

TP SV – K – 1

Les mécanismes de l'évolution



Analyse de la structure génétique d'une population

On s'intéresse à deux types de paramètres :

→ Les fréquences génotypiques.

→ Les fréquences alléliques.

Dans une population d'effectif N , on s'intéresse à un locus à deux allèles A et a , avec codominance. Les effectifs des différents phénotypes sont notés $n(AA)$, $n(Aa)$ et $n(aa)$. Dans cette population :

– Fréquences génotypiques :

- $f(AA) = n(AA)/N$

- $f(Aa) = n(Aa)/N$

- $f(aa) = n(aa)/N$

– Fréquences alléliques :

- $f(A) = (2 \cdot n(AA) + n(Aa))/2N = n(AA)/N + \frac{1}{2} n(Aa)/N = f(AA) + \frac{1}{2} f(Aa)$

- $f(a) = 1 - f(A)$

Le modèle de Hardy et Weinberg

« Dans une population isolée d'effectif infini en l'absence de mutations, de sélections, les fréquences alléliques restent constantes au cours du temps. »

Soit une population di-allélique (A, a) avec :

Fréquence de l'allèle A = p

Fréquence de l'allèle a = q

Tableau de croisement des gamètes des individus de cette population :

	A	a
A	A//A de fréquence p^2	Aa de fréquence pq
a	A//a de fréquence pq	a//a de fréquence q^2

La **structure génotypique** de la nouvelle génération est donc :

les individus AA avec une **fréquence p^2**

les individus Aa avec une **fréquence $2pq$**

les individus aa avec une **fréquence q^2**

Les nouveaux gamètes produits par cette génération seront de fréquence :

gamète A : $p^2 + \frac{1}{2} (2pq) = p^2 + pq = p(p+q) = p$

gamète a : $q^2 + \frac{1}{2} (2pq) = q^2 + pq = q(p+q) = q$

Les fréquences d'allèles et de génotypes ne varient pas d'une génération à l'autre



L'escargot des haies (*Cepaea nemoralis*) à gauche, la limnée tronquée (*Galba truncatula*) à droite.

https://fr.wikipedia.org/wiki/Escargot_des_bois et <https://www.habitas.org.uk/molluscireland/species.asp?ID=85>

modèle biologique	<i>Cepaea nemoralis</i>	<i>Galba truncatula</i>
locus et allèles	gène codant une isoenzyme : allèles A1 et A2	gène codant la leucine aminopeptidase : allèles B1 et B2
effectifs génotypiques observés	A1A1 : 19 A1A2 : 50 A2A2 : 22	B1B1 : 10 B1B2 : 6 B2B2 : 56
effectif total	91	72

Document 1. Effectifs génotypiques observés pour deux populations de Mollusques.

Mollusques.

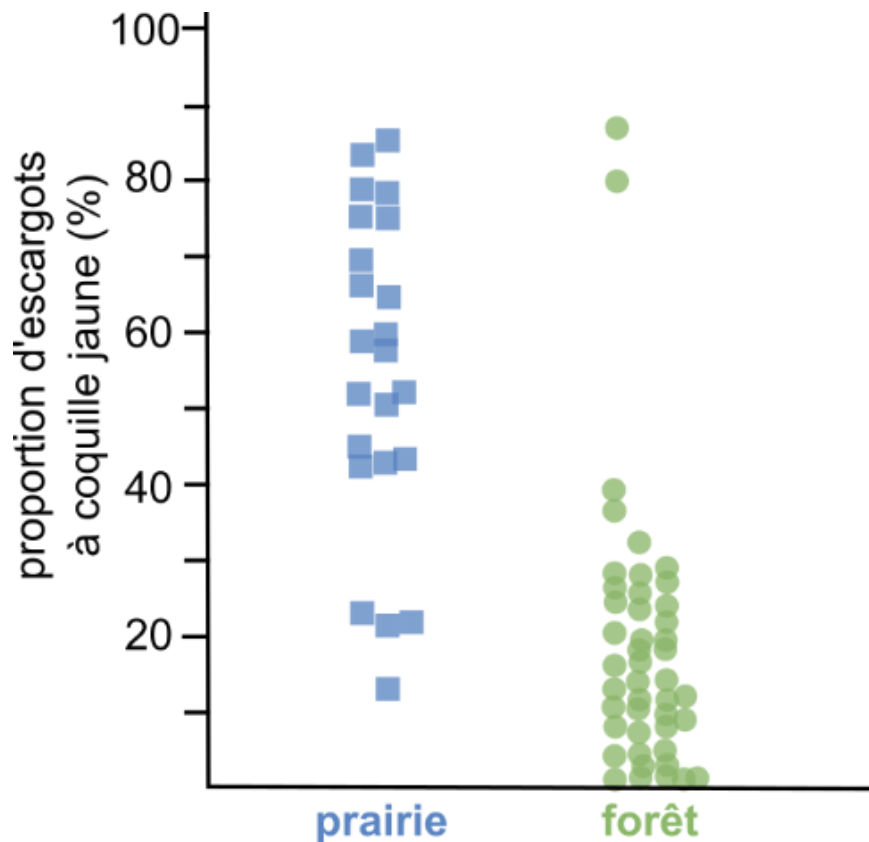
Mode de résolution :

- calculer les **fréquences alléliques**, d'après les données du tableau.
- calculer les **fréquences génotypiques attendues** : p^2 et q^2 pour les homozygotes et pq pour les hétérozygotes.
- En déduire les **effectifs attendus** (en multipliant par N) et **comparer avec les effectifs génotypiques réels**.

