

TP-K-1: MODÉLISATIONS NUMÉRIQUES DE LA SÉLECTION NATURELLE ET DE LA DÉRIVE GÉNÉTIQUE

Objectifs méthodologiques :

- *Modéliser, à l'aide d'un logiciel, des cas de sélection ou de dérive afin d'expliquer l'évolution d'une population.*

Objectifs cognitifs :

- *Savoir identifier les mécanismes de l'évolution mis en œuvre à partir de résultats modélisés et discuter des facteurs et de la valeur sélective d'un trait de caractère considéré.*

Rappels loi de Hardy-Weinberg et implications

Exemples de sujets proposés à l'épreuve de travaux pratiques sur cette partie du programme:

- ↓ Modélisations numériques (dérive génétique, sélection naturelle, dynamique de populations...) et leur interprétation
- ↓ Identification et discussion de facteurs de sélection, de la valeur sélective (fitness)
- ↓ Étude quantitative d'une population en équilibre de Hardy-Weinberg ou non
- ↓ Étude de cas de coévolution (amenant ou non sur le modèle de la Reine Rouge)

L'évolution est à l'origine des modifications de la biodiversité au cours du temps.

Elle **repose sur l'existence d'une diversité génétique des individus au sein des populations** et de **modifications de cette diversité de manière orientée ou non**. En cas de rupture de flux génique entre des populations, des espèces émergent, d'autres disparaissent soit par hybridation avec une population, soit par extinction.

Les mécanismes de l'évolution sont au nombre de 4 :

- **les mutations** sont **aléatoires** et **engendrent un polymorphisme**. (cf SV-F4)
- **la sélection** est un processus majeur de **reproduction différentielle** où la valeur sélective (fitness) se mesure au nombre de descendants viables et fertiles produits, la valeur sélective d'un trait dépend de l'environnement et peut diminuer la valeur sélective d'autres traits (trade-off).
- **La dérive génétique** exerce un **tri aléatoire dont l'intensité dépend de l'effectif efficace**.
- **Les migrations** peuvent tendre à **diminuer l'effet de la sélection naturelle** OU **provoquer une dérive génétique** par effet fondateur.

L'objectif ici est de manipuler les concepts et les mécanismes évolutifs en se rappelant que ces derniers s'appuient sur une approche expérimentale, des observations, des prédictions testables et des modélisations numériques

I. Modélisation de la sélection naturelle et de la dérive génétique

De nombreuses simulations ont été vues et manipulées au collège et au lycée pour modéliser « simplement » les effets de la sélection naturelle et de la dérive génétique sur les variations des fréquences alléliques au sein d'une population.

1. utilisation d'une application facile d'accès pour mettre les idées bien en place : l'application Génepop

Lancer tout d'abord sur votre ordinateur l'application Génepop à partir du lien suivant :

<https://cosphilog.fr/genepop/>

Cette application permet d'étudier les variations de la fréquence de deux allèles d'un locus donné au sein d'une population soumises à la dérive génétique et à la sélection.

Plusieurs paramètres sont modifiables :

- l'effectif de la population (0 signifie infini)
- le nom des deux allèles peuvent être choisis
- la fréquence initiale de l'allèle 1 peut être choisie également
- les valeurs sélectives des trois génotypes possibles, fondamental pour étudier la sélection naturelle, et notamment illustrer les sélections directionnelle, stabilisatrice ou balancée
- la fréquence des mutations : un paramètre pour enrichir la simulation et introduire de la variabilité dans la population initiale
- Le nombre de générations

1.1. Exemple de la phalène du bouleau ou comment expliquer que la fréquence d'un allèle dans la population peut varier en fonction de la pression de sélection, elle-même variable au cours du temps.

