

A scanning electron micrograph (SEM) showing a dense population of yeast cells. The cells are generally spherical or oval-shaped, with some showing budding. The surface of the cells appears smooth. The background is dark, and the cells are illuminated from the side, creating highlights and shadows that emphasize their three-dimensional structure.

Partie 2: les champignons

(La levure comme système modèle)

1. Rappels sur la biologie des levures

1.1. Généralités

Les **champignons** sont des eucaryotes pluricellulaires ou unicellulaires.

Les levures (plusieurs centaines d'espèces) sont des champignons microscopiques unicellulaires apte à la fermentation alcoolique des solutions sucrées, ou à faire lever la pâte du pain. visibles seulement au microscope. Exemple: *Levure de vin; levure sauvage; levure de boulangerie.* Ces microorganismes sont généralement ovales plus gros que les microbes.

Elles ne constituent pas un groupe naturel : la plupart s'apparentent aux champignons ascomycètes, quelques-unes à l'autre grand groupe de champignons supérieurs (les basidio-mycètes, celui des amanites et des bolets), d'autres enfin sont des formes imparfaites qu'on ne peut rattacher clairement à aucun groupe défini.

De forme variable selon l'espèce (sphérique, ovoïde, en bouteille, triangulaire ou apiculée (forme d'un citron), la cellule de levure mesure généralement 8 à 10 micromètres, et jusqu'à 50 micromètres, suivant les conditions de culture.

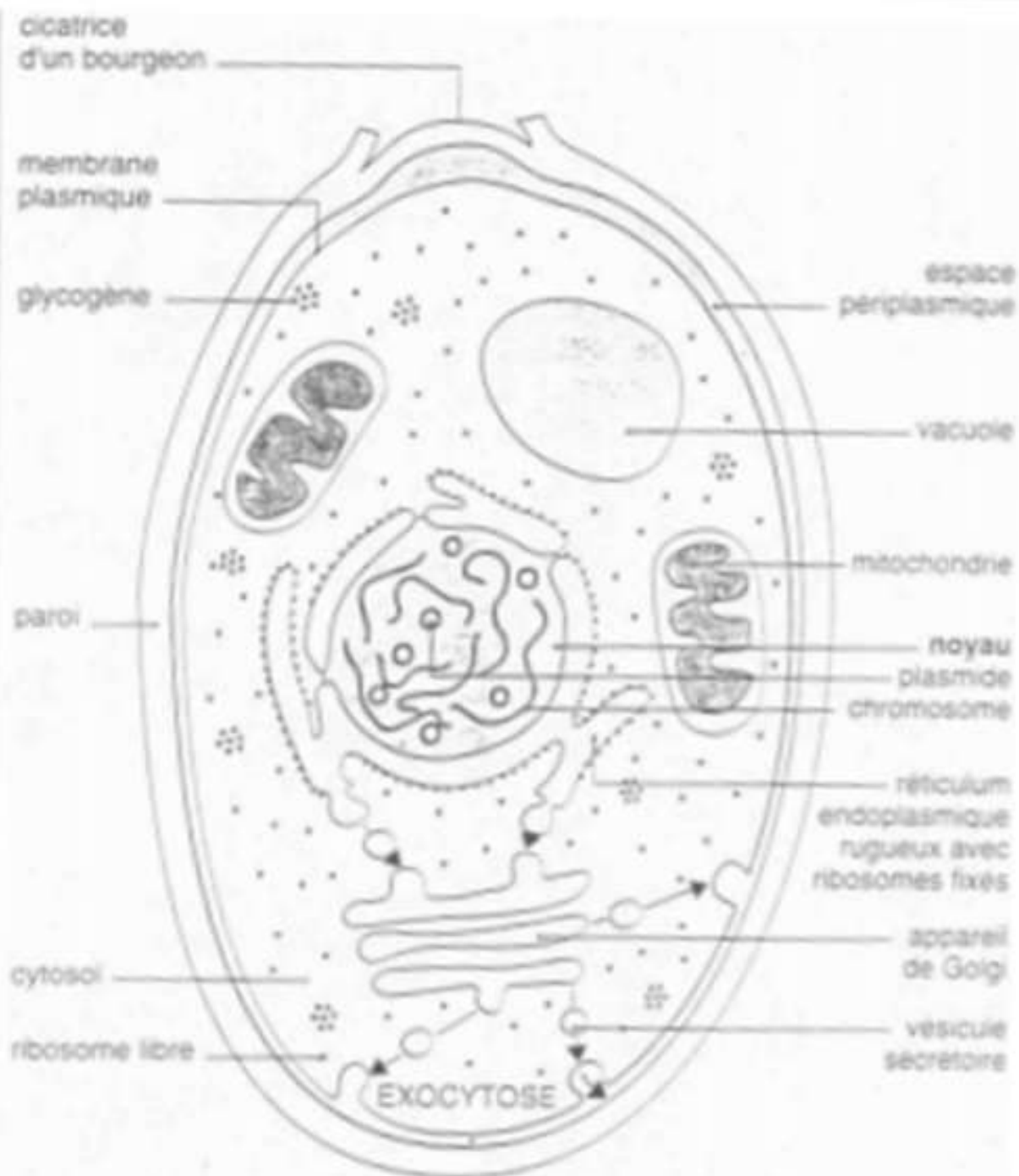
Mode de vie des levures

Comme les autres champignons, les levures se nourrissent de matières organiques. Elles vivent donc surtout aux dépend d'organismes morts ou de déchets provenant d'êtres vivants.

On trouve des levures en abondance dans les endroits riches en sucre : sur les fruits mûrs, les feuilles, le nectar des fleurs. On en trouve également dans le tube digestif des animaux (insectes en particulier), et certaines sont responsables de mycose (maladie de la peau).

Structure d'une cellule de levure

Le microscope électronique à transmission permet d'explorer l'intérieur des cellules. La cellule de Levure est une cellule typique d'eucaryote (cellule avec noyau) : elle comprend une paroi rigide, un noyau limité par une membrane nucléaire, un cytoplasme contenant divers organites dont des mitochondries (organites de la respiration) et une grande vacuole.



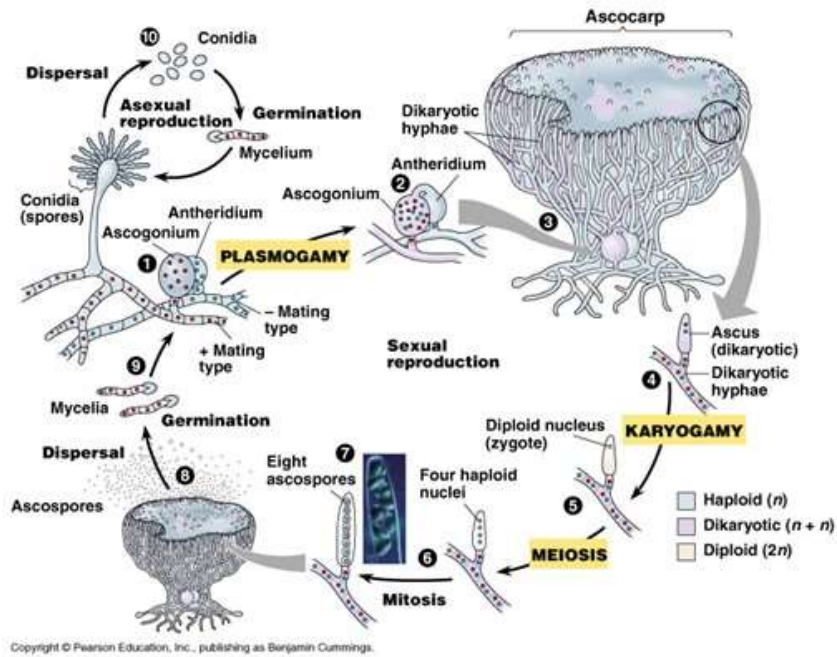
Différentes espèces de levures

Il existe plusieurs centaines d'espèces de levures : certaines sont capables de provoquer une fermentation, comme *Saccharomyces Cerevisiae*, d'autres non (comme le *Mycoderme* du vin). On trouve aussi des levures qui consomment du lactose (dans les produits laitiers et certains fromages). Enfin, on connaît un petit nombre de levures pathogènes : *Candida albicans* (responsable du muguet des jeunes enfants et des vaginites) et *Cryptococcus neoformans* (disséminé par les pigeons, peut provoquer des méningites fatales).

Les espèces de levures diffèrent par leur équipement enzymatique : certaines ne peuvent utiliser comme substrat que le glucose, d'autres sont capables d'assimiler l'amidon, le saccharose, le maltose, le lactose, etc...

Classification des levures

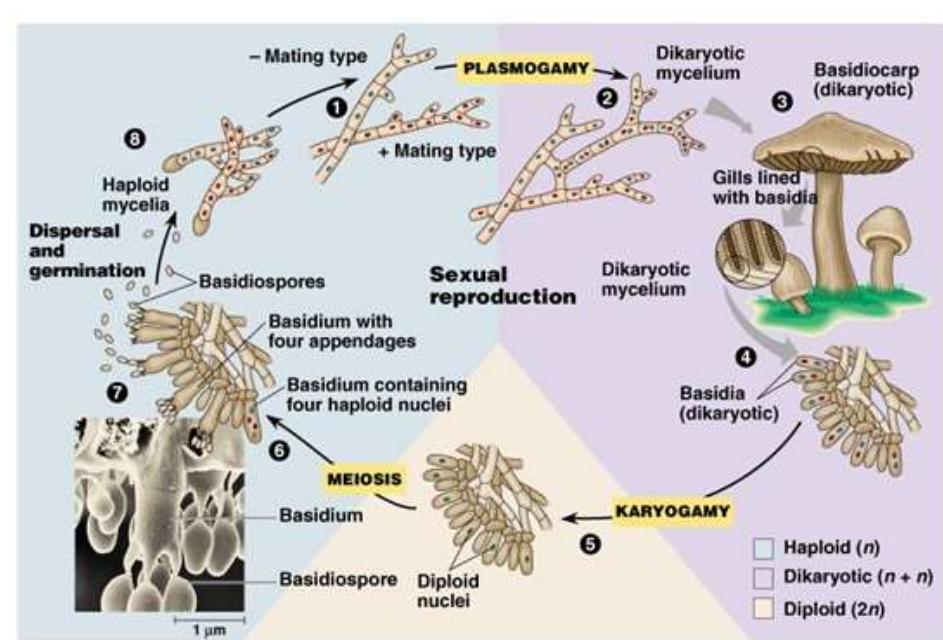
La classification des levures est naturellement une partie intégrante de celle des champignons, elle est fondée au moins au départ sur des caractères morphologiques. Les levures appartiennent à trois grandes classes: *Ascomycetes*, *Basidiomycetes* et *Fungi imperfecti*.



Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.

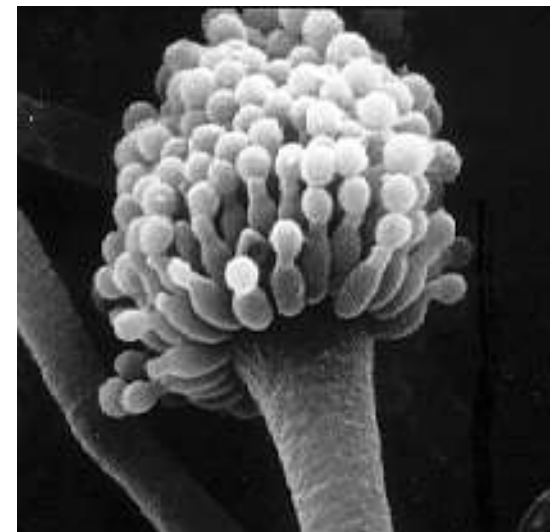
Les ascomycetes produisent des spores, qui sont stockées dans une sorte de sac : l'asque

champignons imparfaits : appartiennent aux champignons septés, à hyphes septés, se multipliant de façon non sexuée (ou dite « végétative ») (leur forme de reproduction et de sexualité sont inconnus)



Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.

les basidiomycetes caractérisés par des spores formées à l'extrémité de cellules spécialisées, les basides.