	<i>C. nemoralis</i>	<i>G. truncatula</i>
fréquences alléliques	$f(A1) = p$ $= (2 \times 19 + 50) / (2 \times 91) = 0,48$ $f(A2) = q = 1 - p$ $= (2 \times 22 + 50) / (2 \times 91) = 0,52$	$f(B1) = p$ $= (2 \times 10 + 6) / (2 \times 72) = 0,18$ $f(B2) = q$ $= (2 \times 56 + 6) / (2 \times 72) = 0,82$
effectifs génotypiques attendus sous l'équilibre de Hardy-Weinberg	A1A1 : $Np^2 = 91 \times 0,48^2 = 21$ A1A2 : $N2pq = 91 \times 2 \times 0,48 \times 0,52 = 46$ A2A2 : $Nq^2 = 91 \times 0,52^2 = 24$	B1B1 : $Np^2 = 72 \times 0,18^2 = 2$ B1B2 : $N2pq = 72 \times 2 \times 0,18 \times 0,82 = 22$ B2B2 : $Nq^2 = 72 \times 0,819^2 = 48$
conclusion	La population peut être considérée comme en équilibre de Hardy-Weinberg	La population n'est pas en équilibre de Hardy-Weinberg. Par rapport aux effectifs génotypiques attendus selon Hardy-Weinberg, on observe ici un déficit en hétérozygotes.

	nombre d'escargots		fréquence allélique	
	jaunes	roses	allèle J	allèle R
Stockholm (Suède)	23	33	0.64	0.36
Dilbeek (Belgique)	22	24	0.69	0.31
Niederbronn (France, Alsace)	50	15	0.82	0.18
Montségur (France, Ariège)	60	8	0.94	0.06

Document 2. Effectifs phénotypiques et fréquences alléliques dans quatre populations européennes de *C. nemoralis*.



année	1950	2010
forêts	0.38	0.44
dunes	0.53	0.67

Document 3. Répartition des escargots dans différents milieux.

A gauche (graphique) : proportion par population d'escargots à coquille jaune dans deux types de milieux : prairie (carrés) et forêt (cercles). Chaque point représente une population.

A droite (tableau) : fréquence d'escargots des haies à coquille jaune, en 1950 et 2010, dans deux types d'habitats.

Géné'pop !

Une application pour étudier l'évolution des fréquences alléliques de populations soumises à mutations, dérive génétique et sélection.

Paramètres du modèle :

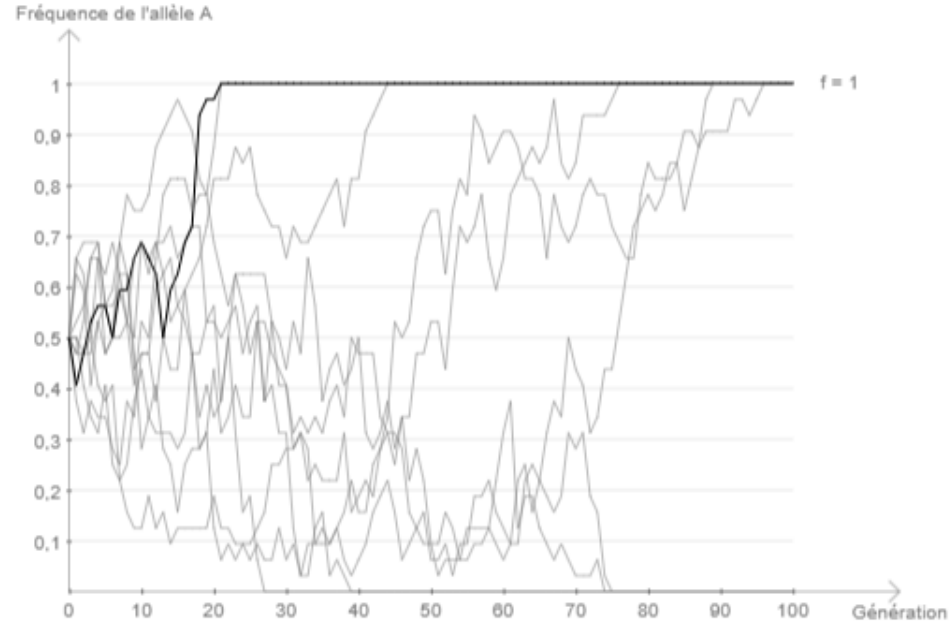
Effectif de la population (0 signifie infini) :	<input type="text" value="16"/>
Nom de l'allèle 1 :	<input type="text" value="A"/>
Nom de l'allèle 2 :	<input type="text" value="B"/>
Fréquence initiale de l'allèle 1 :	<input type="text" value="0,5"/>
Valeur sélective du génotype A//A :	<input type="text" value="1"/>
Valeur sélective du génotype A//B :	<input type="text" value="1"/>
Valeur sélective du génotype B//B :	<input type="text" value="1"/>
Fréquence mutation A → B :	<input type="text" value="0"/>
Fréquence mutation B → A :	<input type="text" value="0"/>

Autres paramètres :

