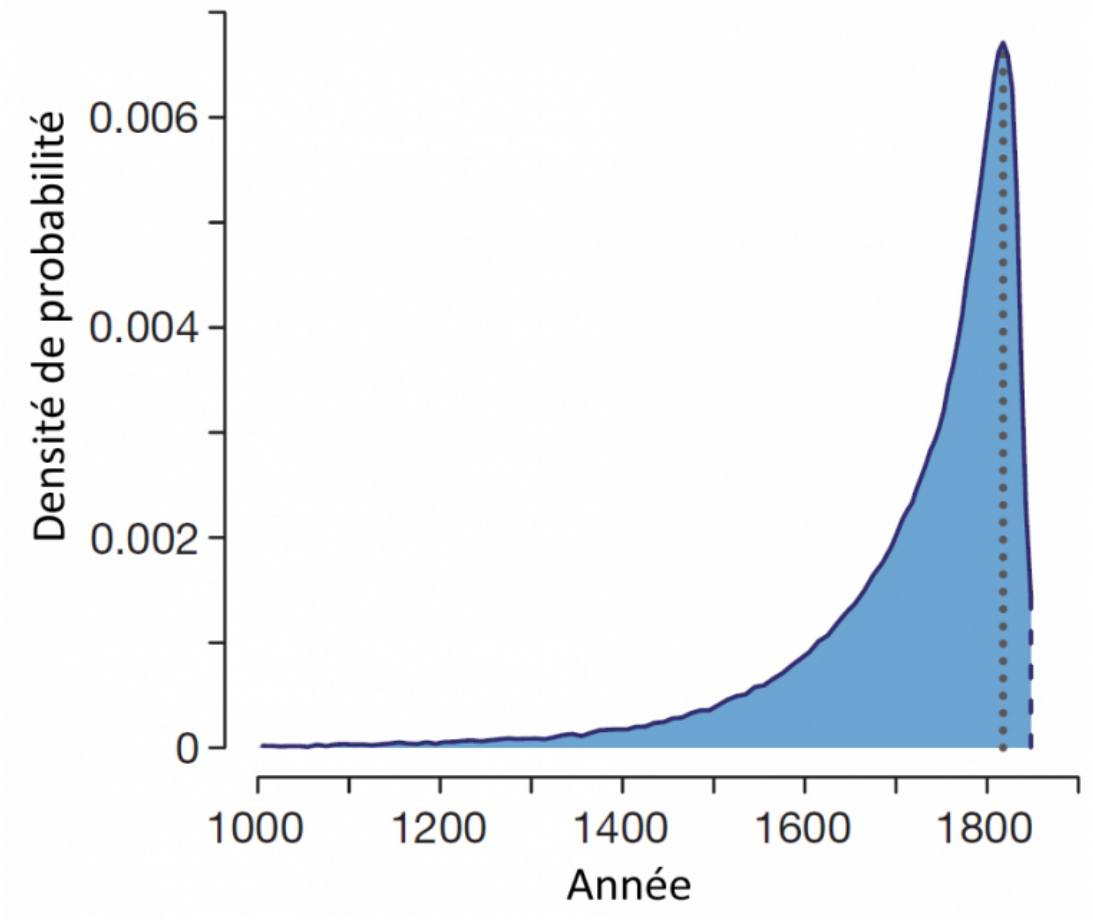


Figure 8 - Densité de probabilité pour la date d'apparition de la mutation *carb*-TE
La densité maximale se situe en 1819 (ligne pointillée), la première description du phénotype *carbonaria* datant de 1848 (ligne à tirets). Adapté de van't Hof *et al.*, 2016.

Auteur(s)/Autrice(s) : Vincent Guili – Licence : CC-BY-NC

CRÉDITS

AUTEUR(S)/AUTRICE(S)

Vincent Guili

Professeur agrégé de sciences de la vie et de la Terre, docteur en biologie moléculaire et cellulaire.

MISE EN LIGNE

Pascal Combemorel

Agrégé de SVT, il est le responsable éditorial du site Planet-Vie depuis septembre 2016.

LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE

Creative Commons - Attribution - Pas d'utilisation commerciale