

TP B10

Les mécanismes de l'évolution

PopG Settings

Population size: 16

Fitness of genotype AA: 1.0

Fitness of genotype Aa: 1.0

Fitness of genotype aa: 1.0

Mutation from A to a: 0.0

Mutation from a to A: 0.0

Migration rate between populations: 0.0

Initial frequency of allele A: 0.5

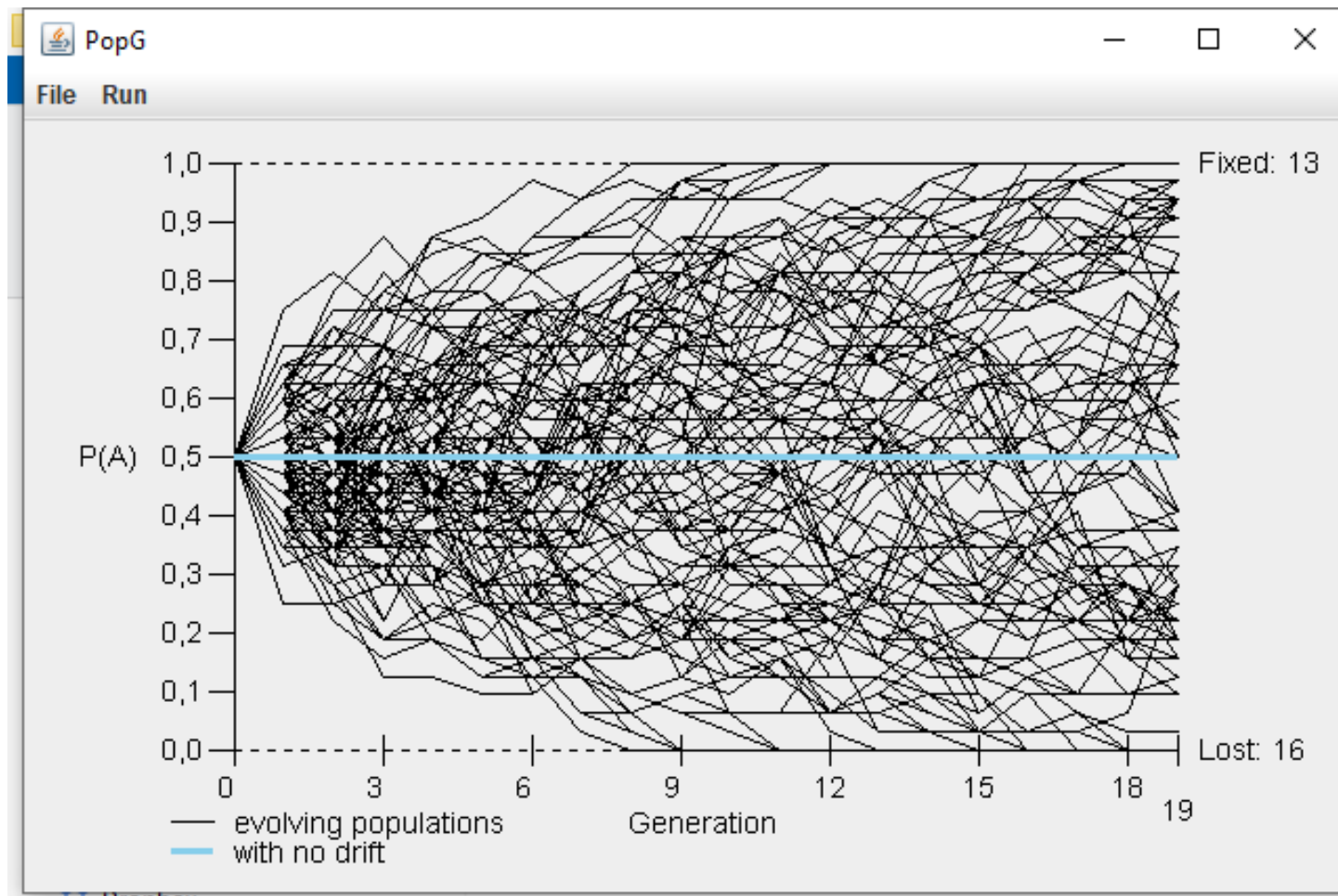
Generations to run: 19

Populations evolving simultaneously: 108

Random number seed: (Autogenerate)