1.2. Culture et nutrition.

A. Les conditions de culture

Aérobiose	Les champignons sont en général aérobies stricts. A noter le caractère aéro-anaérobie facultatif des levures.
Humidité	Indispensable pour la culture des champignons a utiliser des milieux fraîchement préparés, humidifier l'étuve par un récipient d'eau...
Température	Culture dans une large zone de température, de 0°C à 60°C, avec une température optimale de 20-37°C : •Champignons saprophytes et parasites de la peau et des phanères (cheveux, poils, ongles) : 20-25°C •Champignons commensaux et parasites internes : 37°C
pH	Culture dans une large zone de pH, de pH 2 à pH 11, avec un pH optimal acide. Un pH acide : •Favorise la production de spores •Limite les contaminations bactériennes.
Délai de culture	•Levures : 24 à 48 heures •Moisissures : 2 à 4 jours •Dermatophytes : 5 à 21 jours

B. Les besoins nutritifs

Nutrition carbonée	Les champignons microscopiques sont des organismes hétérotrophes, qui ont besoin d'une source de carbone organique : •Des glucides: glucose, lactose, galactose, saccharose, maltose.... Ces glucides sont: -soit assimilés, c'est à dire incorporés dans les voies métaboliques - soit fermentés, c'est-à-dire dégradés pour fournir de l'énergie •Des constituants végétaux : riz, pomme de terre, carotte...qui apportent des acides organiques, alcools, cellulose, pectines, protéines, lipides...
Nutrition azotée	•Azote organique : acides aminés, protéines, peptones, urée •Azote minéral : NO_3^-, NH_4^+, N_2
Nutrition minérale	Ions, oligo-éléments (Fe, Cu, Zn, I, F...), phosphore, soufre...
Facteurs de croissance	Acides aminés, vitamines, bases azotées

Le mode de vie a levure *Saccharomyces cerevisiae*:

- Les levures vivent sur les fruits, les fleurs et autres sources contenant des sucres.
- Les levures survivent à un large spectre de type environnementaux:
 - **Gamme de tolérance de température: de 0° à 55°C**
 - **Température de prolifération: de 12° à 40°C**
 - **Tolérance au pH: croissance possible de pH 2.8-8.**
 - **Tolérance presque complète vis à vis de la déssiccation (levures sèches)**
 - **Tolérance vis à vis de la pression osmotique: les levures peuvent pousser et fermenter jusqu'à des concentrations en sucre de l'ordre de 3M.**
 - **Tolérance alcoolique: jusqu'à 20% d'alcool.**

2. Le génome des levures.

Le génome levurien est le plus petit de tous les génomes eucaryotes connus: il correspond à environ 14000 kb, avec un nombre total de gènes estimés à environ 10000. Ce matériel génétique est distribuée sur les chromosomes (linéaires), sur l'ADN mitochondrial (circulaire) et sur d'autres éléments extra-chromosomiques (plasmides circulaires, plasmides linéaires à ADN ou ARN, rétrotransposons).

Les chromosomes

Une étude portant sur 22 levures ascomycètes ou basidiomycètes montre des différences importantes dans le nombre chromosomes selon l'espèce, de 16 chez *Saccharomyces cerevisiae* à 3 chez *Schizosaccharomyces pombe*.

La quasi-totalité du génome chromosomique levurien correspond à une information génétique directe (c-à-d effectivement transcrite). Les gènes de *S. cerevisiae* contiennent rarement des introns, alors que chez *S. pombe* environ un gène sur deux contient un ou plusieurs introns, généralement de petite taille. Enfin, les régions comprises entre deux gènes adjacents sont généralement de l'ordre de quelques centaines de bases. Tous ces gènes sont transcrits séparément c-à-d qu'il n'existe pas de messagers polycistroniques chez les levures, contrairement à ce qui est observé pour les opérons bactériens.

La plupart des gènes de levures sont présents à un seul exemplaire sur le génome haploïde. Les familles multigéniques se limitent aux ARNt, ou aux enzymes d'assimilation du maltose (maltase) ou du saccharose (invertase) qui correspondent à une demi-douzaine de gènes quasi-identiques mais dispersés sur le génome, par ailleurs, les gènes correspondants aux ARNr 5S et 35S (précurseur des ARNr 28S, 18S et 5,8S) sont contigus et dupliqués environs 200 fois sur le chromosome 12 de *S. cerevisiae*.

Les chromosomes des levures ont une structure semblable à celle des eucaryotes multicellulaires, avec un enroulement d'ADN en "grains de chapelet" formé par des nucléosomes composés des histones H2A, H2B, H3 et H4. une particularité des levures est l'absence d'histone H1, ce qui est peut être en rapport avec l'absence de condensation des chromosomes lors de la mitose chez *S. cerevisiae*.

3. Le transcriptome des levures.

La levure possède la machinerie de transcription complexe des eucaryotes supérieurs, avec 3 ARN polymérases A (ARNr 5,8S, 18S et 28S), B (ARNm) et C (petits ARN, ARNt et ARNr 5S) dont chacune interagit avec plusieurs facteurs de transcription pour transcrire fidèlement le matériel génétique. Contrairement à ce qui se passe chez les bactéries, les ARN poly des eucaryotes ne reconnaissent pas directement les promoteurs mais se combinent avec des complexes d'initiation formés entre les promoteurs et certains des facteurs de transcription.

On distingue dans les promoteurs les éléments impliqués dans la régulation spécifique de la transcription et les éléments généraux correspondant à de petites séquences caractéristiques intervenant dans la reconnaissance de l'ADN par la machinerie de transcription.

Chez les eucaryotes supérieurs, deux séquences caractéristiques sont fréquemment trouvées en amont des ARNm: la boîte CCAAT (en position -80 par rapport à l'extrémité 5' de l'ARNm) et la boîte TATA en position -30.