Nombre de courbes simultanément à l'écran :	<input type="text" value="10"/>
Nombre de générations :	<input type="text" value="100"/>

Réinitialiser (valeurs par défaut)

CC BY-NC Philippe Cosentino



Exécuter une simulation ("run")

Effacer toutes les courbes

Exporter les courbes (.csv)

Charger les paramètres d'un modèle

Enregistrer les paramètres de ce modèle

Partager ce modèle via un lien

PopG Settings

Population size:

Fitness of genotype AA:

Fitness of genotype Aa:

Fitness of genotype aa:

Mutation from A to a:

Mutation from a to A:

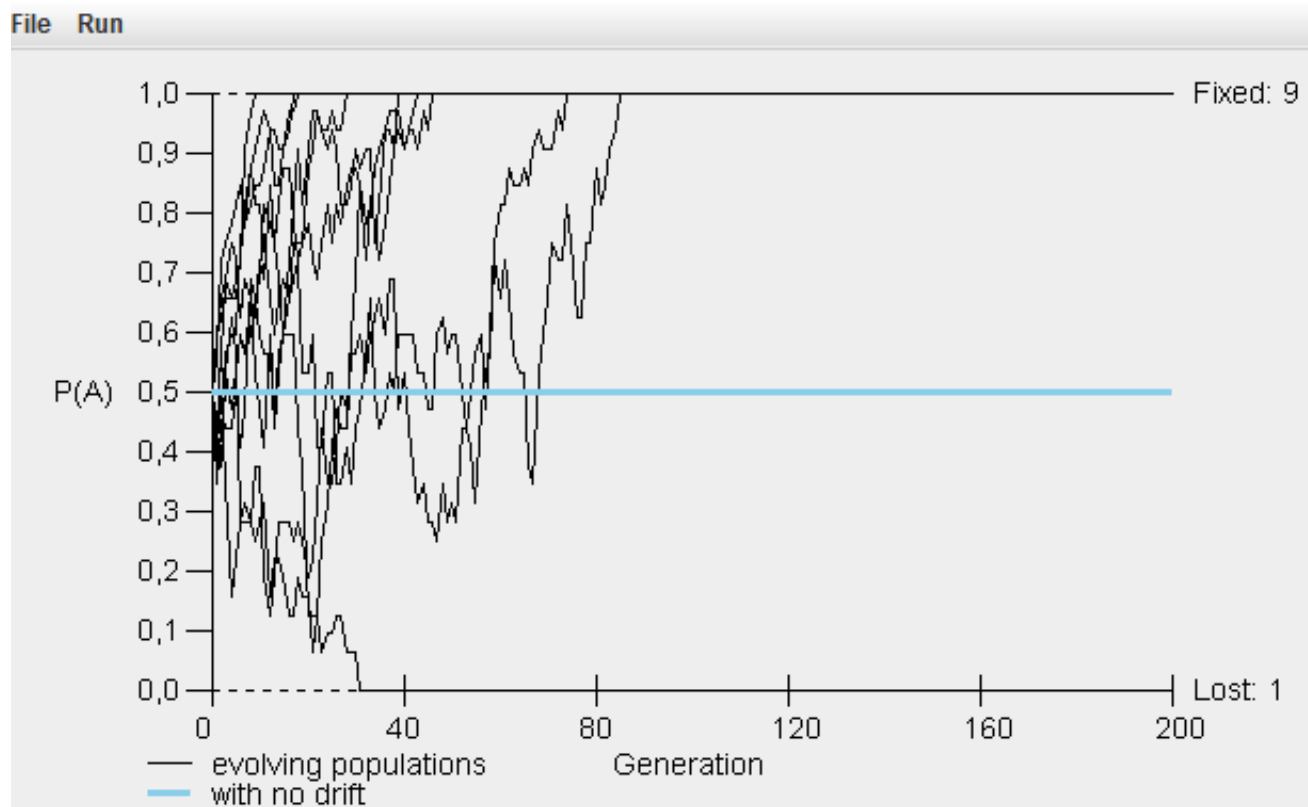
Migration rate between populations:

Initial frequency of allele A:

Generations to run:

Populations evolving simultaneously:

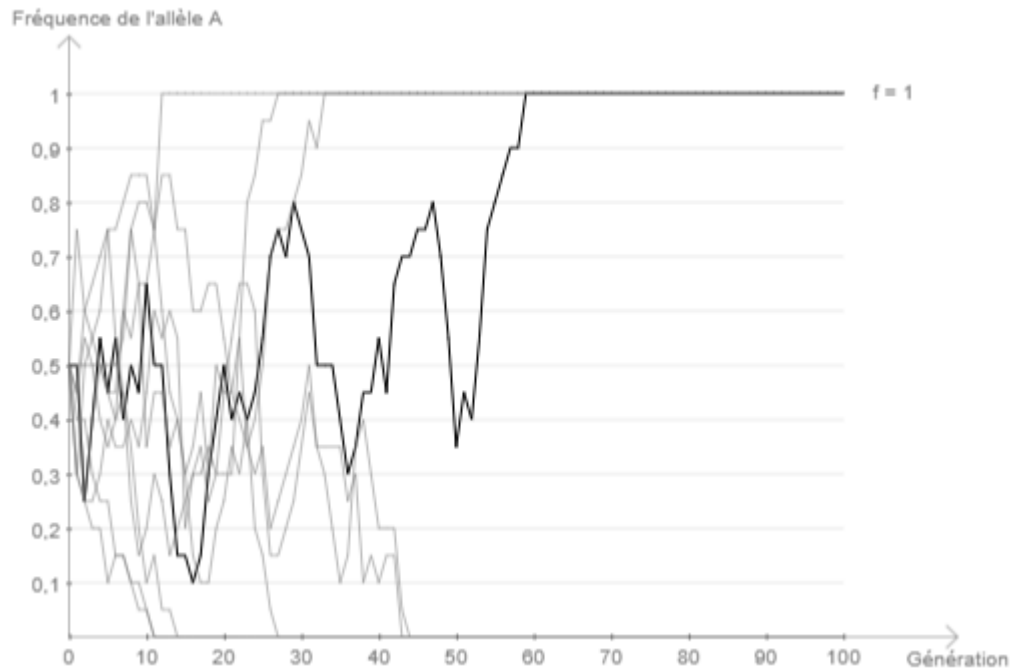
Random number seed:



Effets de l'effectif des populations

alléliques = 0,5

N = 10



N = 100



➤ **Effet de l'effectif d'une population sur la dérive**

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

➤ **Effet de la fréquence allélique initiale sur la probabilité de fixation d'un allèle**

$f(A)_0$	0,9	0,8	0,7	0,6	0,5	0,4	0,3	0,2	0,1	0,05
Proba de fixation	0,86	0,79	0,71	0,53	0,48	0,35	0,28	0,16	0,09	0,04

Variabilité phénotypique de la Phalène du Bouleau



Morphe *typica*



Morphe *carbonaria*

➤ **Application du modèle de Hardy et Weinberg à une population supposée panmictique soumise à la sélection**

Soit une population di-allélique (A, a) avec :

Fréquence de l'allèle $A = p$

Fréquence de l'allèle $a = q$

- **En l'absence de différence de viabilité ou de fertilité entre les différents génotypes possibles AA, Aa et aa :**

Génotypes	AA	Aa	aa
Fréquence	p^2	$2pq$	q^2

- **Si ces différents génotypes présentent des différences de viabilité absolue indépendantes notées w_1, w_2 et w_3 alors :**

Génotypes	AA	Aa	aa
Fréquence	$w_1 p^2$	$w_2 2pq$	$w_3 q^2$

Valeur sélective ou fitness

Décrit la capacité d'un individu d'un certain génotype à se reproduire.

→ Concerne des traits héritables

→ Concerne des traits qui influencent le succès reproducteur

La valeur sélective d'un génotype (ou d'un trait) notée w :

- traduit la contribution des individus de ce génotype aux pools d'allèles des générations suivantes,

- se mesure par le nombre moyen de descendants laissés par les individus porteurs de ce génotype.

Elle dépend de **deux paramètres** :

- **la viabilité**

- **la fertilité**

$$w = v.f$$

Valeur sélective et modélisation de l'évolution d'une population soumise à la sélection

➤ Application à l'exemple de la phalène du bouleau

$w = v.f$ représente la **valeur sélective absolue**

En pratique, c'est le rapport entre les valeurs sélectives des différents génotypes qui importe pour l'évolution des fréquences alléliques :

→ **Valeur sélective relative ω**

Par convention, sa valeur est de 1 pour le trait / le génotype qui a la plus grande valeur sélective.

- les formes *typica* sont homozygotes récessifs (notés aa),
- les formes *carbonaria* sont soit hétérozygotes (Aa) soit homozygotes (AA),
- la fréquence de l'allèle A est p, celle de l'allèle a est q

Génotypes	AA	Aa	aa
Valeur sélective relative	$\omega_{AA} = 1$	$\omega_{Aa} = 1$	$\omega_{aa} = 0,4$
Fréquence	p^2	$2pq$	$0,4q^2$

Géné'pop !

Une application pour étudier l'évolution des fréquences alléliques de populations soumises à mutations, dérive génétique et sélection.

Paramètres du modèle :

Effectif de la population (0 signifie infini) :	<input type="text" value="5000"/>
Nom de l'allèle 1 :	<input type="text" value="C"/>
Nom de l'allèle 2 :	<input type="text" value="c"/>
Fréquence initiale de l'allèle 1 :	<input type="text" value="0,615"/>
Valeur sélective du génotype C//C :	<input type="text" value="1"/>
Valeur sélective du génotype C//c :	<input type="text" value="1"/>
Valeur sélective du génotype c//c :	<input type="text" value="0.4"/>
Fréquence mutation C → c :	<input type="text" value="0"/>
Fréquence mutation c → C :	<input type="text" value="0"/>

Autres paramètres :

Nombre de courbes simultanément à l'écran :	<input type="text" value="10"/>
Nombre de générations :	<input type="text" value="1"/>

Réinitialiser (valeurs par défaut)

CC BY-NC Philippe Cosentino

Fréquence de l'allèle C



Exécuter une simulation ("run")

Effacer toutes les courbes

Exporter les courbes (.csv)

Charger les paramètres d'un modèle

Enregistrer les paramètres de ce modèle

Partager ce modèle via un lien

L'effet de la sélection dépend-il de l'effectif de la population ?