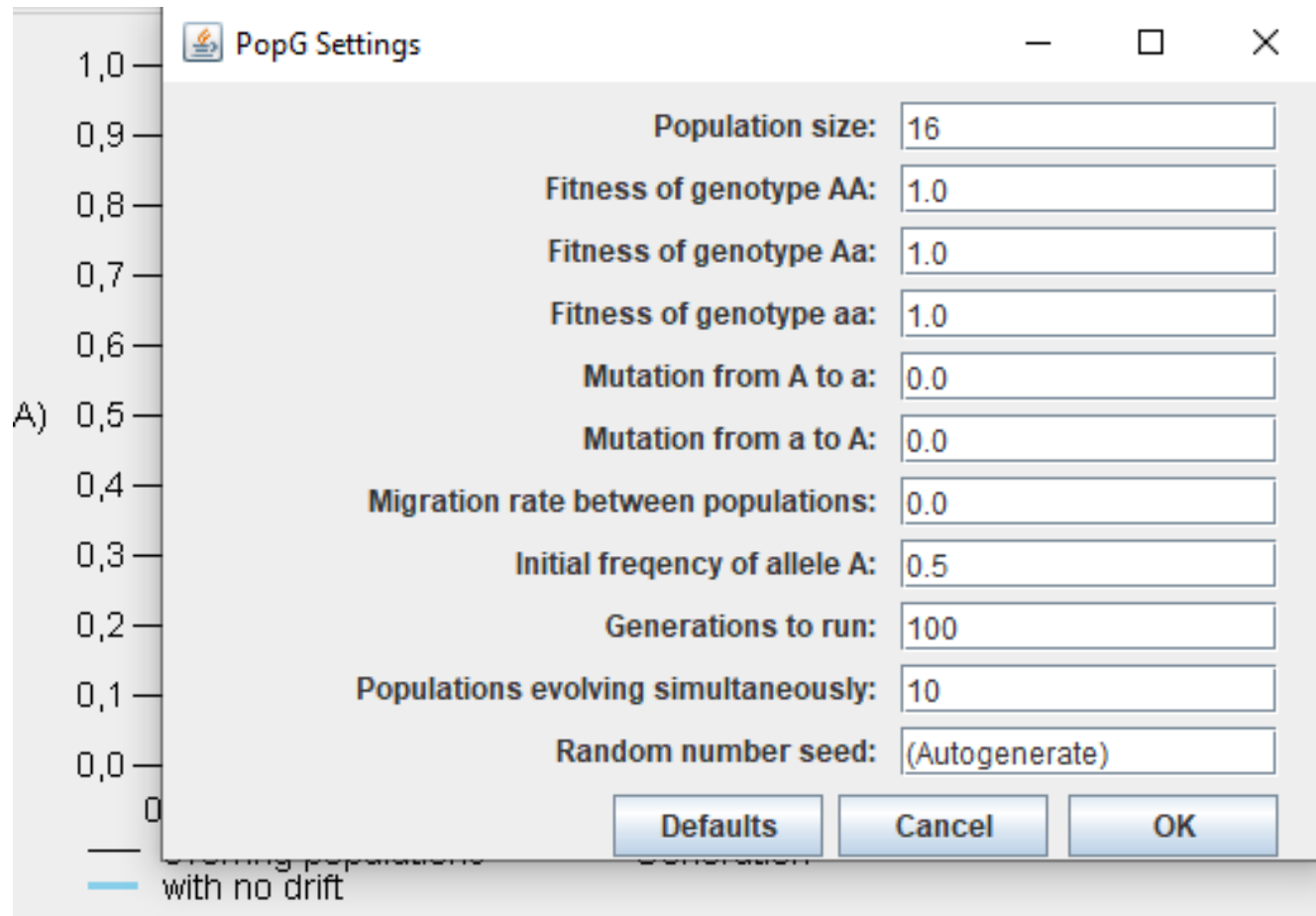
Defaults Cancel OK

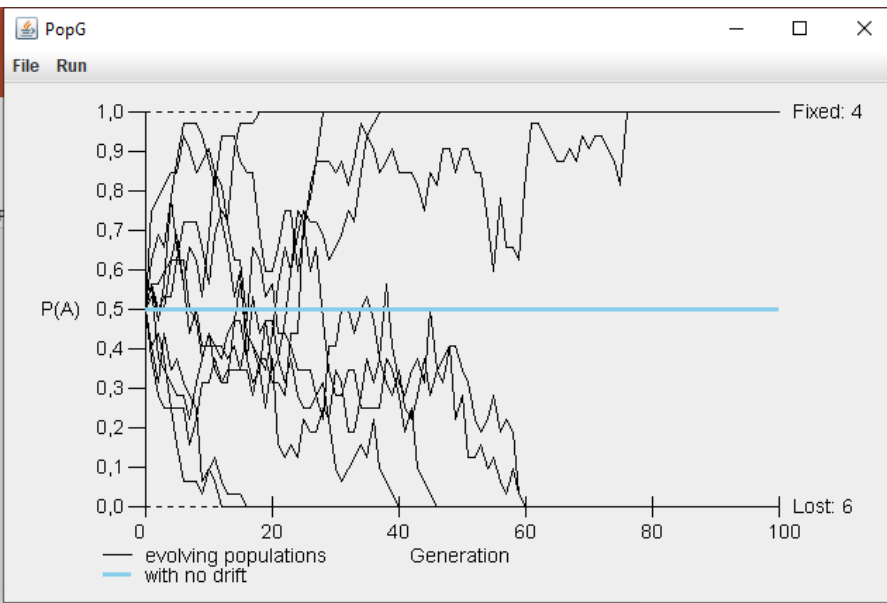
Expérience de Buri



Un exemple de résultats

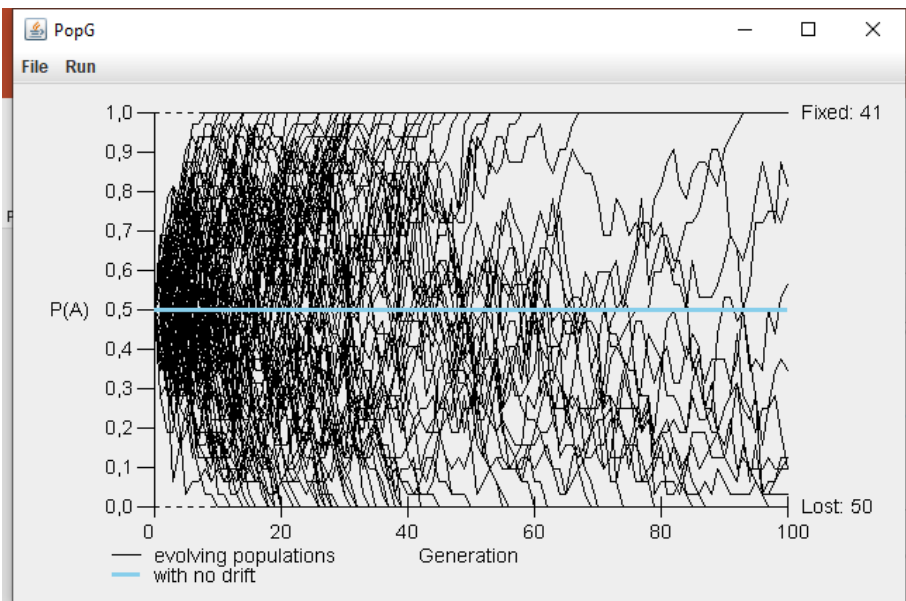
Nombre de populations = 10





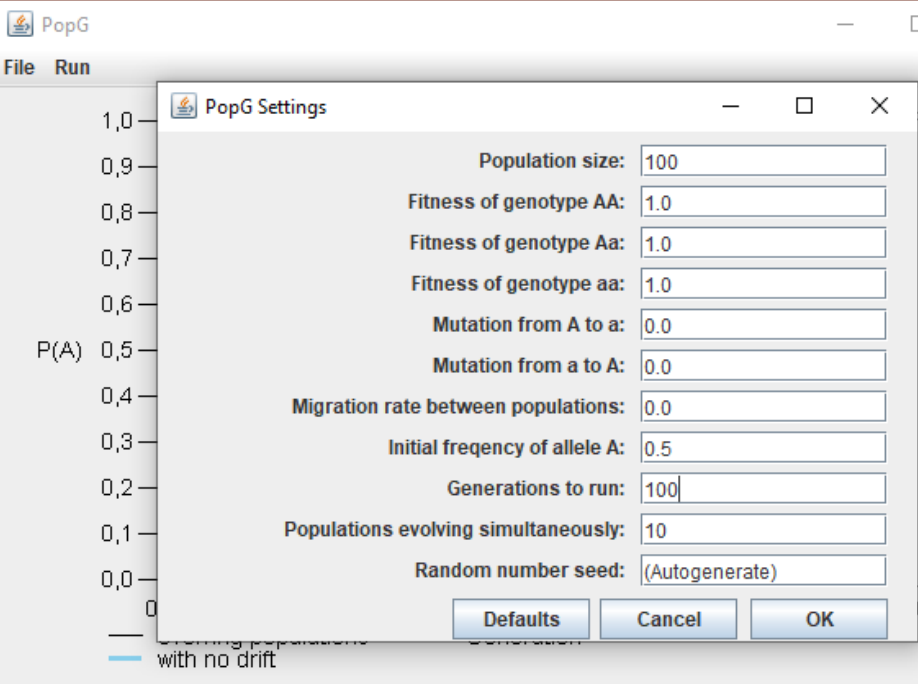
Résultats pour un nombre de populations = 10

Les 2 allèles sont présents jusqu'à 80 génération.