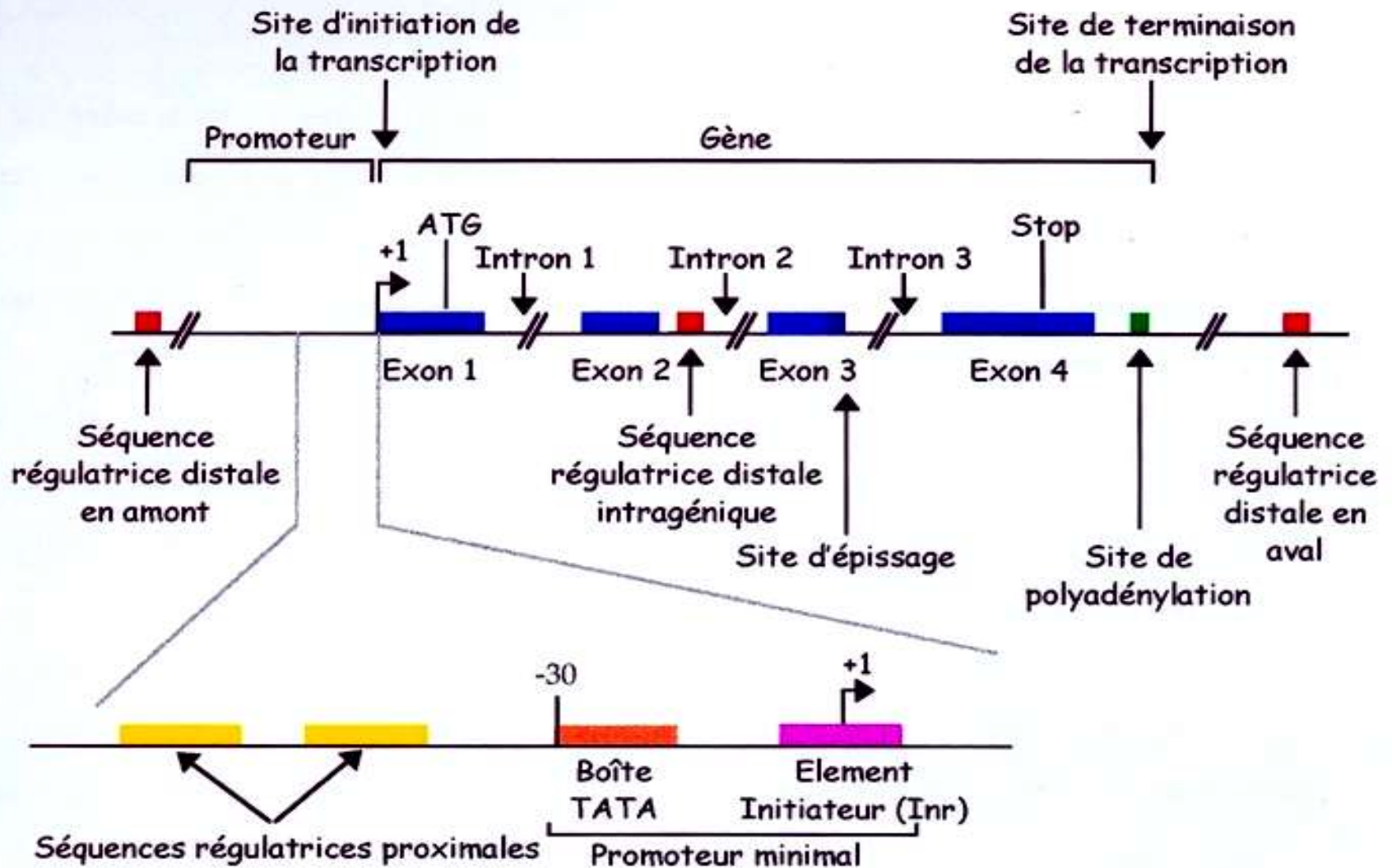


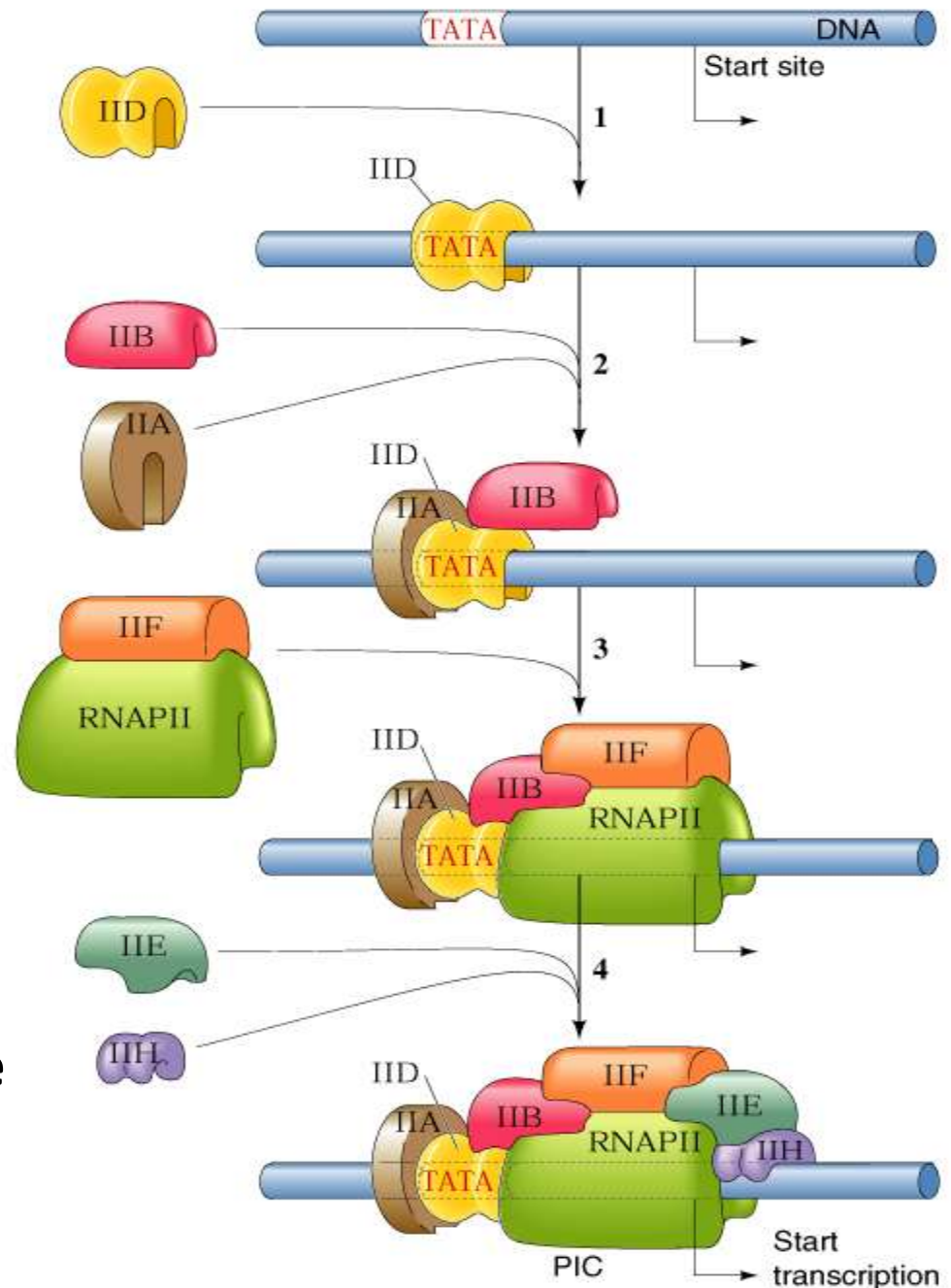
Figure 1 : Représentation schématique des différentes séquences d'ADN impliquées dans la régulation de la transcription (promoteur, séquences régulatrices proximales et distales) ou la maturation (sites d'épissage et de polyadénylation) des ARN. Les trinucléotides "ATG" et "Stop" codent pour l'initiation et l'arrêt de la traduction de la protéine codée par un gène, respectivement.

L'ARN polymérases II

- ❖ Dans le nucléoplasme
- ❖ Plusieurs sous unités Polypeptides (10 chez la levure, RPB1 à RPB10)
- ❖ Nécessite 7 facteurs de transcription: A, B, D, E, F, H et séq TATA



Fixation spécifique sur le promoteur



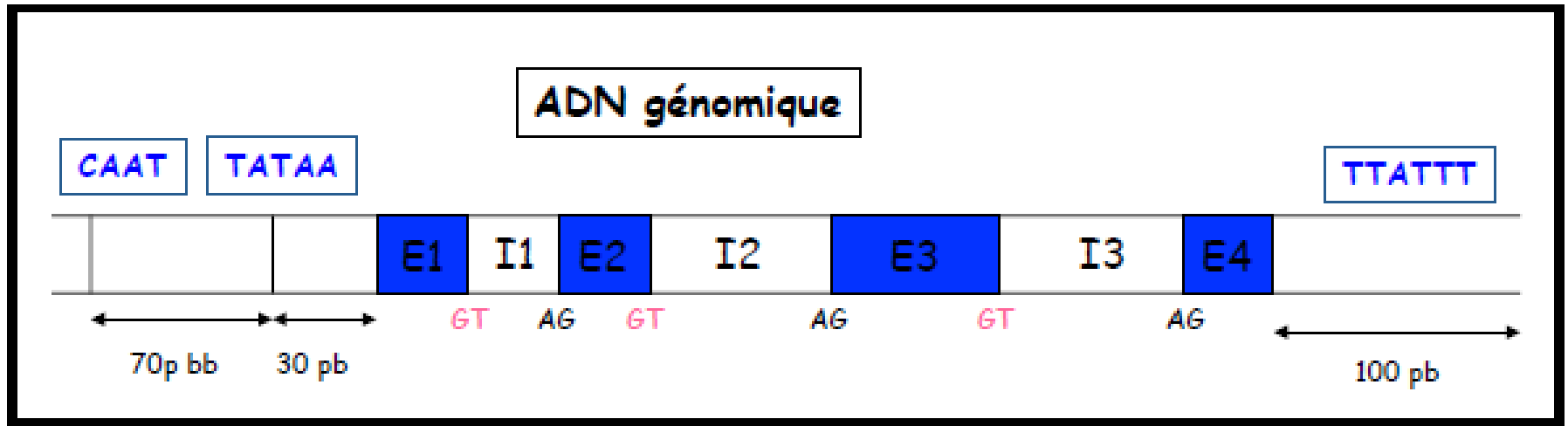
Chez les Eucaryotes, le mécanisme de base de la transcription est identique à celui des Procaryotes



- ✓ **Structure des promoteurs**
- ✓ **Modifications post-transcriptionnelles des ARN**

- ARNr (sauf le 5S): méthylation, bases modifiées et épissage
- ARNt : méthylation, épissage et bases modifiées (U-->ΨU)
- ARNr 5S : pas de modification
- ARNm : coiffés, épissés et polyadénylés. Certaines adénines peuvent également être méthylées

Initiation de la transcription et terminaison



Signaux moléculaires nécessaires à l'initiation:

- ❖ 30 PB: Boite TATA (équivalente de la Pribnow des procaryotes)
- ❖ 70 PB: CAAT ou Enhancer : stabilisation du complexe ADN-ARNp

Signal de terminaison:

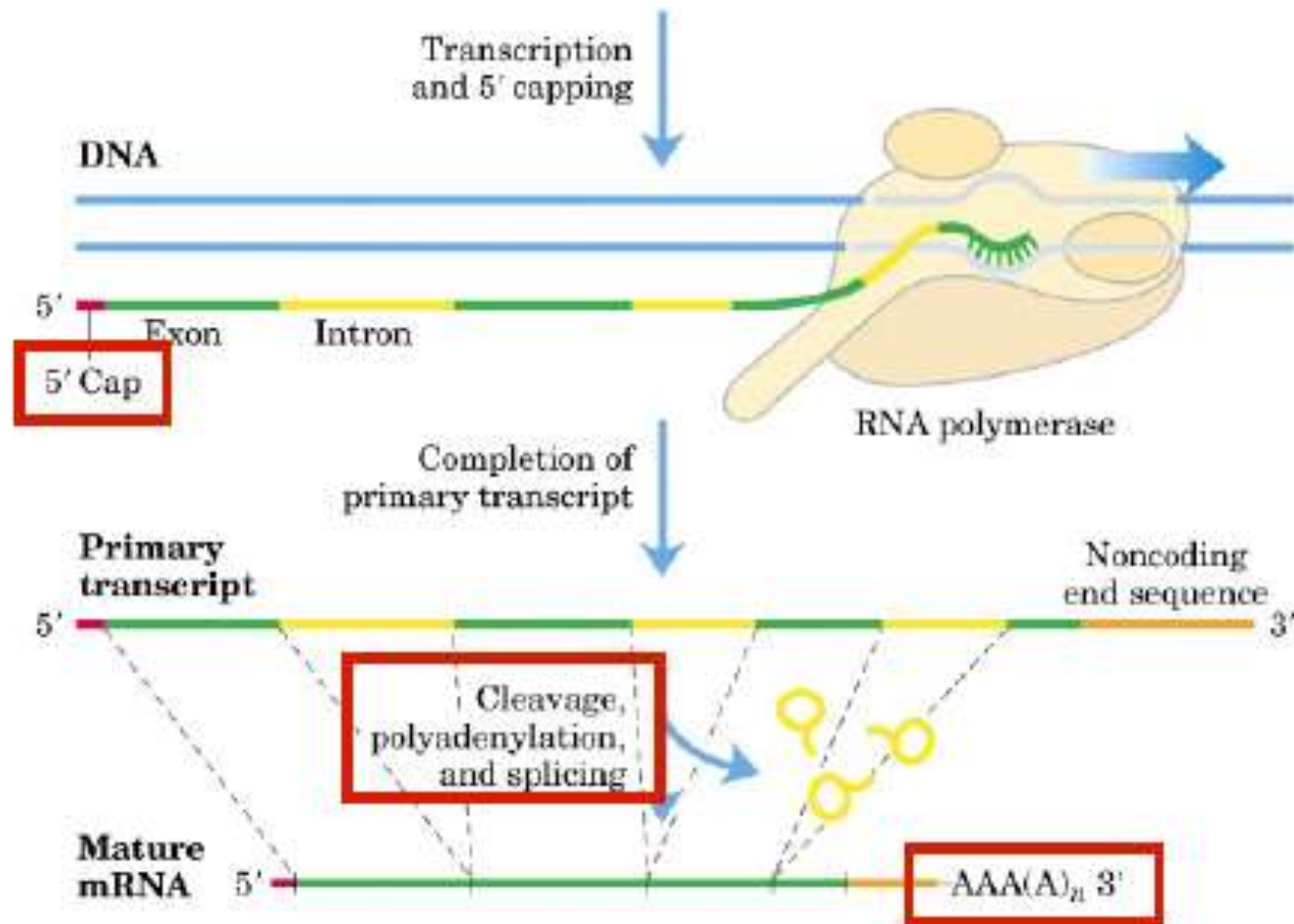
- ❖ Séquence de 6 pb à la fin du gène reconnue par ARN-endonucléase
- >>> Extrémité 3' formée est polyadénylée dans le nucléoplasme

Modifications :