Effectif	5000	1000	500	100	50	10	5
F(C)	0,67 à 0,68	0,66 à 0,69	0,65 à 0,69	0,61 à 0,74	0,56 à 0,80	0,44 à 0,9	0,38 à 0,9
Δp	0,05 à 0,06	0,04 à 0,07	0,03 à 0,07	-0,01 à 0,12	-0,06 à 0,18	-0,18 à 0,27	-0,24 à 0,27

L'effet est variable pour les petites populations.

Interprétation en comparant avec ce qui se passe sans sélection

=> action conjointe de la dérive et de la sélection.

Autre cas avec valeur sélective des hétérozygotes maximale

Géné'pop !

Une application pour étudier l'évolution des fréquences alléliques de populations soumises à mutations, dérive génétique et sélection.

Paramètres du modèle :

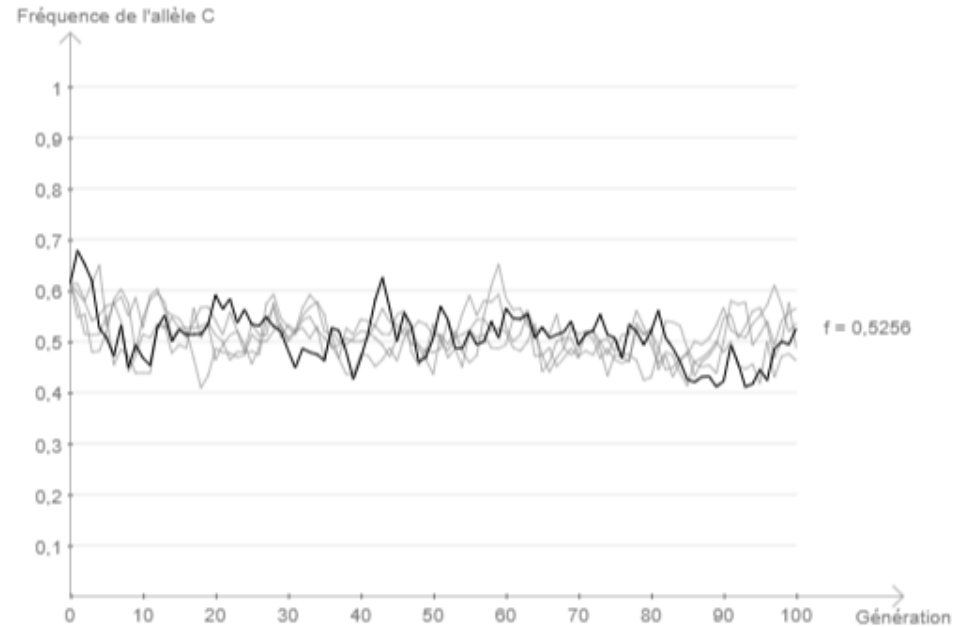
Effectif de la population (0 signifie infini) :	<input type="text" value="100"/>
Nom de l'allèle 1 :	<input type="text" value="C"/>
Nom de l'allèle 2 :	<input type="text" value="c"/>
Fréquence initiale de l'allèle 1 :	<input type="text" value="0,615"/>
Valeur sélective du génotype C//C :	<input type="text" value="0,5"/>
Valeur sélective du génotype C//c :	<input type="text" value="1"/>
Valeur sélective du génotype c//c :	<input type="text" value="0,5"/>
Fréquence mutation C → c :	<input type="text" value="0"/>
Fréquence mutation c → C :	<input type="text" value="0"/>

Autres paramètres :

Nombre de courbes simultanément à l'écran :	<input type="text" value="10"/>
Nombre de générations :	<input type="text" value="100"/>

Réinitialiser (valeurs par défaut)

CC BY-NC Philippe Cosentino



Exécuter une simulation ("run")

Effacer toutes les courbes

Exporter les courbes (.csv)