Résultats pour un nombre de populations= 100

Les 2 allèles sont encore présents au bout de 100 générations



Influence de la fréquence allélique

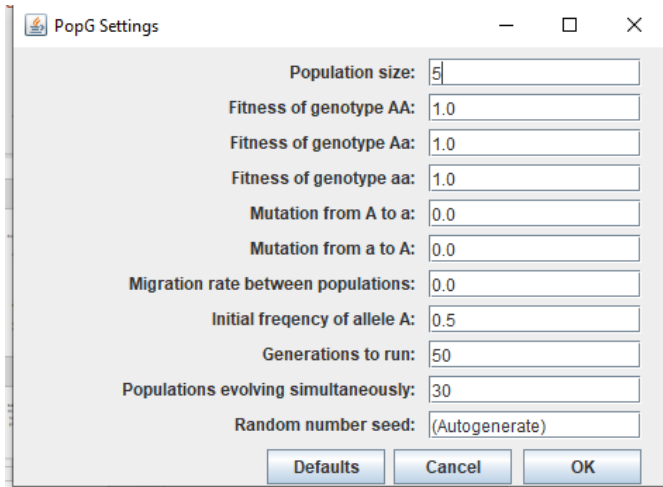
On garde les paramètres ci contre (sauf la fréquence allélique) et on regarde le nombre de générations avant élimination

Fréquence initiale	0,5	0,4	0,3	0,2	0,1	0,05	0,04	0,03	0,02	0,01
Nb générations avant élimination	640	1010	750	490	540	240	50		65	30

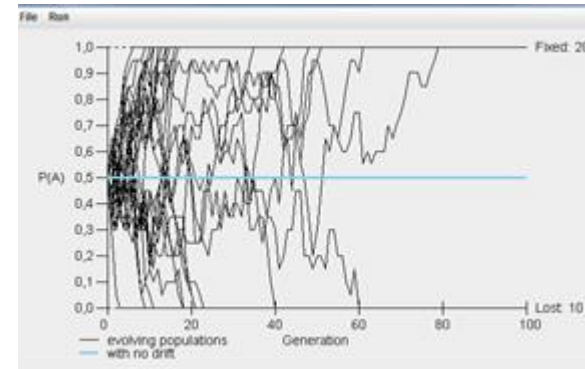
Exemple de résultats

Pour un effectif donné, la fréquence d'un allèle a peu d'effet sur la dérive tant que la fréquence est supérieure à 0,05. En dessous, plus la fréquence est faible et plus le laps de temps avant l'élimination de cet allèle est court.

Influence de la taille de la population



On choisit 30 populations et on fait varier l'effectif de 5 à 500
Chaque groupe « travaille » sur un effectif



Exemple de résultats obtenus

Exemple de résultats N=10, un allèle éliminé dans chacune des populations en 80 générations.

Effectif	5	10	20	30	40	50	75	100	250	500
Délai de fixation	30	80	190	300	280	440	380	450	1800	4000

Pour un allèle de fréquence donnée, plus l'effectif de la population est faible et plus le laps de temps avant l'élimination de cet allèle est court. Il semble se dégager des effets de seuils

Effets de la sélection naturelle

PopG Settings

Population size: 10000

Fitness of genotype AA: 1.0

Fitness of genotype Aa: 1.0

Fitness of genotype aa: 0.4

Mutation from A to a: 0.0

Mutation from a to A: 0.0

Migration rate between populations: 0.0

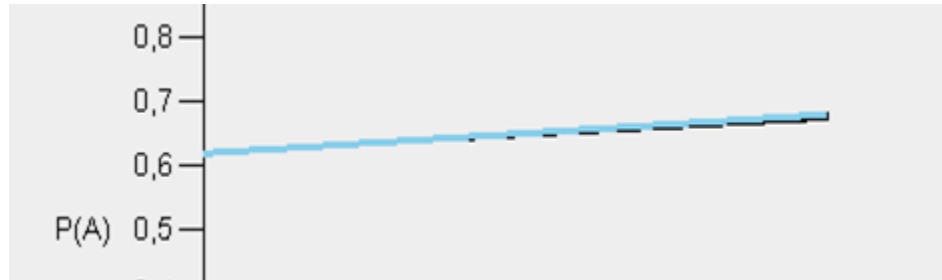
Initial frequency of allele A: 0.615

Generations to run: 1

Populations evolving simultaneously: 10

Random number seed: (Autogenerate)

Defaults Cancel OK



Effectif	10000	1000	500	100	50	10	5
Δp	0,6	0,4 à 0,6	0,4 à 0,6	0 à 1			0,5 à 0,8

L'effet est variable pour les petits effectifs

Ce qui est simulé ici , c'est une sélection directionnelle

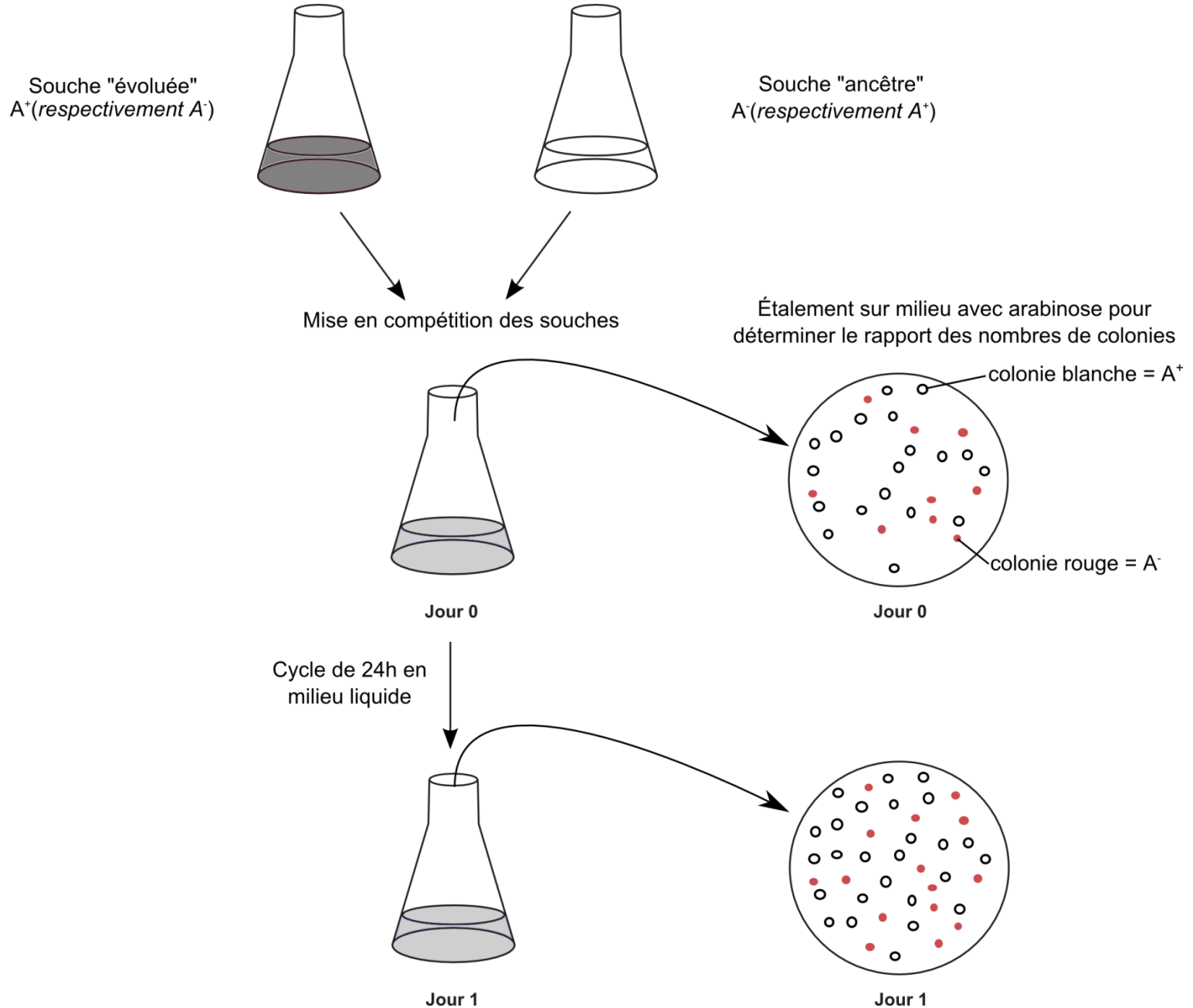
Simuler un **sélection balancée avec une valeur sélective fréquence dépendante**