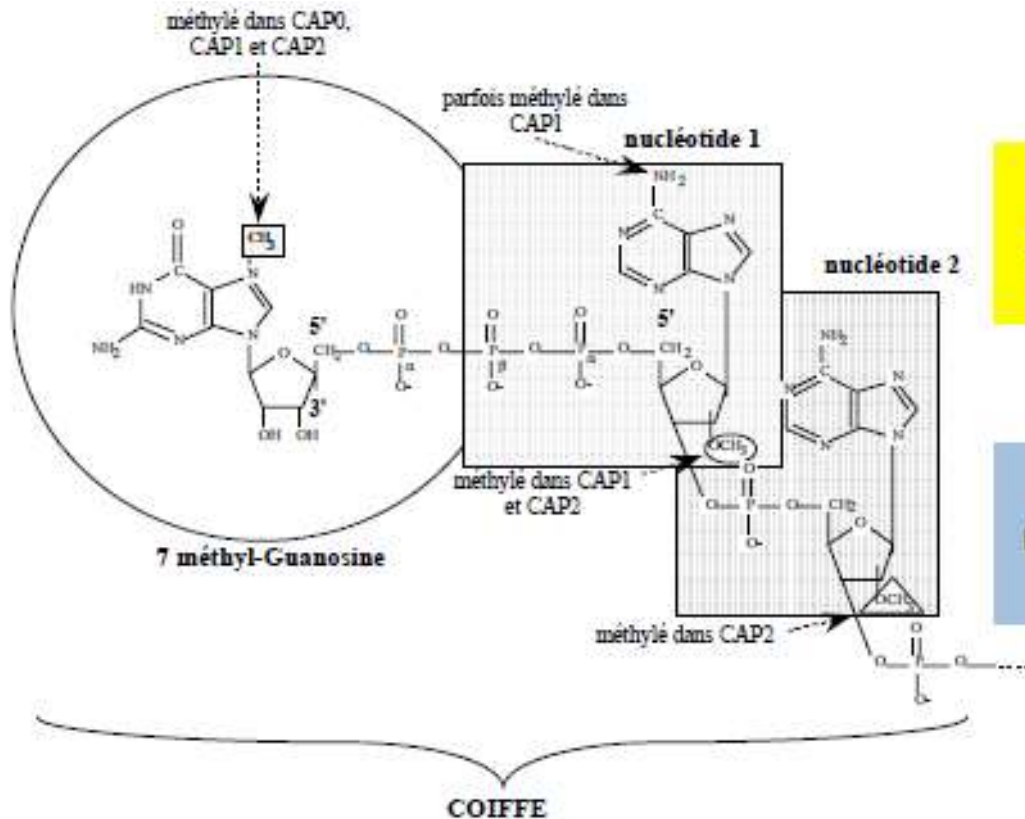
- Capping

- Polyadénylation

- Epissage



α - Coiffe ou capping



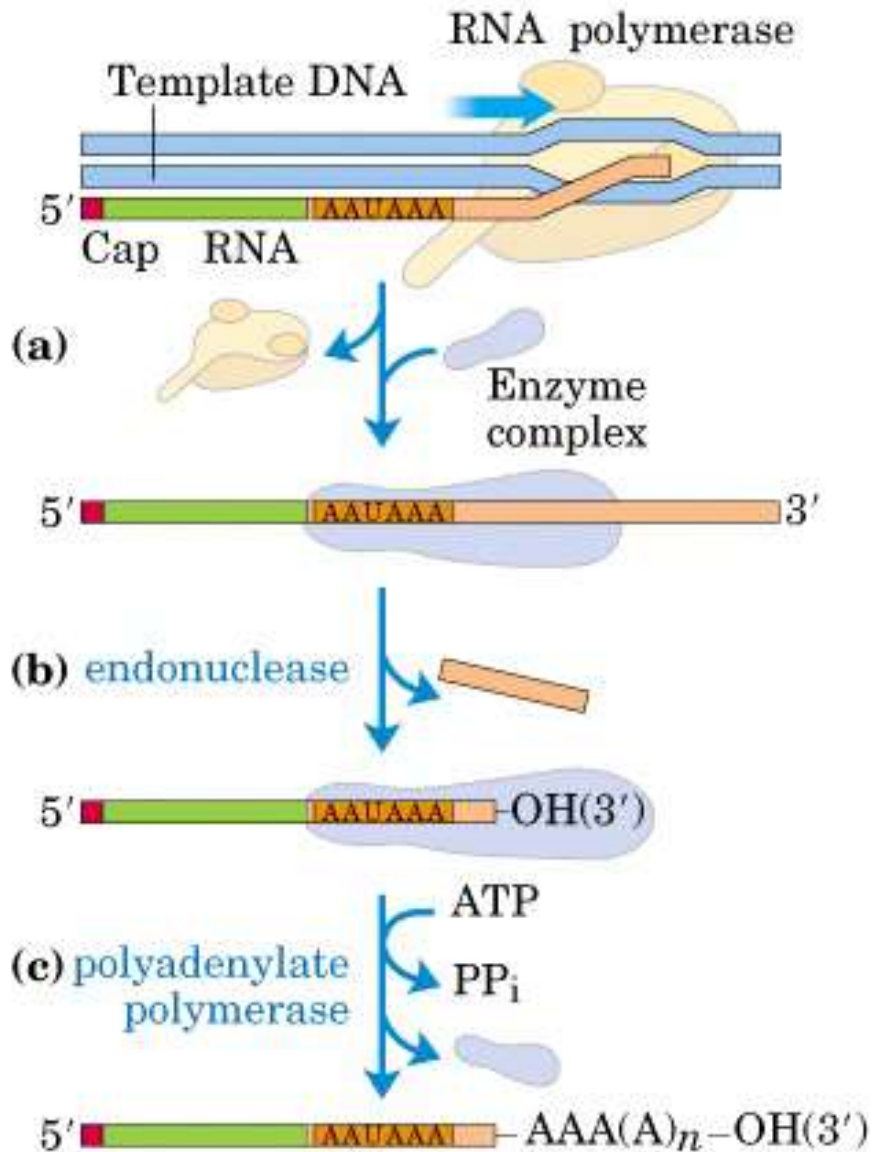
**signal de
reconnaissance pour
les ribosomes**

**Dernière base du
messager inaccessible
aux ribonucléases**

**Augmente
l'efficacité
de la
traduction**

Guanosine méthylée sur l'azote 7 fixée à l'extrémité 5' par une liaison pyrophosphate 5'-5' à la première base de L'ARN (A ou G)

b- Polyadénylation

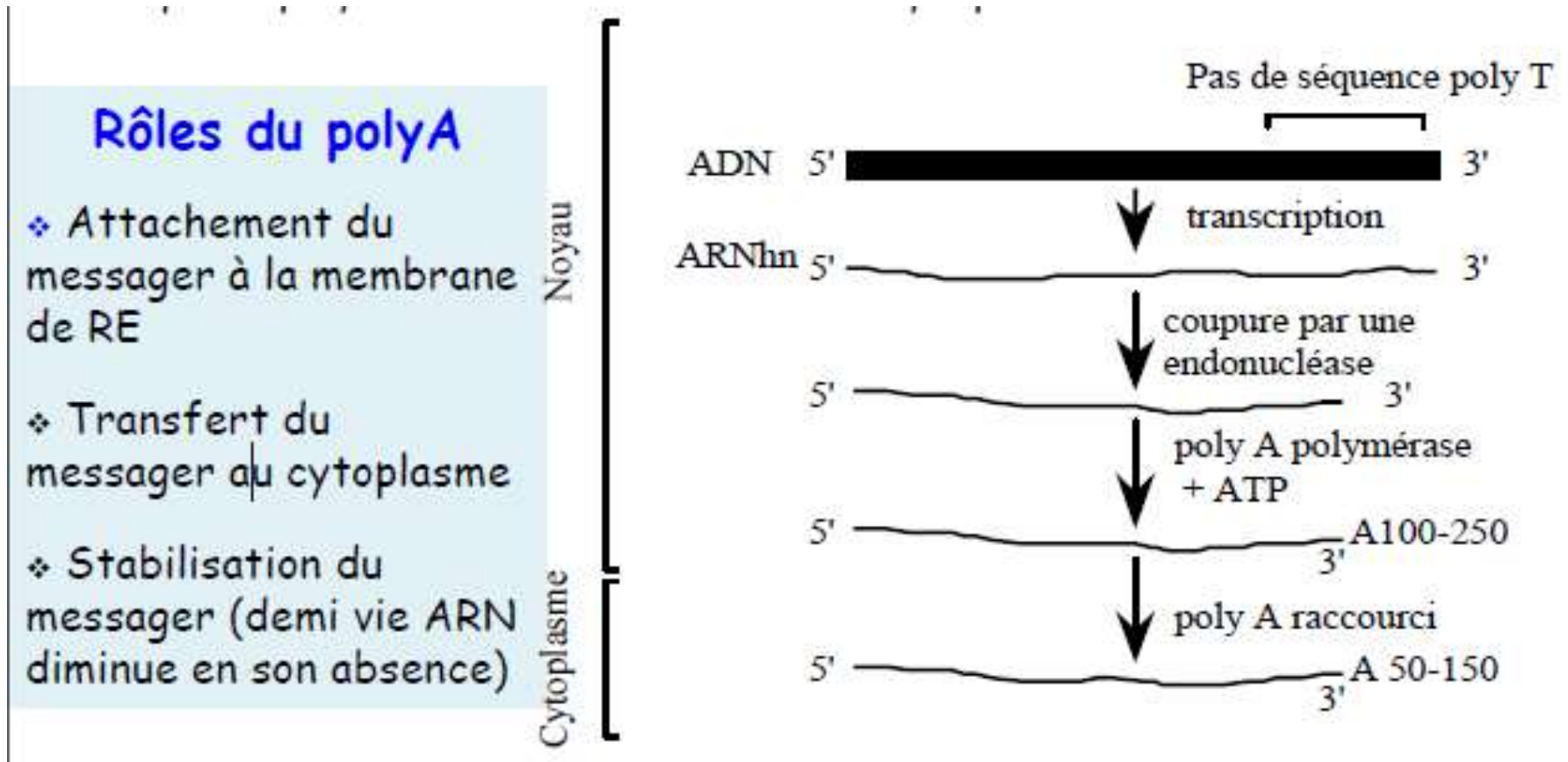


Fin de transcription

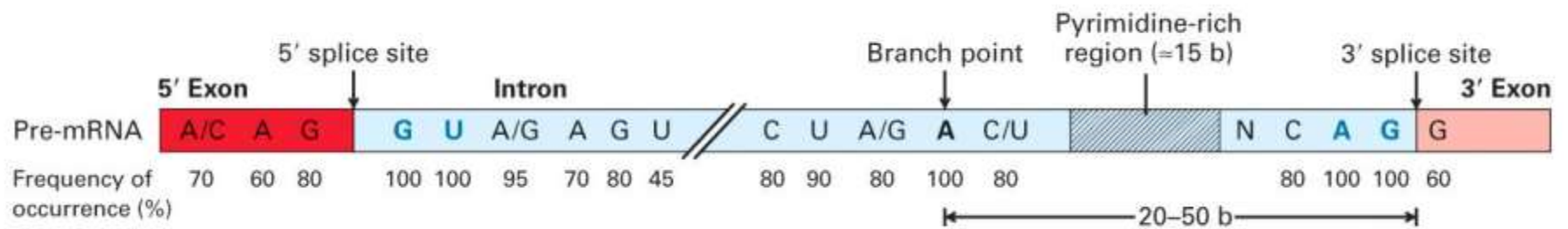
l'ARNm est clivée au niveau d'une séquence conservée hexamérique (AAUAAA) à l'extrémité 3'