Charger les paramètres d'un modèle

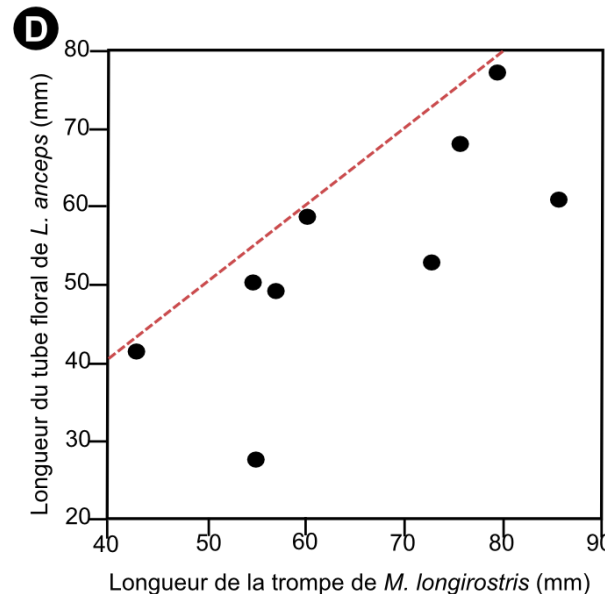
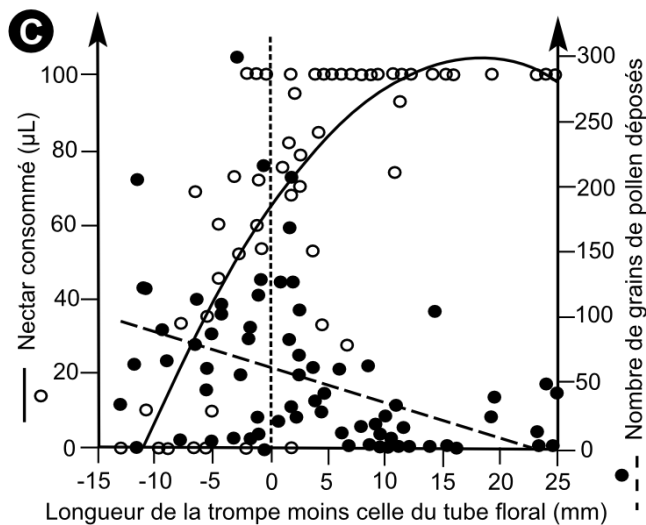
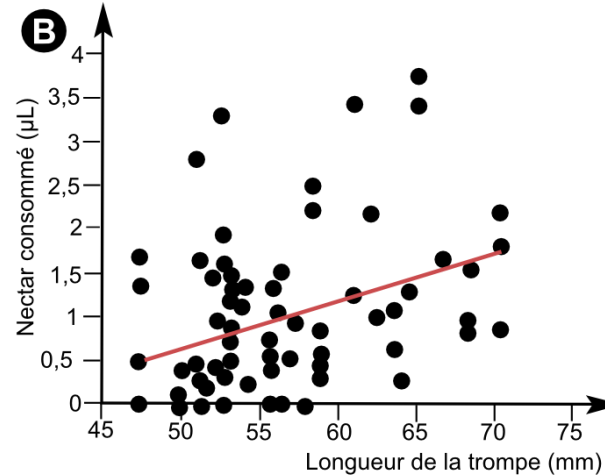
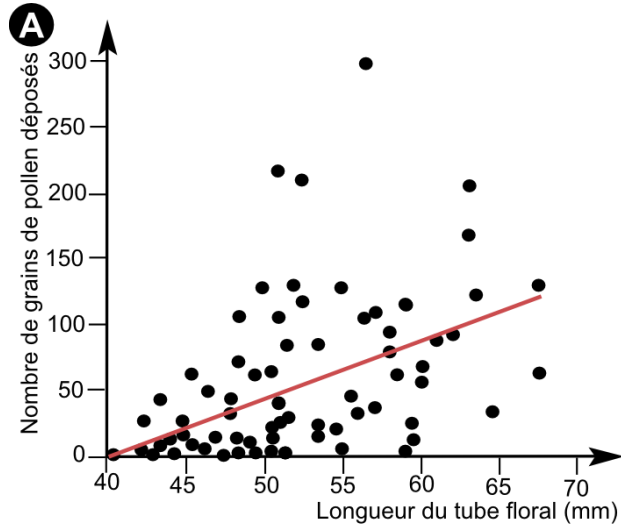
Enregistrer les paramètres de ce modèle

Partager ce modèle via un lien

Maintien de $f(A) \Rightarrow$ sélection balancée

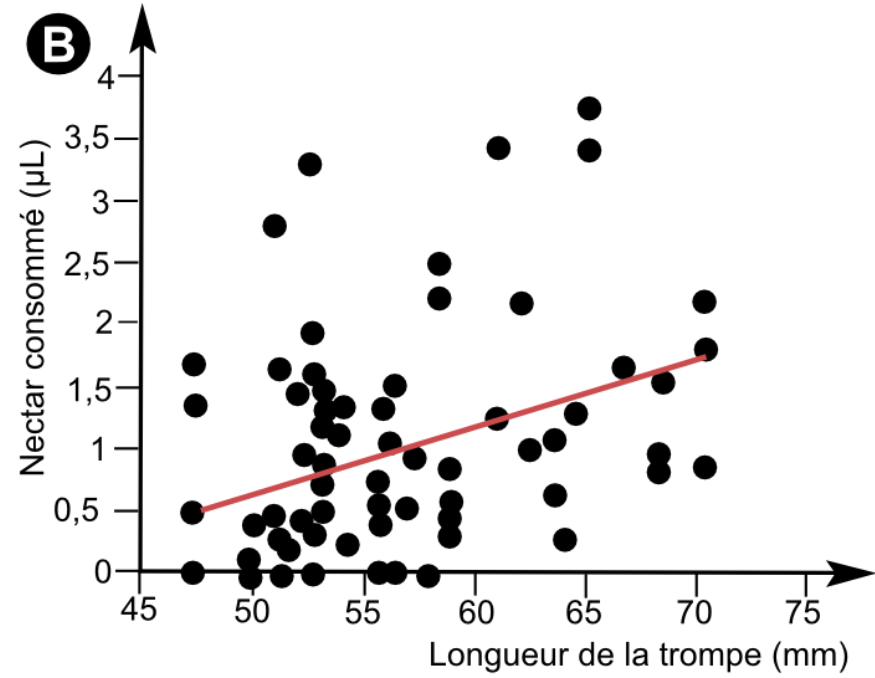
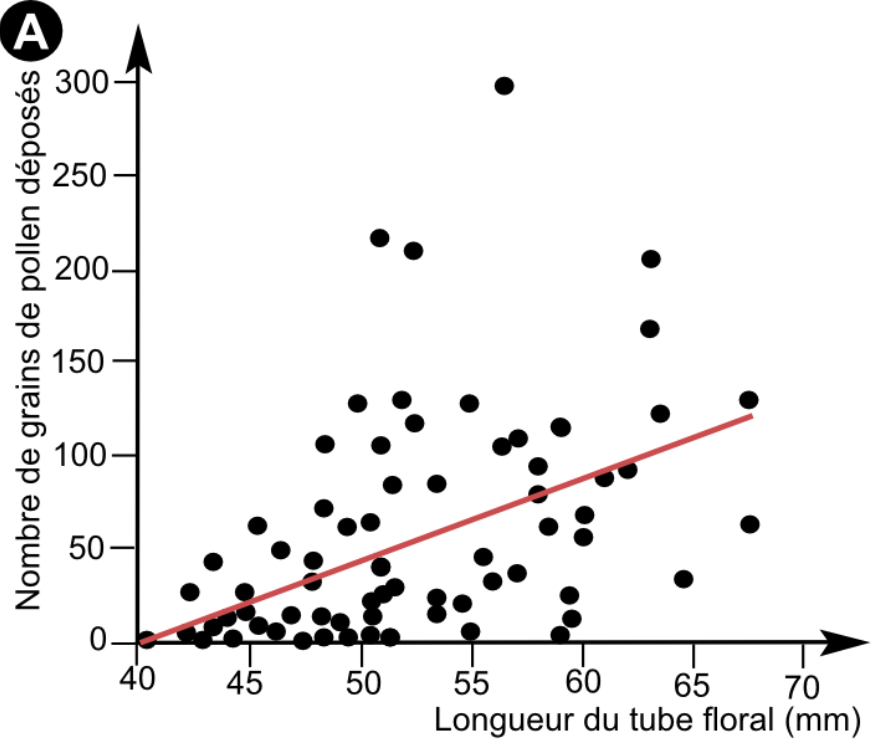
Sélection et coévolution