L'allèle carbonaria C est apparu par mutation vers 1815, on considère qu'en 1830, la fréquence de cet allèle C était de 0.01. Dans les régions polluées, la valeur sélective relative des formes claires typica a été estimée autour de 0,4 et celle de C de 1 puisque leur valeur absolue est de 1 (voir cours)

Activité 1 :

Le cycle de développement de la phalène du Bouleau étant annuel (donc 1 génération = 1 an), déterminer à l'aide de l'application, combien d'années sont nécessaires à la fixation de l'allèle C en fonction de l'effectif initial de la population. Pour cela à partir d'un effectif de la population de 1000 et d'un nombre de générations égale à 100 :

- effectuer plusieurs simulations pour les mêmes paramètres (10 répétitions)
- décrire vos observations
- recommencer les simulations pour un effectif de population de 100 et à l'inverse pour un effectif infini.
- décrire vos observations et proposer une explication

Dans la région de Manchester, la fréquence maximale observée de l'allèle C entre 1957 et 1964, était 0,99.

Les dernières mines de charbon ont été fermées en 1983, la fréquence de l'allèle C était alors de 0,8 puis elle est tombée au dessous à partir de 1990 :

- en 1991 : $F(C) = 0,6$

- en 2004 : $F(C) = 0,14$

- en 2013 : $F(C) = 0,01$

Activité 1 suite :

→ Faire varier la valeur sélective des formes carbonaria (C/c et C/C) en considérant c/c a une valeur sélective relative de 1 car il n'y a plus de pollution, pour estimer le coefficient de sélection (1-valeur sélective relative, mesurant la pression du milieu) s'étant exercé sur l'allèle C entre 1983 et 1991 puis entre 1991 et 2004 permettant d'expliquer une telle variation de fréquence. Considérer le cas avec $N = 1000$ et le cas où la population est infinie.

→ Faire de même entre 2004 et 2013.

Suggestion: choisir 0,45 pour la première période et 0,8 pour la seconde : effet fréquence dépendant négatif = avantage pour allèle le plus rare vis à vis de la prédation. Il se « noient dans la masse ».

1.2. exemple de du maintien de l'allèle S responsable de la drépanocytose dans les populations ou comment expliquer que la fréquence d'un allèle dans la population peut varier en fonction de la pression de sélection, elle-même variable dans l'espace

Aujourd'hui, les individus souffrant de la drépanocytose en Europe ont une espérance de vie autour de 45 ans grâce aux progrès de la médecine.

Activité 2 :

→ Réinitialiser les valeurs par défaut de Géné'pop, prendre $N = 1000$

→ Partir d'une fréquence initiale de 0,5 et prendre pour valeurs sélectives : $w_{A/A} = 1$, $w_{A/S} = 1$ et $w_{S/S} = 0,8$,

→ Déterminer ainsi $F(A)$ et préciser si ce résultat est en accord avec les fréquences de l'allèle Hbs observées sur le document 11 du cours.

→ A présent, changer les valeurs sélectives pour celles observées au Nigéria à savoir

$$w_{A/A} = 0,88, w_{A/S} = 1 \text{ et } w_{S/S} = 0,13$$

→ Partir d'une fréquence initiale de 0,5 et prendre pour valeurs sélectives : $w_{A/A} = 0,88$, $w_{A/S} = 1$ et $w_{S/S} = 0,13$

Commentez les valeurs obtenues pour la fréquence de l'allèle S en rapport avec vos connaissances sur le drépanocytose et le paludisme

2. utilisation d'un autre logiciel un peu plus complet: PopG

Le logiciel PopG permet en plus de Génepop de modifier :

- Les effets de migration : la migration induit des brassages et peut modifier les résultats au regard des résultats attendus compte tenu des simulations précédentes. Peut aider à expliquer le maintien de génotypes à faible fitness dans une population
- Le nombre de populations qui évoluent en parallèle : entre 0 et 1000. Permet de définir une reproductibilité ou non des résultats.

On s'appuiera une nouvelle fois sur l'étude des variations de fréquence de l'allèle C dans le cas du mélanisme industriel en zone polluée !