Une extrémité poly A est rajoutée par PAP

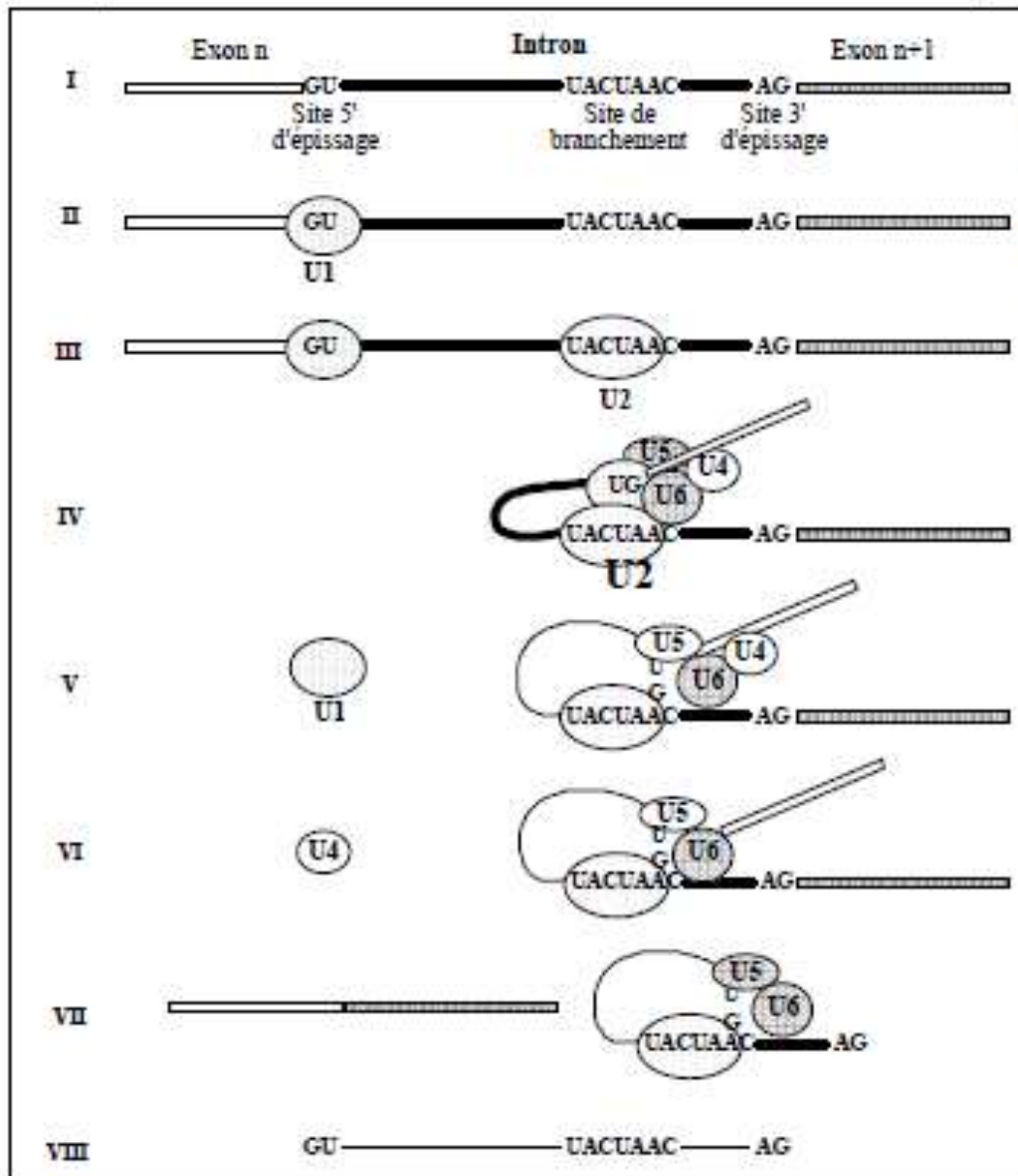
- ❖ La longueur de la queue poly A varie de 100 à 200 nuc.
- ❖ Absente chez les ARNt, les ARNr et les ARNm codant pour les protéines histones
- ❖ La queue polyA sera raccourcie dans le cytoplasme



La queue poly A est une extension composée de 50 à 80 adénines chez *S. cerevisiae*



c- Splicing ou épissage:



❖ U1 reconnaît le site 5' d'épissage

❖ U2 reconnaît le site de branchement

❖ U4/U5/U6 se lie et U5 reconnaît le site 5' d'épissage

❖ U1 se dissocie suivi de U4 et U5 se déplace de l'exon à l'intron

❖ U6 catalyse la transesterification et le site 5' d'épissage est coupé et le lasso est formé.

❖ Le site 3' d'épissage est coupé et les deux exons ligaturés.

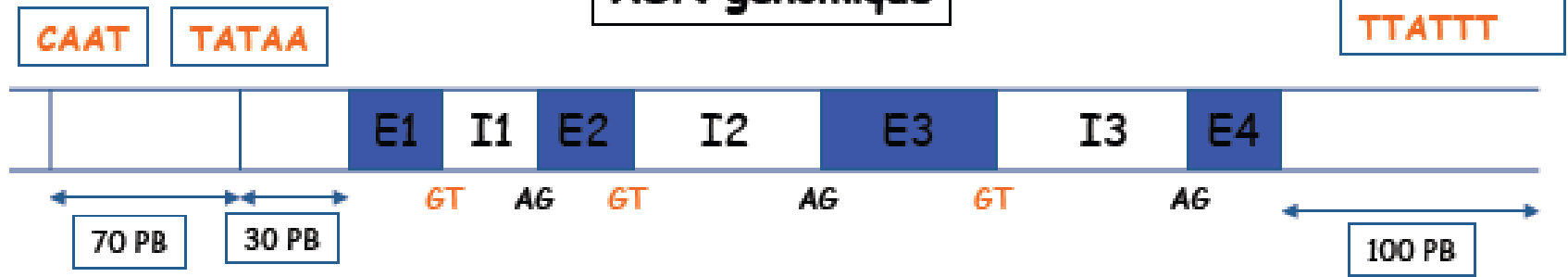
❖ L'ARN épissé est libéré.

Récapitulatif

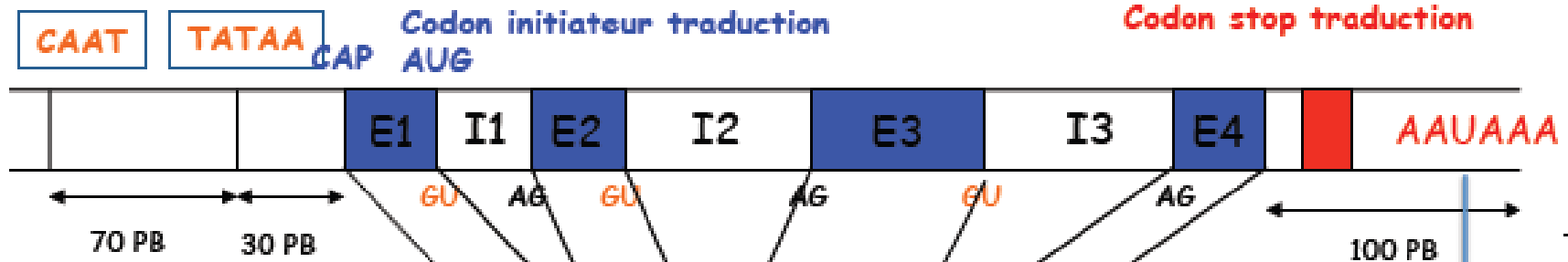
Extrémité 5'

Extrémité 3'

ADN génomique



ARN transcrit primaire



CAP E1 E2 E3 E4 (AAA)_n

GU: site 5' d'épissage
AG: site 3' d'épissage

ARN messager

4. Le protéome des levures

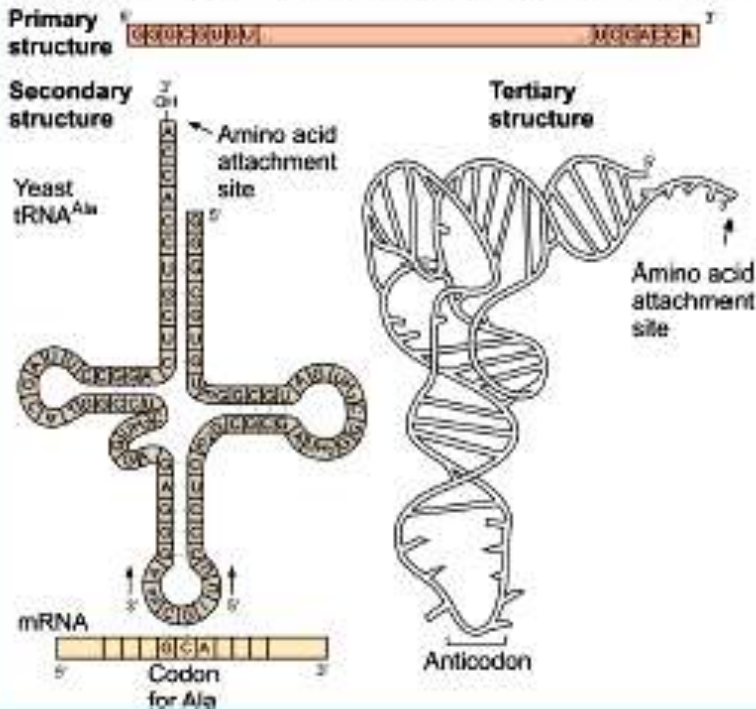
Le code génétique

- La traduction de la séquence nucléotidique en séquence d'acides aminés se fait selon le **code génétique**
- Le code associe une séquence de 3 nucléotides (**codon**) à un acide aminé
- Il est non chevauchant (décalage de 3 nucléotides à chaque fois) et redondant (60 codons pour 20 acides aminés)
- L'adaptation entre un acide aminé et un triplet se fait par un ARN adaptateur: l'ARN de transfert (**tARN**)

Les ARN de transfert (tARN)

Copyright © The McGraw-Hill Companies, Inc. Permission required for reproduction or display.

(b) Each tRNA has a primary, secondary, and tertiary structure.



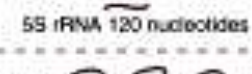
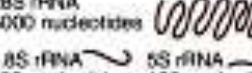
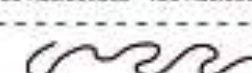
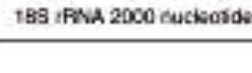
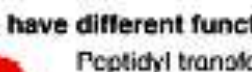
- Ils comportent de 75 à 95 nucléotides
- Ils prennent une conformation en **feuille de trèfle** par appariement Watson-Crick
- Deux caractéristiques majeures:
- Ils possèdent un triplet libre complémentaire d'un codon, c'est **l'anti-codon**
- Leur extrémité 3' se termine par la séquence CCA
- Un tARN va fixer à cette extrémité un acide aminé correspondant au codon complémentaire de l'anti-codon

Chez *S. cerevisiae*, ils comptent pour 15% des ARN totaux

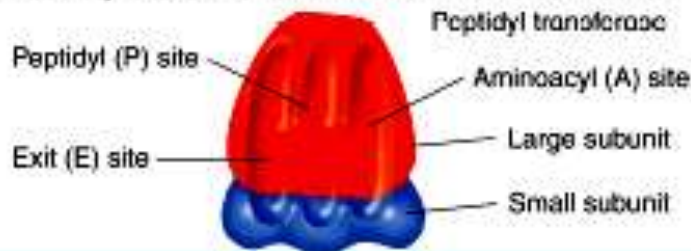
Le ribosome, site de la synthèse peptidique

Copyright © The McGraw-Hill Companies, Inc. Permission required for reproduction or display.

(a) A ribosome has two subunits composed of RNA and protein.