Exemple : l'Iris *Lapeirousia anceps* et la mouche *Moegistorhynchus longirostris*

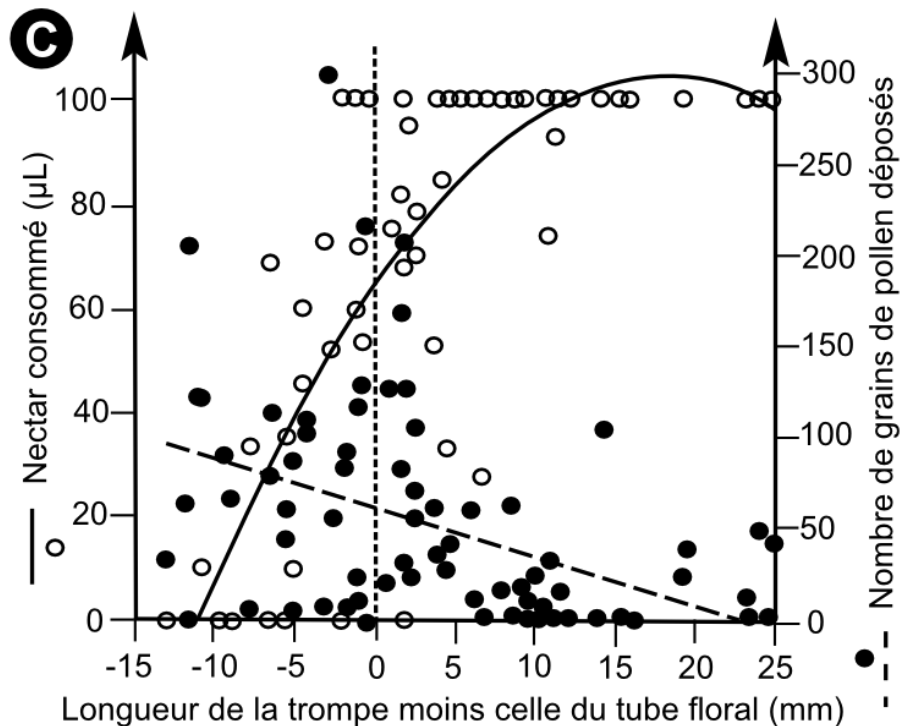


**Document 4. Résultats
de l'expérience de
Pauw & al.**

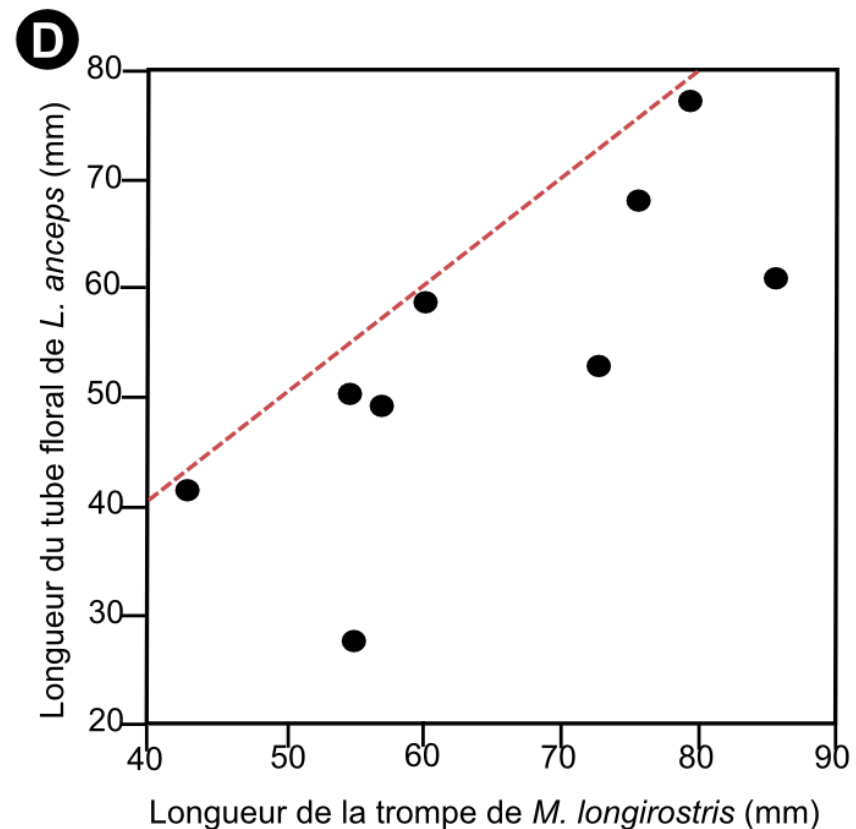
Biologie BCPST2.
Peycru & al. Dunod 2014
<https://pza.sanbi.org/lapeirousia-anceps>



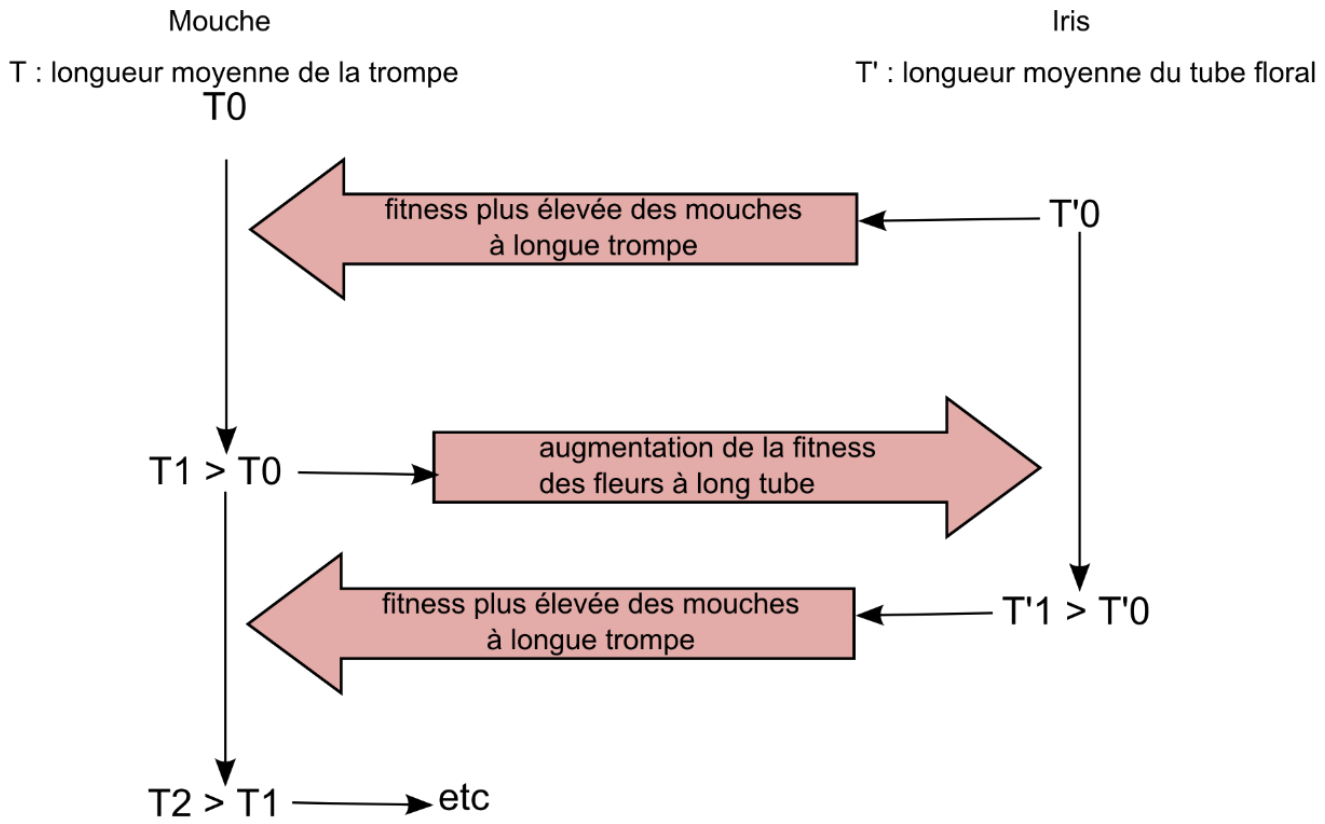
Les lignes pleines montrent les droites de régression linéaire



Les cercles vides correspondent au pourcentage de nectar consommé et la ligne pleine à la régression correspondante.
 Les cercles pleins correspondent au nombre de grains de pollen et la ligne en tirets larges à la régression correspondante.



Chaque point correspond à la moyenne des mesures dans une population.
 La ligne pointillés indique une taille identique pour les tubes floraux et les trompes.



cause →

→ exerce une pression de sélection