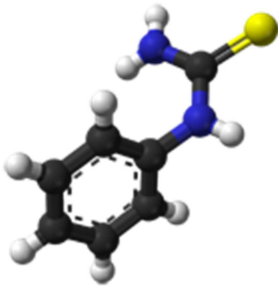


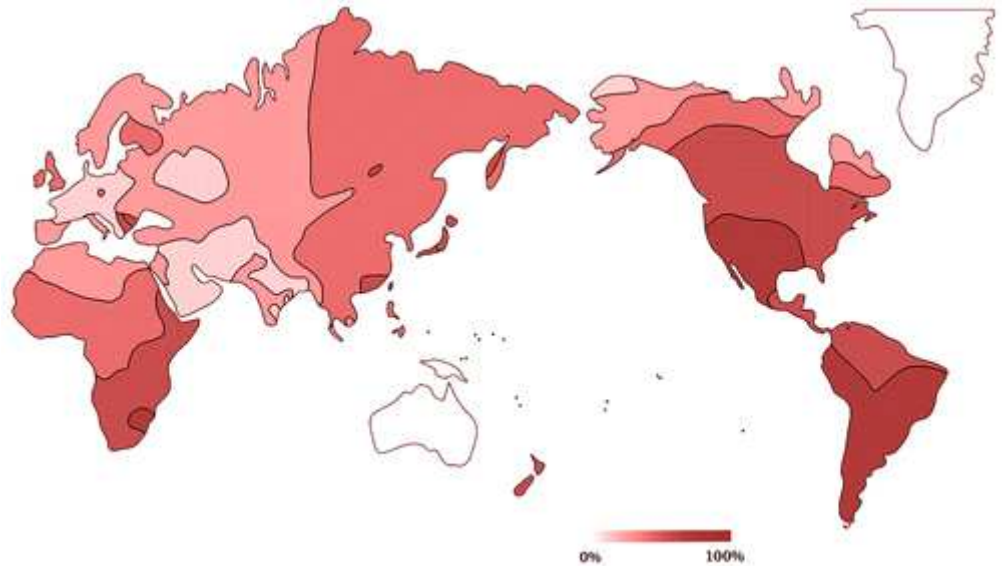
Source : <http://www2.ac-lyon.fr/enseigne/biologie/spip.php?article367>  
Auteur : Vincent Guili

## Contexte scientifique

En 1931 le chimiste Arthur L. Fox découvre que la molécule sur laquelle il travaille, le PhénylThioCarbamide (PTC), a un goût très amer pour certaines personnes, aucun goût pour d'autres, dont lui-même. A partir de cette observation, de très nombreuses études sont menées. La sensibilité des populations est très inégalement répartie selon les continents :



## Le PhénylThioCarbamide (PTC)



## Carte mondiale de la sensibilité des populations humaines au PTC

(d'après [S. Wooding](#))

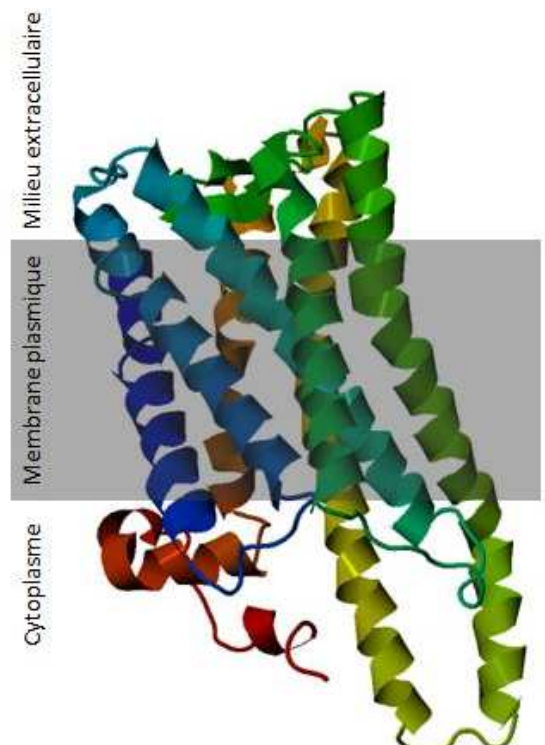
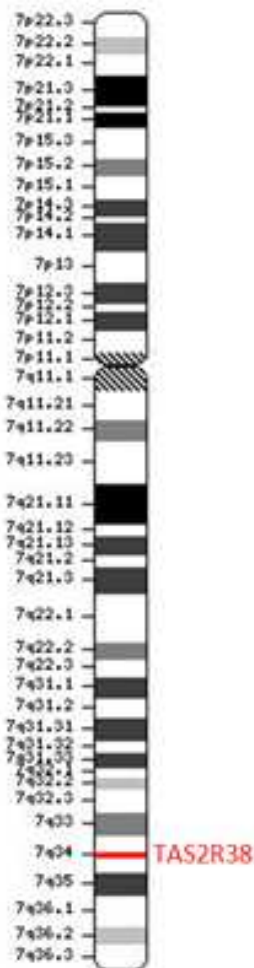
Il est assez rapidement établi que la sensibilité au PTC dépend d'un gène à 2 allèles : un allèle dominant, qui confère la sensibilité, et un allèle récessif, associé au phénotype d'insensibilité.