Complete Ribosomes	Subunits	Nucleotides	Proteins
Prokaryotic	 70S	 23S rRNA 3000 nucleotides  16S rRNA 1700 nucleotides	31 21
Eukaryotic	 80S	 28S rRNA 5000 nucleotides  5.8S rRNA 160 nucleotides  5S rRNA 120 nucleotides  18S rRNA 2000 nucleotides	~ 45 ~ 33

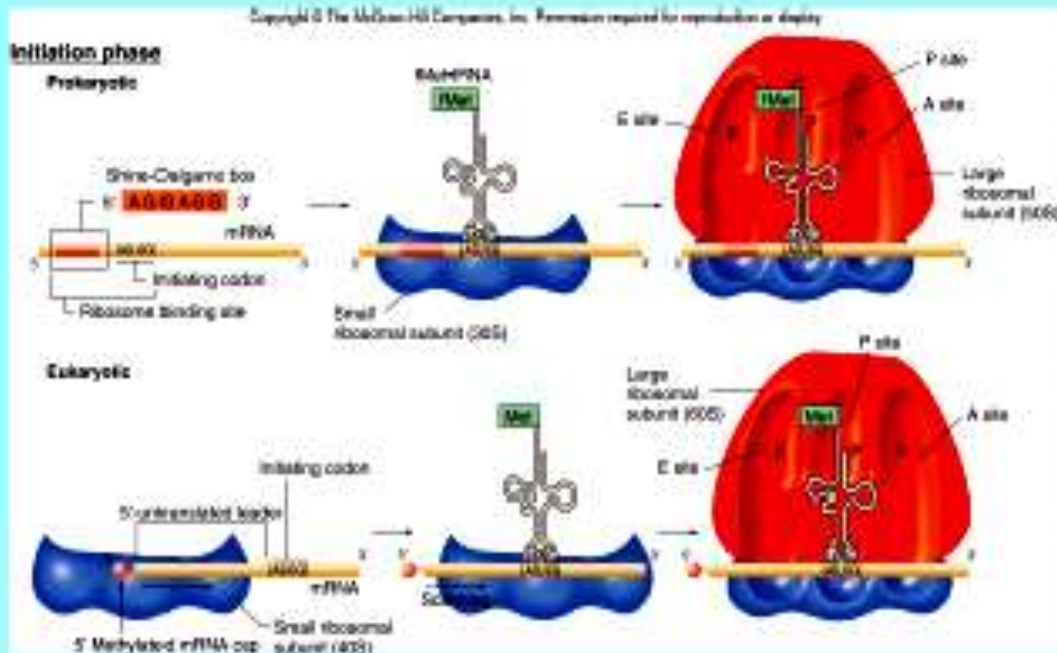
(b) Different parts of a ribosome have different functions.



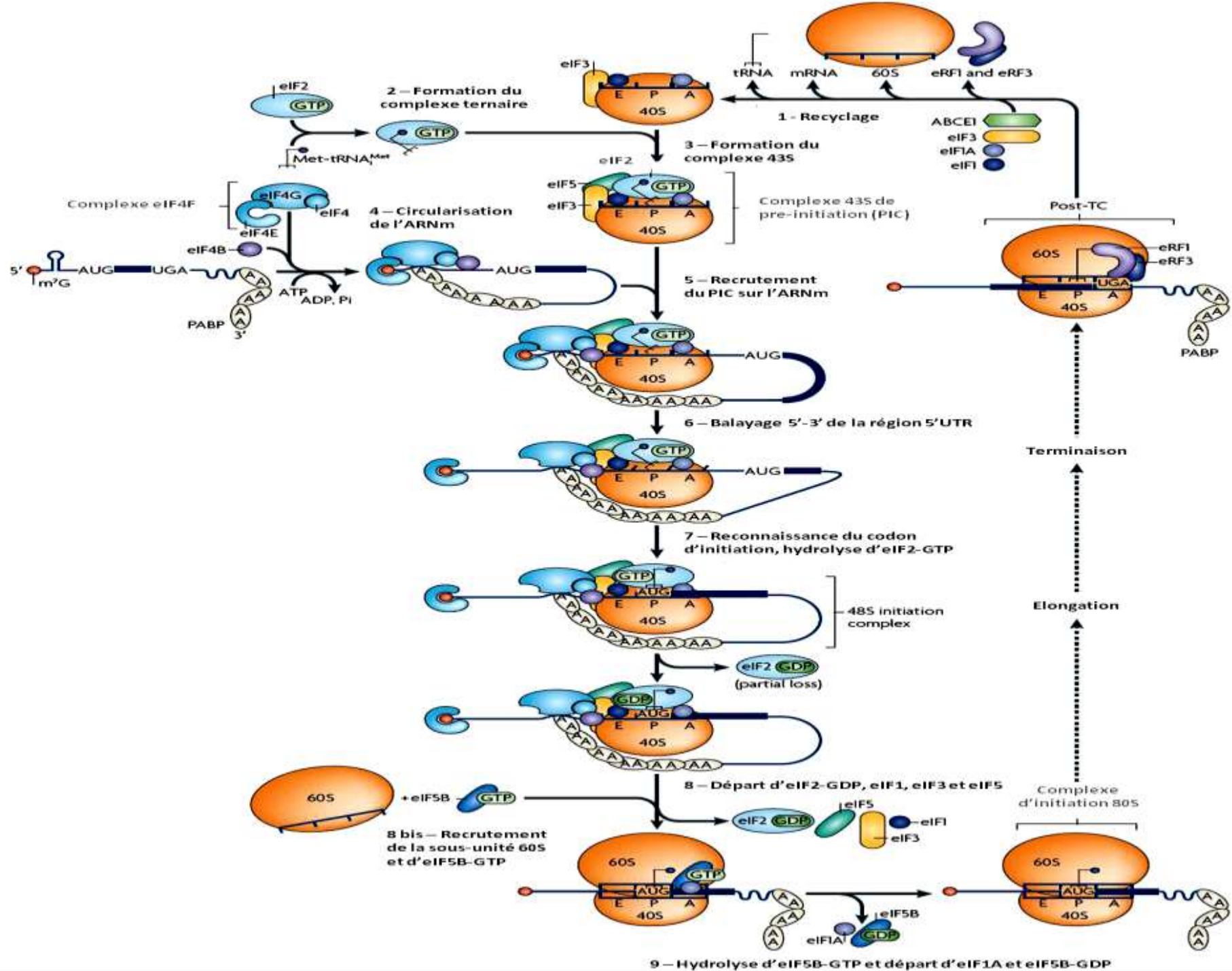
- Le ribosome est un très gros complexe d'ARN et de protéines
- Il comporte une sous-unité légère et une lourde, qui s'associent au moment de la lecture de l'ARNm
- Les compositions sont différentes chez les bactéries et les eucaryotes, mais l'organisation générale est la même
- La sous-unité lourde possède le site de synthèse peptidique; elle a aussi 3 sites pour le tARN

En phase de croissance, une cellule de *S. cerevisiae* compte ~ 200 000 ribosomes

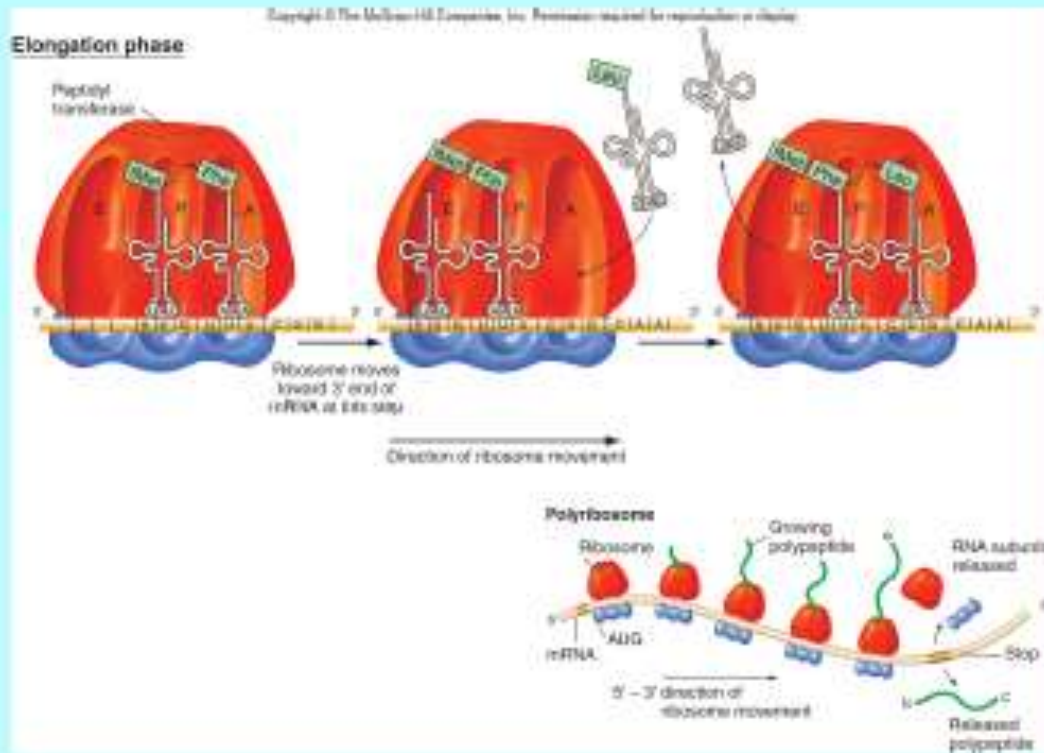
Mécanisme de la traduction (1): Initiation



- L'initiation commence par une interaction du messager avec la sous-unité légère
- Le codon d'initiation AUG est lu par un tARN portant la formylméthionine (bactéries) ou la méthionine
- La sous-unité lourde se fixe alors, positionnant le tARN sur son site P

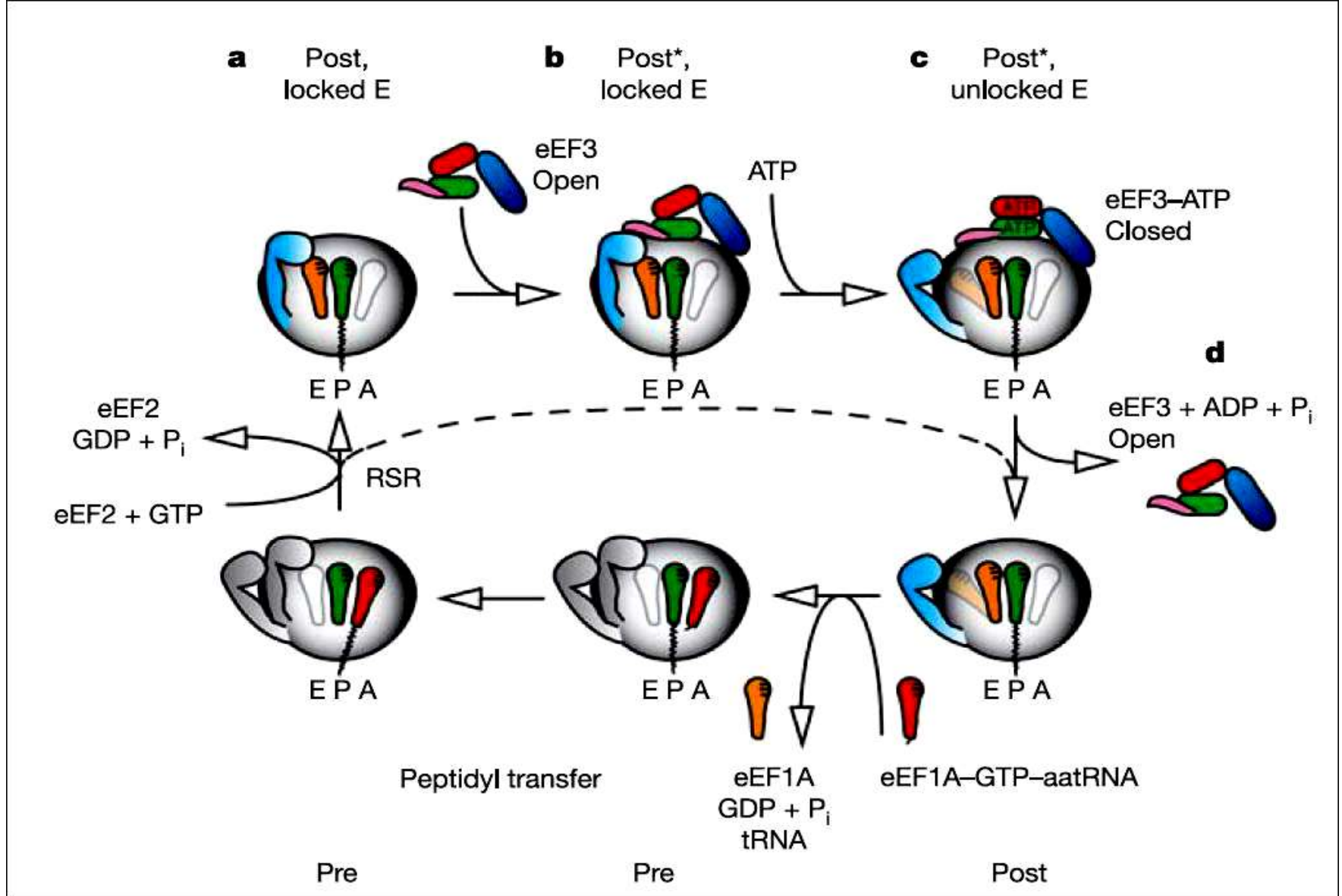


Mécanisme de la traduction (2): Élongation



- L'élongation implique l'arrivée du second tARN sur le site A et la formation de la liaison peptidique
- La chaîne se fait de N-> C et l'ARN est lu de 5' -> 3'; l'ARN libre va sur le site E
- Plusieurs ribosomes peuvent traduire le même mARN: polysomes

