

Clones cellulaires et innovation génétique

[Lien vers l'activité](#)

On cherche à montrer que les clones cellulaires sont impliqués dans la diversité phénotypique.

Exemple du cancer.

Une mutation (substitution ponctuelle du nucléotide C par un nucléotide T) du gène p53 dans une cellule de l'œsophage peut entraîner la formation d'un clone de cellules se multipliant de façon anormale. Au sein de ce clone, il existe une hétérogénéité génétique des cellules qui s'explique par le fait que cette mutation du gène p53 empêche l'élimination des cellules présentant des modifications de l'ADN. Ainsi, ce clone est lui-même constitué de sous-clones ayant accumulé des anomalies génétiques telles que des mutations ou des réarrangements chromosomiques. Ce premier exemple d'innovation génétique au sein d'un clone cellulaire a ici pour conséquence le développement pathologique d'un clone de cellules tumorales chez un individu.

La multiplication des lymphocytes B est normalement induite par la rencontre et la reconnaissance de l'antigène dont ils sont spécifiques. On observe cependant qu'une modification génétique, caractérisée par un échange de fragments entre les chromosomes 18 et 14, a été identifiée comme étant responsable de la formation d'un clone de lymphocyte B en dehors de toute activation par un antigène et ce malgré l'accumulation par ces cellules d'un grand nombre d'anomalies génétiques. Ici aussi, cela montre qu'une innovation génétique au sein d'un clone peut être à l'origine d'une modification du phénotype chez un individu.

Ces deux exemples de mutations affectent des cellules somatiques. Elles sont transmises aux cellules filles de la cellule mutée qui constituent le clone cellulaire.

Exemple de la couleur du pelage chez le chat.

Si on prend l'exemple de la couleur du pelage chez le chat, les conséquences de l'innovation dépendent notamment de la lignée cellulaire à laquelle appartient cette cellule. Ainsi, si cette innovation (mutation) a lieu au sein d'une cellule embryonnaire de la lignée somatique, elle sera à l'origine d'une modification (souvent localisée) de la couleur du pelage de l'individu mais ne sera pas transmissible à la descendance de l'individu. À l'inverse, si cette mutation touche une cellule de la lignée germinale, cette modification sera transmissible à la descendance de l'individu (exemple du phénotype « ambre » lié à une innovation génétique survenue dans une lignée germinale chez le chat Norvégien).

Il est possible d'estimer la diversité liée aux erreurs de réplication au sein d'un spermatozoïde produit par exemple par un homme de 25 ans. En appliquant la formule : $D = 30 + 23 \times (25 - 15) + 5$ soit $D = 265$, on peut estimer à 265 le nombre de mutations liées aux erreurs de réplication au sein d'un spermatozoïde d'un homme de 25 ans.

Si le spermatozoïde muté participe à la fécondation, ses mutations seront transmises aux descendants de l'individu. Les mutations qui affectent des séquences géniques constitueront alors de nouveaux allèles. Si ces mutations ont un impact sur le phénotype conférant un avantage sélectif (sélection naturelle), ou si la population est de petite taille (dérive génétique), les allèles qui portent ces mutations pourront se répandre dans la population au cours des générations d'individus. Les mutations germinales peuvent donc avoir un impact à l'échelle de la population et non plus seulement de l'individu.

[Des notions de première à revoir sur les mutations](#)