Repérer manuellement le nombre de générations au bout desquelles $f(c)$ est inférieure à 0,05 (aux alentours de 40)

Simuler une sélection balancée avec une valeur sélective élevée des hétérozygotes

Population size:	<input type="text" value="100"/>
Fitness of genotype AA:	<input type="text" value="0.5"/>
Fitness of genotype Aa:	<input type="text" value="1.0"/>
Fitness of genotype aa:	<input type="text" value="0.5"/>
Mutation from A to a:	<input type="text" value="0.0"/>
Mutation from a to A:	<input type="text" value="0.0"/>
Migration rate between populations:	<input type="text" value="0.0"/>
Initial frequency of allele A:	<input type="text" value="0.5"/>
Generations to run:	<input type="text" value="100"/>
Populations evolving simultaneously:	<input type="text" value="10"/>
Random number seed:	<input type="text" value="(Autogenerate)"/>

Figure 1.1. Protocole de R. LENSKI (*E. coli* Long term experimental evolution)



1. La valeur sélective d'un groupe d'individus porteurs d'un trait est quantifiée par le nombre de ses descendants.

Soit w_A et w_E les valeurs sélectives respectives d'une population « ancêtre » et « évoluée ».

Dans des conditions données, w_A et w_E sont définis par :

$w_A = \text{Nbre de descendants de la population « ancêtre »} / \text{nbre de descendants moyens d'une population d'E.coli}$

$w_E = \text{Nbre de descendants de la population « évoluée »} / \text{nbre de descendants moyens d'une population d'E.coli}$

La culture mixte place les bactéries A et E en situation de compétition. On pourra donc évaluer la valeur sélective relative d'une population par rapport à l'autre. Par exemple celle de E/A : w_{E-A}

$w_{E-A} = \text{Nbre de descendants de la population « évoluée »} / \text{Nbre de descendants de la population « ancêtre »}$

On pourrait donc proposer la relation suivante pour calculer w_{E-A} .

$$w_{E-A} = (N_{1E} - N_{0E}) / (N_{1A} - N_{0A})$$

Mais compte tenu du nombre des descendants produits chaque jour, il sera plus intéressant calculer un rapport des nombres de colonies qu'une différence.

L'utilisation d'une échelle logarithmique facilitera la représentation des résultats.

	Culture A		Culture E	
	J0	J1	J0	J1
Comptage	204	107	192	319
Dilution	$100 \cdot 100 \cdot 10 = 10^5$	$100 \cdot 10^5 = 10^7$	$100 \cdot 100 \cdot 10 = 10^5$	$100 \cdot 10^5 = 10^7$
Nbre de cellules /mL	$2,04 \cdot 10^7$	$1,07 \cdot 10^9$	$1,92 \cdot 10^7$	$3,19 \cdot 10^9$
N1X/N0X	52,45		166,15	
Ln(N1X/N0X)	3,96		5,11	

Bien prendre en compte le facteur dilution, à J1, les cultures ont été diluées 100 fois plus qu'à J0

D'où $w_{E-A} = 1,3$

Le coefficient de sélection correspondant est $s = 1 - w = -0,3$

Les populations « évoluées » ont une meilleure fitness que les populations ancestrales.

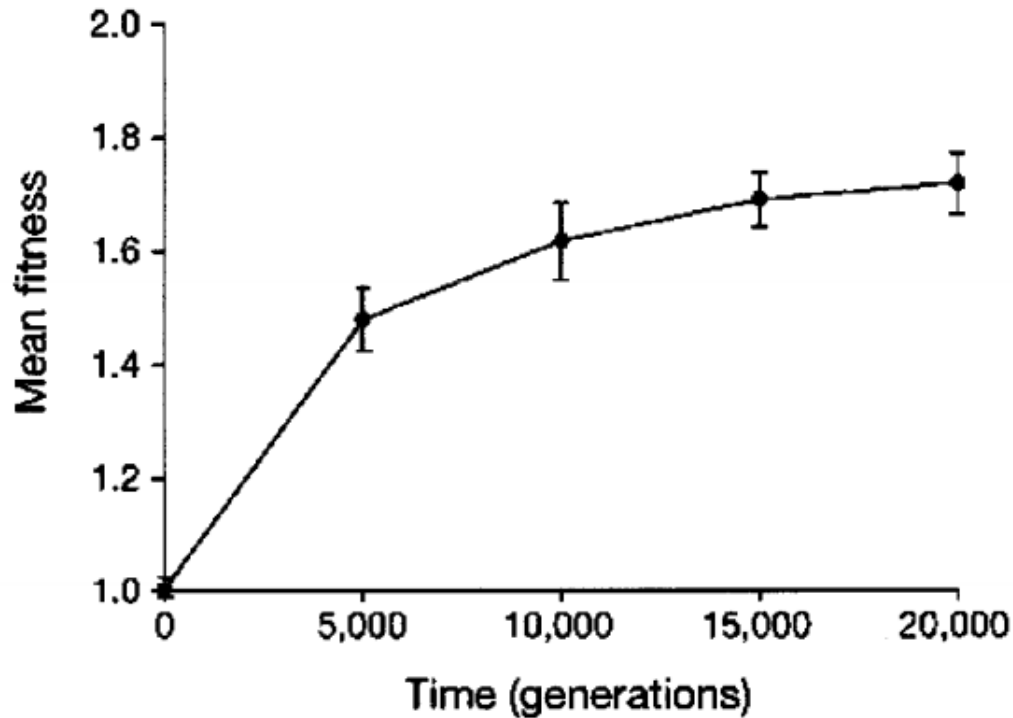


Figure 1.2. Valeur sélective moyenne (*mean fitness*), calculée sur 12 populations « évoluées » relativement à celle des populations « ancêtres ».

Lenski R. Plant Breeding Reviews. 2004, volume 24

Les barres d'erreur représentent l'intervalle de confiance de la moyenne à 95 %.