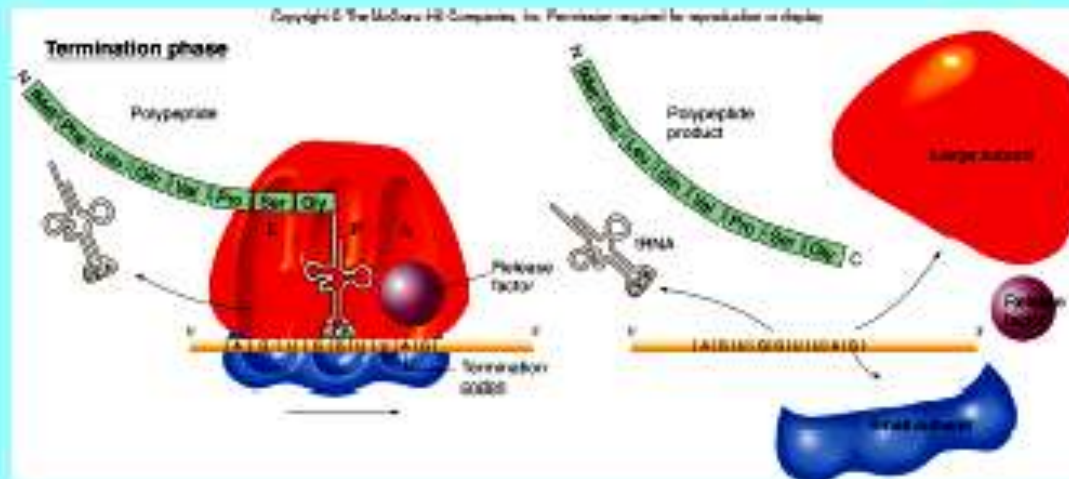
Bactérien	Eucaryote
Ribosome 70S	Ribosome 80S
Sous-unité 50S	Sous-unité 40S
ARNr 16S (G530, A1492, A1493)	ARNr 18S (G577 A1755 A1756 chez <i>S. cerevisiae</i>)
Sous-unité 30S	Sous-unité 60S
ARNr 23S et 5S	ARNr 25S ; 5,8S et 5S
EF-Tu (Elongation Factor-Thermo unstable)	eEF1-A
EF-G	eEF2



Rôle d'eEF3 dans l'élongation chez *S. cerevisiae*

Le facteur d'élongation eEF3 se fixe sur la sous-unité 60S du côté du site E. Il aiderait à la sortie de l'ARNt déacylé du site E.

Mécanisme de la traduction (3): Terminaison



- La synthèse finit quand apparaît un codon stop, auquel aucun tARN n'est associé
- On observe le détachement de la chaîne peptidique et la dissociation du ribosome

Prokaryotes

Eukaryotes

Elongation

EF-Tu
EF-Ts
EF-G

eEF-1 α $\longrightarrow$ Binding of aminoacyl-tRNA to the A-site
eEF-1 $\beta\gamma$ $\longrightarrow$ Generation of active EF-Tu/ eEF-1 α
eEF-2 $\longrightarrow$ translocation

Termination

RF-1
(UAA, UAG)
RF-2
(UGA, UAA)

eRF-1
(UAA
UAG
UGA)

} Recognition of termination codons

RF-3

eRF-3 $\longrightarrow$ Cooperates with RF1 and RF2

5. Analyse des mutations biochimiques, des tétrades

L'analyse de tétrades est utilisée pour localiser des gènes chez les champignons et des algues unicellulaires. Ces organismes sont haploïdes et présentent un cycle de développement haplobiontique ou haplodiplobiontique

- Exemples

- *Neurospora crassa* – moisissure rose

- *Saccharomyces cerevisiae* – levure de bière

Ces organismes sont haploïdes

(cours 2^{ème} année génétique des haploïdes)

6. Complémentation et conversion génique

La complémentation fonctionnelle est un phénomène qui a permis de comprendre la fonction biochimique du gène car il trouve son explication dans cette fonction. C'est un phénomène résultant du fait qu'un gène code pour une chaîne peptidique, un produit diffusible au sein de la cellule (voire au sein de l'organisme si elle est sécrétée).

D'un point de vue expérimental, la complémentation fonctionnelle permet de comprendre pourquoi et comment le croisement de deux souches mutantes de même phénotype peuvent avoir une descendance de phénotype sauvage, en considérant l'exemple suivant, où il est très important de noter l'enchaînement des étapes expérimentales et leur relation logique.

On dispose de deux souches haploïdes de levure, respectivement notées A et B auxotrophes pour l'histidine, phénotype noté [his-], et de la souche SSR prototrophe pour l'histidine, de phénotype noté [his+]. On souhaite, par l'analyse génétique de ces mutants, entreprendre l'analyse génétique du processus de biosynthèse de l'histidine.

La **conversion génique** est le transfert non réciproque d'une information de séquence. L'échange peut se faire entre une paire de séquence non allélique (on parle dans ce cas de conversion génique interallélique), ou entre une paire de séquence allélique (dans ce cas on parle d'une conversion génique intrallélique).

7. Génétique des mitochondries.

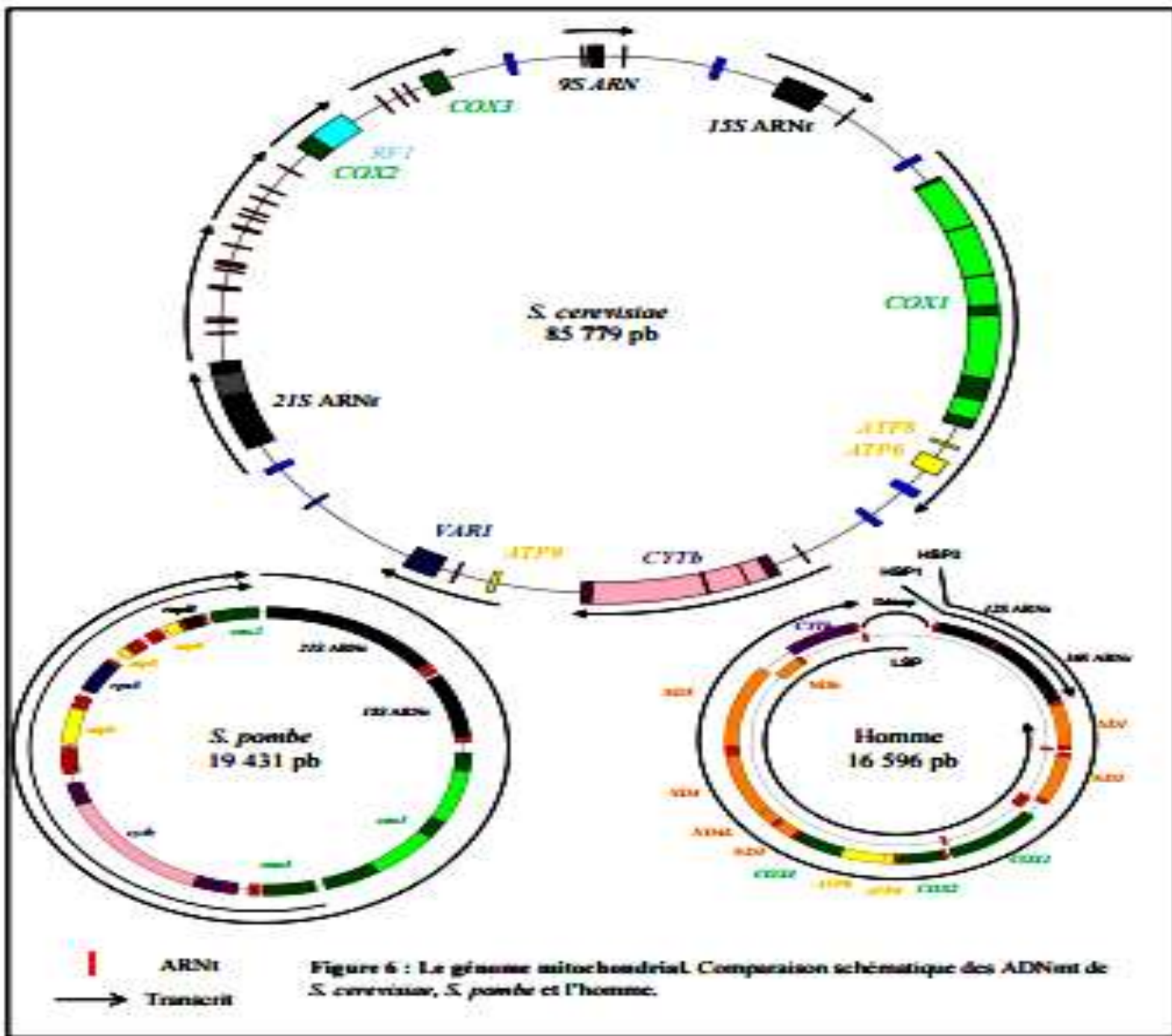
La taille du génome mitochondrial varie en fonction des organismes, il fait chez *S. cerevisiae* 85,7 kb et 19,4 kb chez *S. pombe*.

chez *S. cerevisiae*, le génome mitochondrial a longtemps été admis comme étant circulaire mais des études plus récentes mettent cette hypothèse en doute.

Le génome mitochondrial de la levure *S. cerevisiae* comportant 43 gènes, codant 19 protéines, 25 ARN de transfert et 2 ARN ribosomiques. Les séquences codantes représentent 23 % du génome.