En 2003 le gène du récepteur au PTC est cloné. Nommé **TAS2R38** il est localisé sur le chromosome 7, en position 7q34.

## ← Localisation du gène du récepteur au PTC.

Il est constitué d'un unique exon de 1002 paires de bases. Il code pour un récepteur membranaire à 7 domaines transmembranaires, couplé aux protéines G. Il fait partie de la famille des récepteurs TAS2R, qui compte au moins 25 gènes fonctionnels connus. Ces

gènes sont portés par les cellules sensorielles des bourgeons du goût situés sur les papilles linguales. Ils sont impliqués dans la détection des substances amères, de la famille des glucosinolates, en particulier celles contenues dans les Brassicacées.



## Modèle théorique du récepteur membranaire au PTC (acides aminés 16 à 331)

Trois variants ponctuels de l'ADN (=SNP, Single Nucleotide Polymorphism) ont été identifiés dans ce gène :

Position du nucléotide	Changement de <b>nucléotide</b>	Changement de <b>codon</b>	Changement d' <b>acide aminé</b>
145	C -> G	CCA -> GCA	<b>Proline -&gt; Alanine</b>
785	C -> T	GCT -> GTT	<b>Alanine -&gt; Valine</b>
886	G -> A	GTC -> ATC	<b>Valine -&gt; Isoleucine</b>

L'allèle conduisant à la combinaison d'acides aminés **Proline-Alanine-Valine (PAV)** est celui qui confère la sensibilité. L'allèle conduisant à la combinaison **Alanine-Valine-Isoleucine (AVI)** produit un récepteur membranaire qui ne fixe plus le PTC. Par commodité ces allèles sont donc dénommés **PAV** et **AVI**. Ces deux allèles sont très largement majoritaires dans la population humaine.

*Remarque : il existe 3 autres combinaisons connues, et donc 3 autres allèles, mais elles sont très peu fréquentes. Ces combinaisons d'acides aminés sont AAV, AAI et PVI. Cela fait donc en tout 5 allèles connus à ce jour pour le gène TAS2R38.*

Les individus PAV / PAV sont très sensibles, les PAV / AVI sont sensibles, et les AVI / AVI sont insensibles. Mais les allèles PAV et AVI ne rendent compte que d'environ 90 % des phénotypes de sensibilité au PTC. Les 10 % restants sont dépendants des autres allèles, mais aussi de l'environnement : la sensibilité est conditionnée par l'état de sécheresse de la bouche, par ce qui a été mangé auparavant, et décroît généralement avec l'âge.

Il a été établi que la sensibilité au PTC est parfaitement corrélée à la sensibilité à une substance naturelle, la l-5-vinyl-2-thio-oxazolidone, produite par les Brassicacées et responsable de goûters en cas de surconsommation. La sensibilité à l'amertume permettrait donc d'éviter l'ingestion de toxines végétales, qui sont souvent amères (exemples : strychnine, quinine, ricine, caféine).

L'allèle AVI, bien que ne permettant plus la sensibilité au PTC et aux molécules chimiquement proches, produirait un récepteur sensible à d'autres substances amères. Ceci expliquerait la persistance de l'allèle dans la population, car il conférerait un avantage aux hétérozygotes, leur permettant de détecter une plus grande variété de composés amers.

On retrouve un gène très proche chez différentes espèces de Mammifères.

### **On cherche ici à comparer ces gènes en utilisant le logiciel Phylogène.**

- Sélectionnez dans les fichiers de molécules celles du gène de la sensibilité au PTC pour les espèces suivantes :

Homme, Bonobo, Chimpanzé, Gorille, Orang-Outan, Gibbon, Babouin, Macaque, Rat

- Demandez l'alignement des séquences.

#### **Décrivez le résultat observé.**

#### **Quelle explication pouvez-vous proposer à ces constatations ?**

- Utilisez les fonctionnalités du logiciel pour quantifier les différences entre molécules (« matrice »).

#### **Quel est l'intérêt d'établir cette « matrice » ?**

- Utilisez les fonctionnalités du logiciel pour afficher l'arbre de parenté.

#### **Expliquez comment les données précédentes sont utilisées pour établir cet arbre.**

#### **Quelle(s) hypothèse(s) peut-on formuler pour expliquer les similitudes et les différences entre les gènes des différentes espèces considérées ?**