V : volume cellulaire
N : nombre de cellules
en phase stationnaire

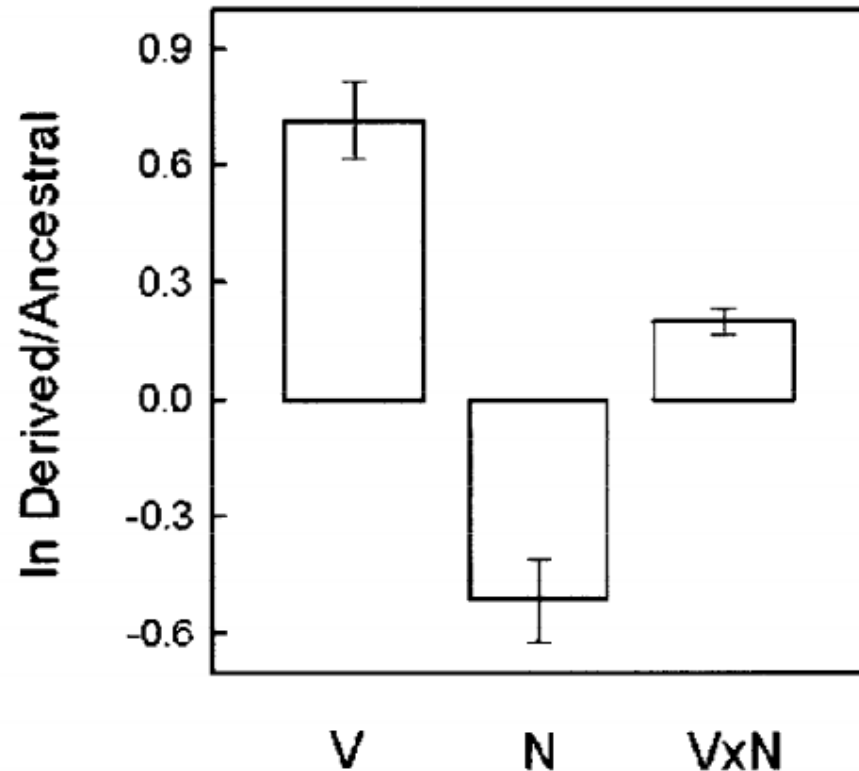


Figure 1.3. Modifications de paramètres cellulaires après 10 000 générations, quantifiées par le logarithme du rapport de la valeur moyenne mesurée dans les populations « évoluées » (*derived*) sur celle mesurée dans les populations « ancêtres » (*ancestral*).

Lenski R. Plant Breeding Reviews. 2004, volume 24

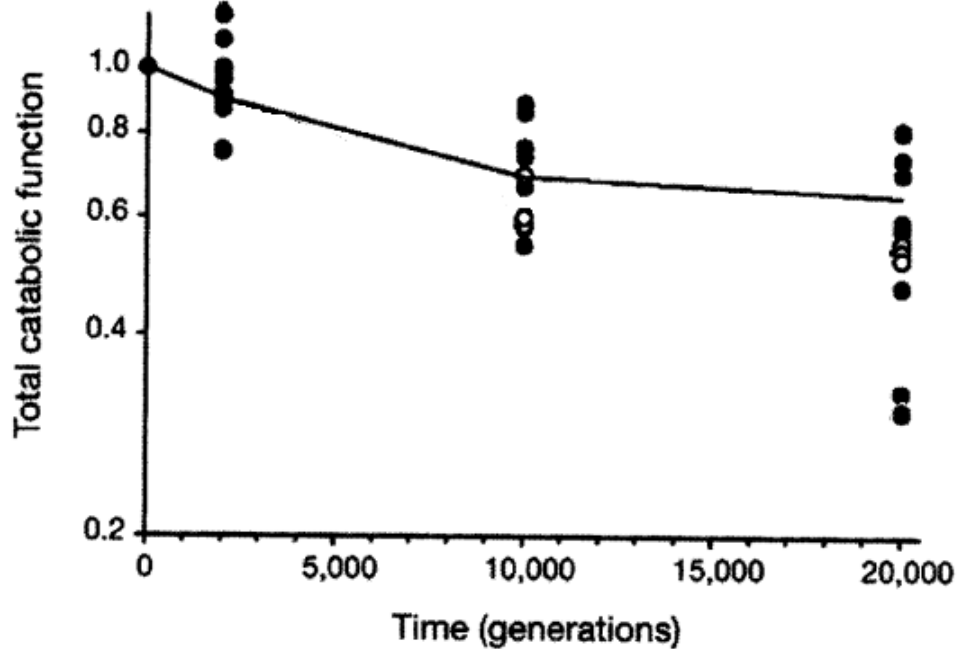


Figure 1.4. Evaluation de la diversité des fonctions cataboliques des populations « évoluées » relativement à celle des population « ancêtres » par un coefficient tenant compte des taux de croissance dans 64 milieux nutritifs différents.
Lenski R. Plant Breeding Reviews. 2004, volume 24

Ce que l'on observe à la suite des 20000 générations

- augmentation de la valeur sélective Fig 1.2
- augmentation du volume cellulaire V Fig1.3
- baisse du nombre de cellules au stade stationnaire N Fig 1.3
- diminution de la diversité métabolique Fig 1.4

Interprétation.

On peut interpréter l'augmentation de la valeur sélective comme la conséquence de la sélection exercée par les conditions de culture utilisées (qui sont différentes de celles dans laquelle la souche ancestrale a été cultivée avant l'expérience). Cette augmentation tend à se stabiliser avec le temps, ce qui confirme cette interprétation.

On ne s'attend pas à une augmentation de V .

Hyp : les grosses cellules ont peut-être un avantage sélectif sur les petites dans ces conditions de culture (par exemple, plus de réserves pourrait donner un avantage lorsque le glucose du milieu est épuisé).

La diminution de N est contre-intuitive, compte tenu des résultats des co-cultures E-A. Cependant, elle s'observe dans des conditions qui diffèrent de celles de la mesure de wE-A. Comme les cellules E sont plus grosses que les A, elles consomment plus vite le glucose que les A. En co-culture cela signifie que les E éliminent les A. En cultures isolées, cela entraîne un épuisement plus rapide du glucose pour les E que pour les A et donc une population stationnaire plus faible.

Les populations E montrent une plus grande spécialisation métabolique que les E. C'est la conséquence de la sélection par le milieu glucosé. La contre-partie de cette réduction de la diversité catabolique pourrait être une augmentation des capacités anaboliques, qui expliquerait l'augmentation de V. 2 hypothèses pour expliquer cette réduction des capacités cataboliques.

- Elle résulte de la **sélection de gènes à effets multiples** (=pléiotropiques) ayant d'autres effets favorables en milieu glucosé. Il n'y a donc pas de contre-sélections des gènes spécifiant des enzymes d'autres voies métaboliques que le glucose, mais sélection de gènes favorisant l'utilisation du glucose et ayant d'autres effets.

- Elle résulte de la **dérive génétique** : les mutations faisant perdre l'aptitude à utiliser un substrat autre que le glucose deviennent des mutations neutres en milieu glucosé.

Yucca sp. (Agavacées)

<http://www.snv.jussieu.fr/bmedia/arbres/yucca.htm>



3. Etude d'un cas de coévolution

Papillons pollinisateurs



Figure 3.1.

Pellmyr O. 2003, ANN. MISSOURI BOT. GARD. 90: 35-55.