Les gènes du génome mitochondrial de levure

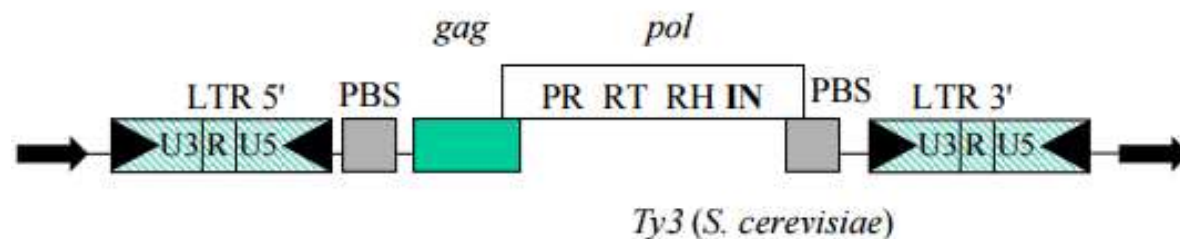
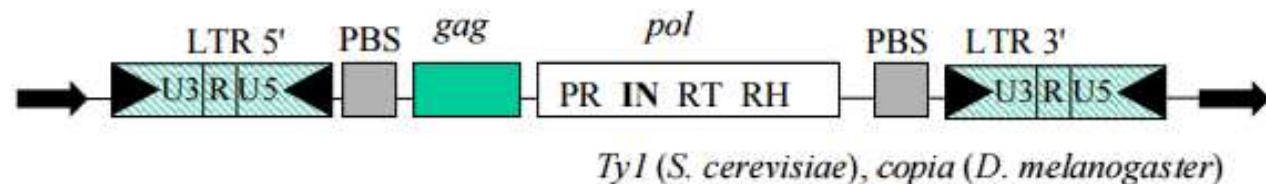
gènes codant une protéine	protéine	ARNt(Codon)		ARNr	Autre
gènes codant une protéine	protéine	Pro(UGG)	Try(UCA)	RRN15S	RPM1
COX1	complexe IV	Glu(UUC)	Ser(UGA)	RRN21S	
AI5_α		Thr(UGU)	Cys(GCA)		
AI4		His(GUg)	Leu(UAA)		
AI3		Gln(UUG)	Lys(UUU)		
AI1		Arg(UCU)	Gly(UCC)		
ATP8	complexe V	Asp(GUC)			
ATP6	complexe V	Arg(ACG)			
COB		Ile(GAU)			
BI4		Asn(GUU)			
BI3		Phe(GAA)			
BI2		Thr			
OLI1		Val(UAC)			
VAR1	protéine ribosome	Met(CAU)1			
SCEI		Met(CAU)2			
COX2	complexe IV	Tyr(GUA)			
Mat		Ala(UGC)			
COX3	complexe IV				



8. Éléments transposables.

La levure *Saccharomyces cerevisiae* contient 5 familles de rétrotransposons à LTR (*long terminal repeat sequence*), Ty1 à Ty5 ,par exemple Ty1 étant la plus abondante avec 32 copies entières. La rétrotransposition de Ty1 est activée lors de stress ou lors de changements environnementaux.

Les rétrotransposons ne se déplacent pas directement sous forme d'ADN. Comme n'importe quel gène classique, ils sont d'abord copiés on dit « transcrits » en une molécule d'ARN. Puis intervient une enzyme codée par le rétrotransposon, la transcriptase inverse, celle-là même qui permet aux rétrovirus, comme celui du sida, de s'intégrer dans les chromosomes des cellules. Elle fabrique, à partir de l'ARN, un nouveau fragment d'ADN identique à l'original. Ce fragment libre d'ADN peut alors s'introduire ailleurs dans le génome par une deuxième protéine (une intégrase ou une endonucléase). Les rétrotransposons possèdent, à chaque extrémité, deux longues séquences identiques de deux cents à quatre cents nucléotides, cette fois de même orientation. Ces séquences - les LTR pour *long terminal repeat* - sont elles-mêmes encadrées par des séquences plus courtes en miroir. Bien que la transposition se fasse habituellement par copie, les rétrotransposons peuvent être également excisés, mais le phénomène est encore très mal connu.



les gènes ***gag*** et ***pol***. Chez les rétrovirus, le gène *gag* code pour une polyprotéine qui donne trois protéines matures : la protéine de la matrice, la protéine de la capsid et la protéine de la nucléocapsid qui composent la capsid virale. Chez les rétrotransposons, l'utilité du gène *gag* n'est pas encore élucidée. Le gène *pol* code pour une polyprotéine qui, après protéolyse, forme les protéines requises pour la transposition, notamment une protéase, une transcriptase inverse nécessaire à la rétrotranscription, une Rnase H et une intégrase, qui permet l'insertion de l'élément dans le génome.

9. Outils et moyens de la transformation génétique de la levure : applications pratiques

La levure *saccharomyces ceriviciae* est couramment utilisée comme cellule hôte pour le clonage et l'expression des gènes eucaryotes. Cinq raisons expliquent ce choix :

- Elle peut être cultivée et manipulée à peu près de la même façon que des cellules bactériennes
- La génétique de la levure a été intensément étudiée, et les chercheurs disposent d'une carte génétique très développée

- Le génome complet de la levure à été séquencé et la plupart des gènes ont été identifié
- Pour étudier la fonction de certaines protéines eucaryote ; il est nécessaire d'utiliser une cellule hôte qui peut modifier la protéine post-traductionnelle afin quelle puisse adopter une conformation fonctionnelle. Par contre les cellules bactériennes ne peuvent pas exécuter ces modifications et elles dégradent rapidement les protéines male conformées.
- C'est un organisme sans danger pouvant servir à la production de protéine pour des vaccins ou des agents thérapeutiques

10. Division et cycle cellulaire des levures

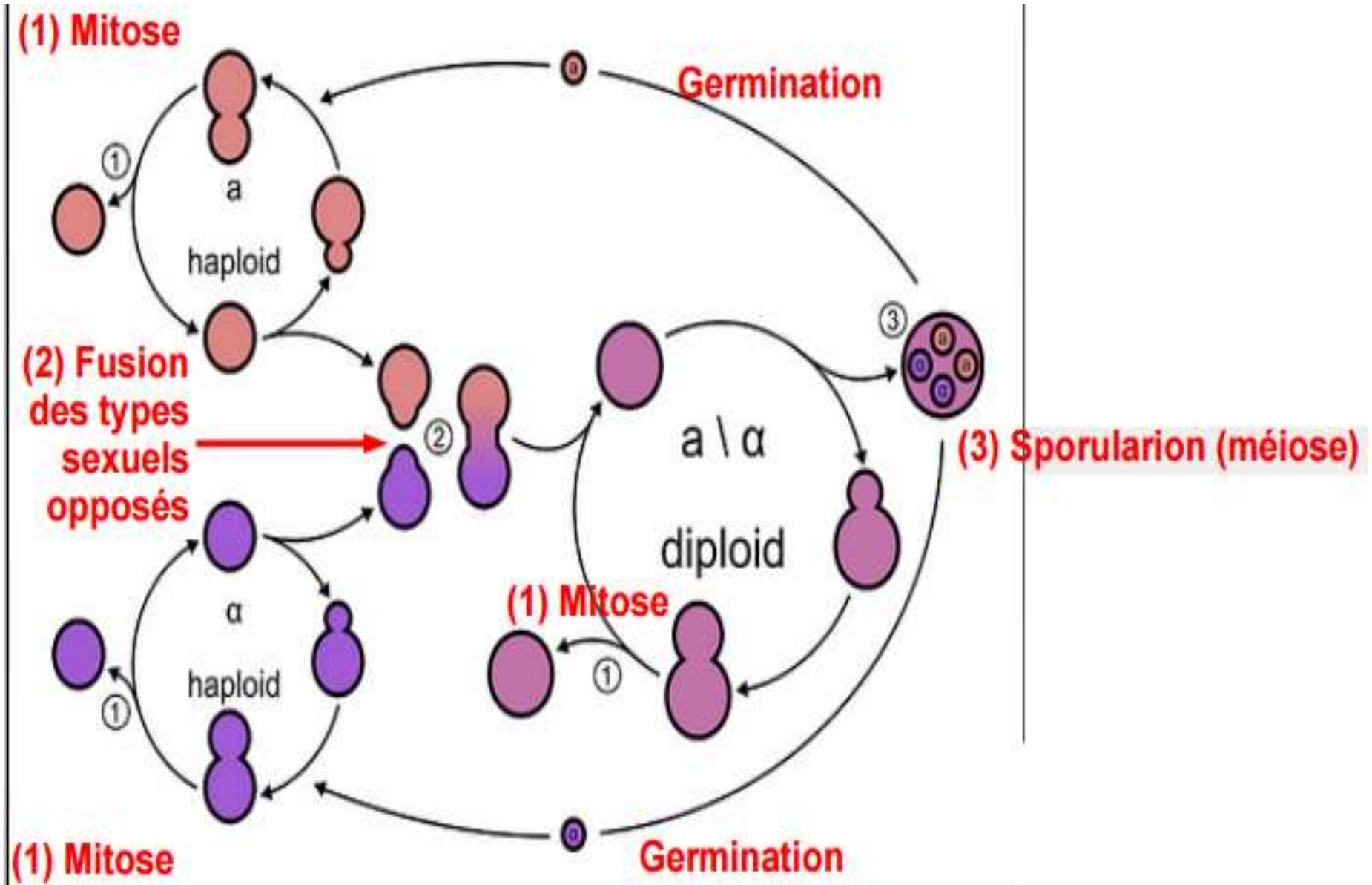
Saccharomyces cerevisiae est capable de se multiplier sous deux formes : une forme diploïde ($2n = 32$ chromosomes) et une forme haploïde ($1n = 16$ chromosomes).

Les cellules haploïdes se multiplient en bourgeonnant : la cellule mère bourgeonne une cellule fille plus petite (mitose), mais possédant la même information génétique. Il existe des cellules haploïdes « a » et des cellules haploïdes « α » qui correspondent à des signes sexuels distincts. Ces deux types de cellules ne se distinguent pas morphologiquement mais par la phéromone qu'elles produisent : MAT a ou MAT α .

Les phéromones libérées permettent l'amorce du processus de fécondation en se liant à un récepteur spécifique. Ensuite c'est la fusion entre une cellule « a » et une « α » qui donne naissance à une cellule diploïde « a/α ». Tant que l'environnement est favorable, le diploïde se multiplie par bourgeonnement. Si les nutriments viennent à manquer, la cellule repasse en phase haploïde par un processus de méiose. On obtient finalement quatre noyaux haploïdes qui sont inclus dans les spores (ascospores) contenues dans un sac appelé asque. L'enveloppe de l'asque se rompt à maturité et libère alors deux cellules « a » et deux cellules « α » qui peuvent recommencer le cycle.

Les souches industrielles sont souvent polyploïdes (3, 4, 5n Chromosomes) et donc possèdent plusieurs gènes pour un même caractère. Elles sont donc plus stables génétiquement car difficiles à faire muter. La plupart de ces souches sont incapables de sporuler dans les conditions de culture industrielle et se reproduisent par bourgeonnement.

Modes de reproduction : -
asexué, par bourgeonnement ("budding") -
sexué



11. Reproduction sexuée chez les levures (cycle haplodiplobiontique)

L'espèce *Saccharomyces cerevisiae* présente un cycle haplodiplobiontique. Les levures haploïdes peuvent se différencier en gamètes - à la forme caractéristique - sous l'action de phéromones sexuelles.

On distingue 2 signes sexuels opposés appelés MAT_a et MAT_α (de l'anglais mating type). 2 gamètes de type sexuel opposés qui se rencontrent sont capables de fécondation pour donner un zygote diploïde qui sera à l'origine d'une multiplication végétative à l'état diploïde par bourgeonnement. Dans certaines conditions de milieu, les cellules diploïdes entrent en méiose et forment des spores haploïdes contenues dans un asque (*Saccharomyces cerevisiae* est un ascomycète). Chaque spore donnera, par multiplication par bourgeonnement, un clone haploïde..

CYCLE DE LA LEVURE *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

Cycle haplo-diplobiontique