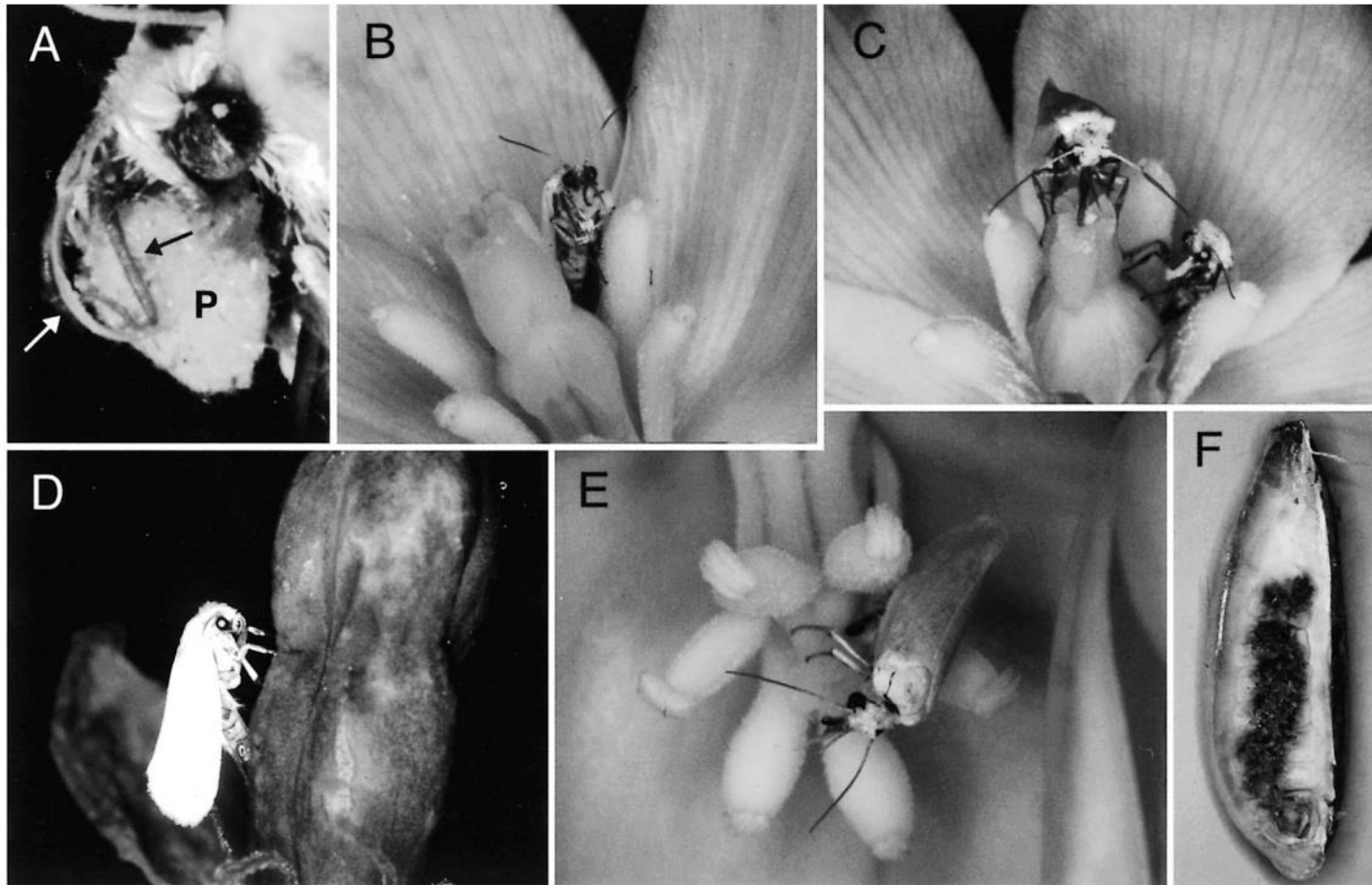


Figure 3.2. Nombre des espèces de yucca (espèces hôtes) recensées pour les différentes espèces de mites du yuccas (genres *Tegeticula* et *Parategeticula*).

Pellmyr O. 2003, ANN. MISSOURI BOT. GARD. 90: 35–55.

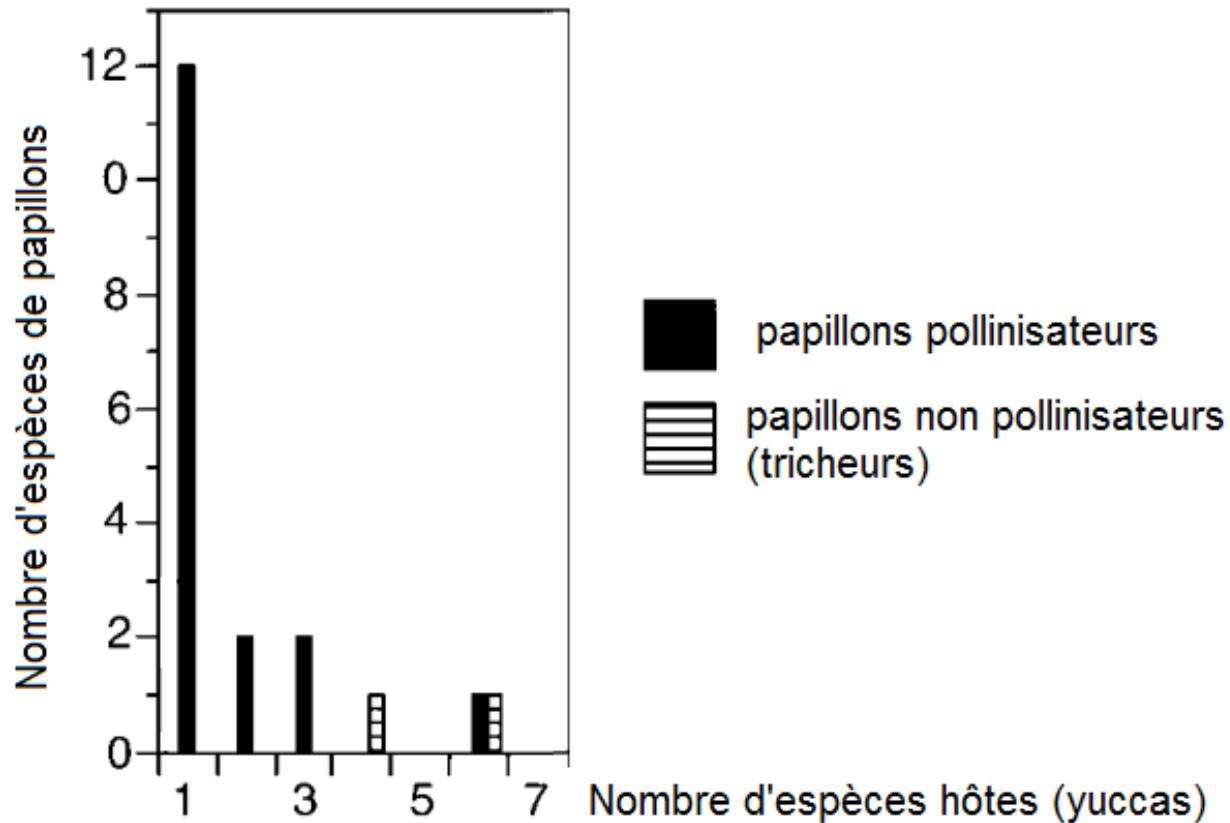


Figure 3.3. Proportion de fleurs donnant des fruits, en fonction du nombre d'œufs pondus par fleur chez un yucca.

Cité par SELOSSE M.A. & TULLY T.2009

Le diamètre des cercles est proportionnel au nombre de cas observé

Proportion de fleurs donnant des fruits

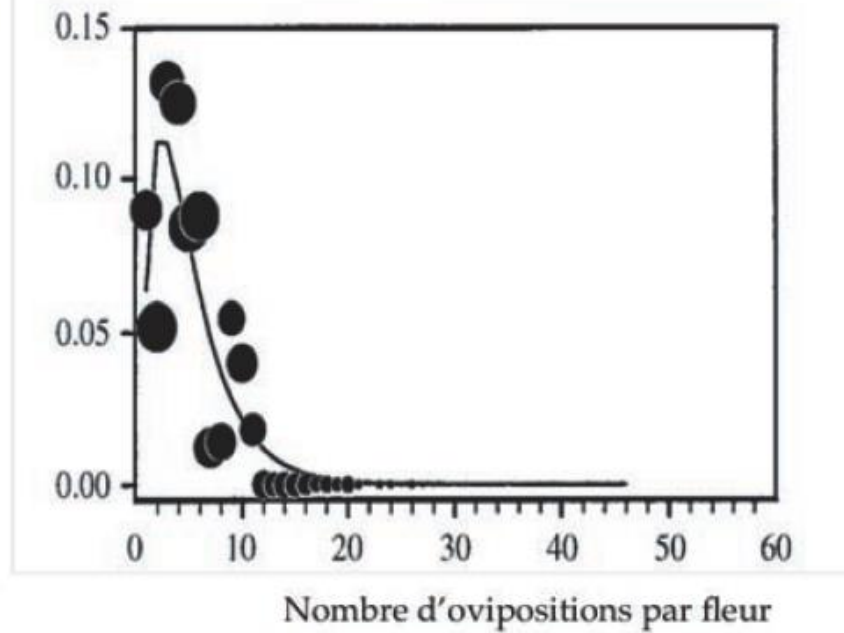
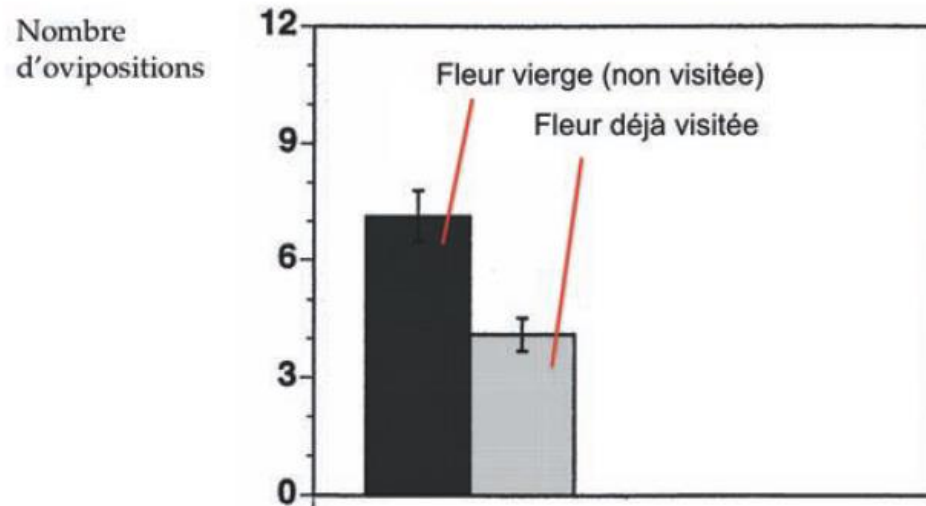


Figure 3.4. Nombre d'ovipositions (moyenne \pm écart standard) effectuées par des femelles de *Tegeticula yuccasella* dans un choix entre fleurs déjà visitées ou non.

Cité par SELOSSE M.A. & TULLY T.2009



	Coûts	Bénéfices
yucca	Perte de descendants (graines mangées par les larves)	pollinisation
mites	Energie du transport du pollen Formation des tentacules Temps passé à polliniser	Lieu de ponte ; nourriture pour les larves

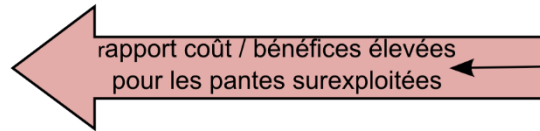
Hypothèse d'un scénario évolutif

Yucca est pollinisé par la mite

Mite pond dans le yucca

Innovation

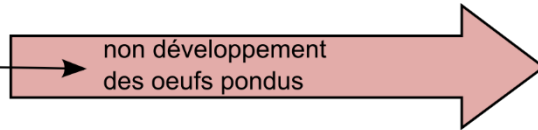
T : Avortement sélectif
des fleurs surexploitées



Pontes multiples dans Yucca

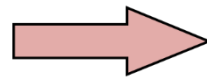
T' : Comportement d'évitement
de la surexploitation

Maintien du du trait T



Maintien du du trait T'

cause →



exerce une pression de sélection

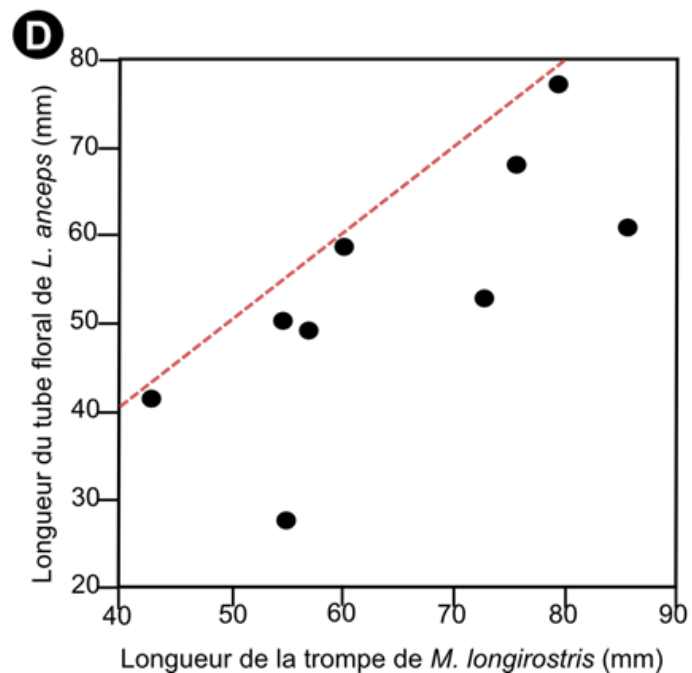
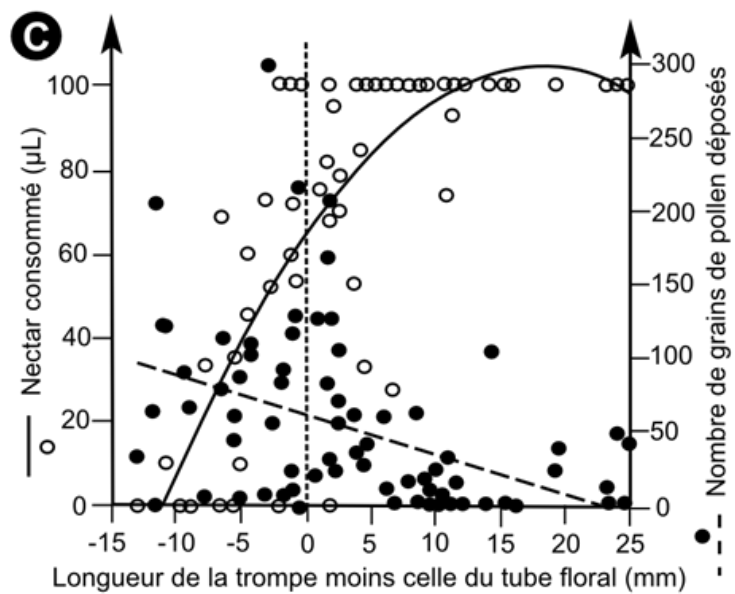
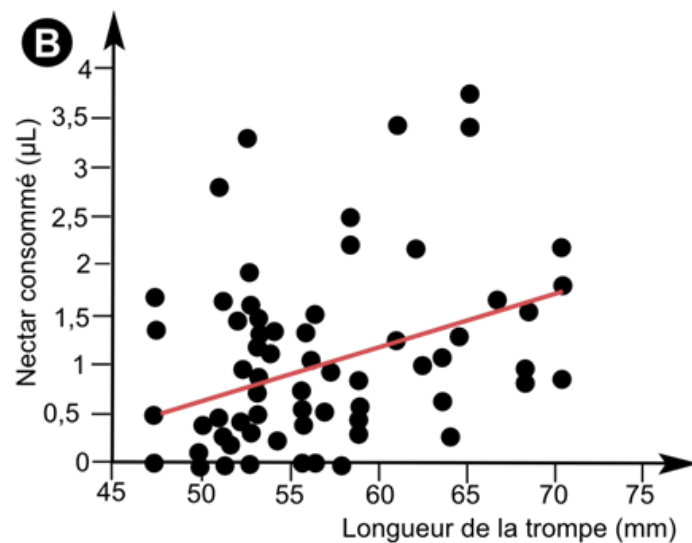
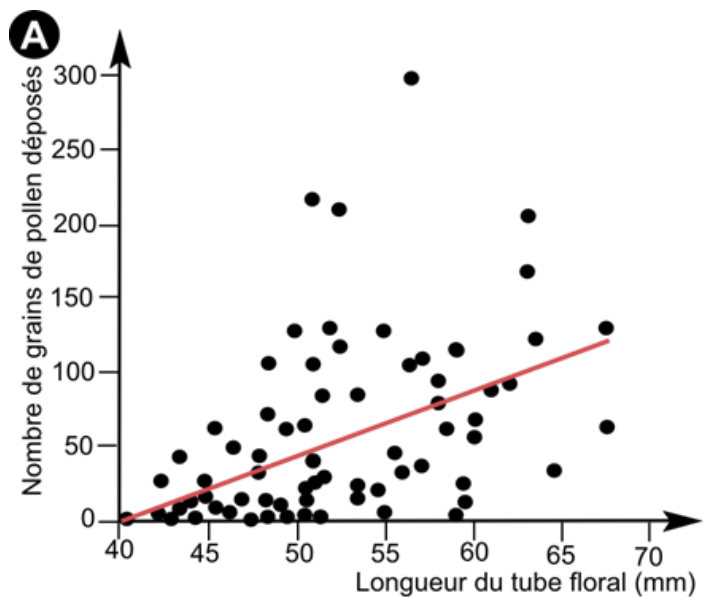
La coévolution est l'évolution conjointe de deux (ou plus) organismes non apparentés, c'est-à-dire n'échangeant pas de gènes. Elle découle de l'existence de relations écologiques fortes entre les espèces qui font que chacune exerce une pression de sélection qui influence l'évolution de l'autre.

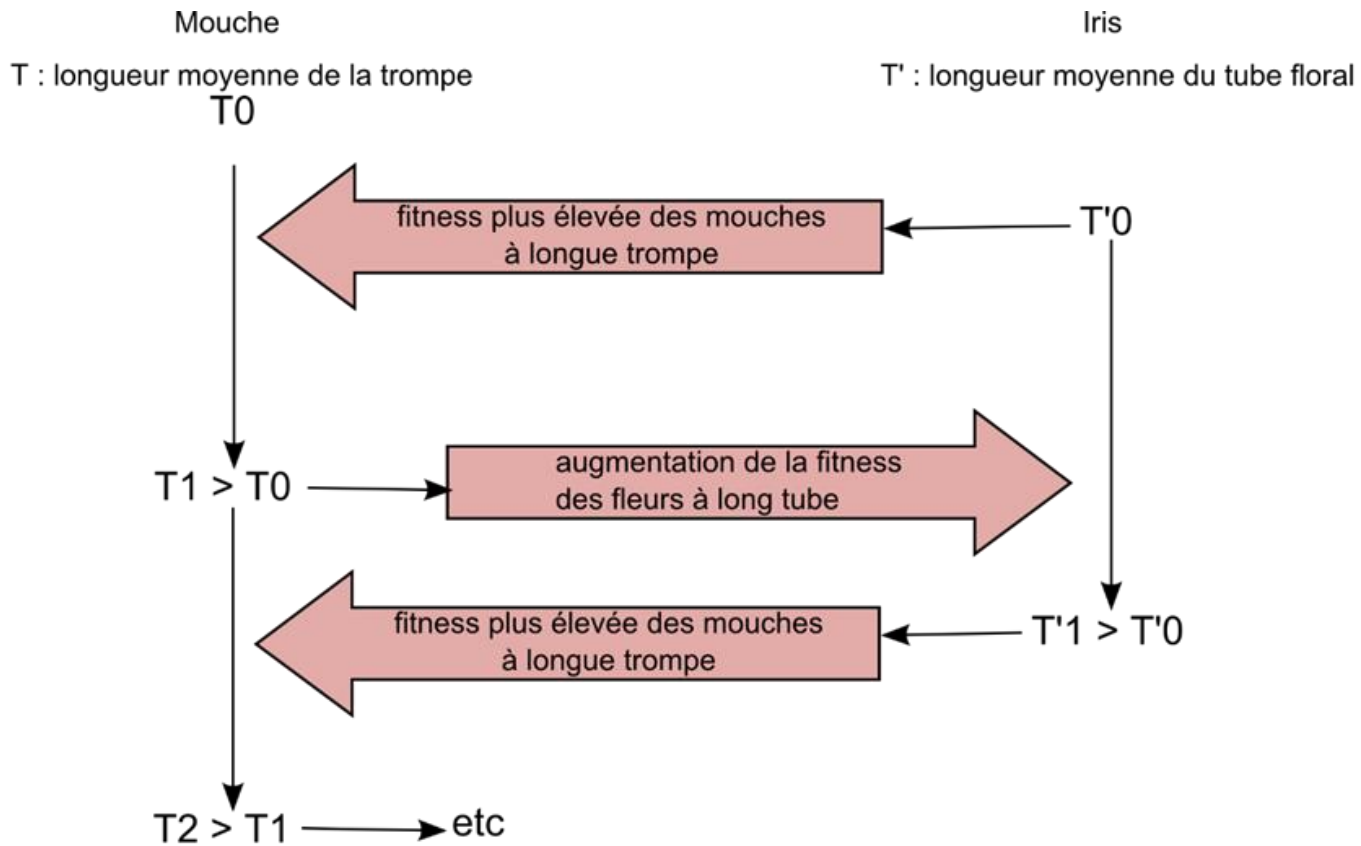
Pour démontrer de façon rigoureuse l'existence d'une coévolution, il faut pouvoir mettre en évidence le changement évolutif d'un trait chez une espèce en réponse à un trait de l'autre espèce, suivi d'un autre changement évolutif de la seconde espèce.

Concrètement, hormis quelques cas où le déterminisme génétique des traits est simple, démontrer la réciprocité des influences n'est pas toujours possible. On est resté souvent à mettre en évidence les interactions écologiques réciproques.

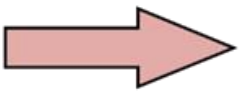
Autre exemple de coévolution (pour les cubes)







cause →



exerce une pression de sélection