Activité 3 :

→ Lancer dans les applications le logiciel PopG

→ Pour lancer une simulation, il suffit de sélectionner « New run » dans le graphique vierge qui s'est ouvre.

→ Réaliser plusieurs modélisations en utilisant les paramètres indiqués ci dessous et discuter des résultats observés.

	Cas numéro 1	Cas numéro 2 (théorique)	Cas numéro 3 (théorique)	Cas numéro 4 (théorique)	Cas numéro 5 cas actuel sans migration	Cas numéro 6 cas actuel avec migration
Effectif de la population	1000	1000	1000	10	1000	1000
Fitness C//C	1	1	1	1	0,9	0,9
Fitness C//c	1	1	1	1	0,9	0,9
Fitness c//c	0,4	1	1	1	1	1
Fréquence initiale de C	0,01	0,01	0,9	0,9	0,01	0,01
Nombre de générations	100	100	100	100	20	20
migration						10 %

3. utilisation d'un autre logiciel : Populus

On restera ici purement théorique

Activité 4 :

→ → Lancer dans les applications le logiciel Populus

→ Dans le menu « Model », choisir « Mendelian Genetics /Drift and selection », le logiciel permet ici de calculer les fréquences alléliques en tenant compte de la dérive génétique et de la sélection naturelle.

w_{AA} indique la valeur sélective du génotype A//A. Cela permet de calculer les fréquences alléliques à la prochaine génération $t+1$, avec $p(t)$ la fréquence de l'allèle A et q_t celle de l'allèle a, à la génération t :

$$p_{t+1} = (p_t) \frac{p_t w_{AA} + q_t w_{Aa}}{p_t^2 w_{AA} + 2p_t q_t w_{Aa} + q_t^2 w_{aa}}$$

Activité 4 suite :

→ Compléter le tableau suivant à l'aide des résultats obtenus avec les paramètres indiqués en considérant que les allèles *A* et *a* ont la même fréquence, soit $F(A) = 0,5$

N (effectif)	w_{AA}	w_{Aa}	w_{aa}	Variations de $F(A)$	Mécanisme(s) impliqués et remarques
500	1	0,8	0,8		
500	0,8	0,8	1		
500	0,8	1	0,8		
20	1	0,8	0,8		
20	0,8	0,8	1		
20	0,8	1	0,8		
500	1	1	1		
20	1	1	1		

II. Modélisation de la dérive génétique seule**1. Modélisation des travaux de Peter Buri (1956)**

Il s'agit ici de simuler l'expérience historique de Buri montrant la dérive génétique sur de petites populations.

Activité 5 :

→ Aller sur <http://virtualbiologylab.org/population-genetics/> et lancez le modèle 3.

Dans des tubes, on place des *Drosophiles* possédant soit deux allèles sauvages (+/+) donnant des yeux rouges, soit 2 allèles récessifs (*bw/bw*) donnant des yeux blancs), soit des hétérozygotes (+/*bw*) aux yeux oranges. Dans les conditions de culture, la couleur des yeux n'a aucun effet sur la capacité à trouver leur nourriture ou un partenaire. C'est un tirage aléatoire parmi les mouches présentes dans le tube qui donne la nouvelle population du tube.

Il est possible de choisir le nombre de mouches qui est prélevé à chaque génération et replacé dans un nouveau tube (paramètre «*Pop-Size*»), sachant que le sex-ratio reste de 50%-50%. Il est également possible de choisir la fréquence de l'allèle *bw* au début de l'expérience (paramètre «*Init-Prop-bw*»). Le nombre de générations est indiqué, ainsi que le nombre de tubes pour lesquels un allèle a été fixé (paramètre «*#Colonies Fixed*»), avec le nombre moyen de générations nécessaires pour obtenir cette fixation (paramètre «*Mean Fix. Time*»). La fréquence de l'allèle *bw* dans l'ensemble des tubes est donnée dans le paramètre «*Overall Prop. bw*».

Activité 5 suite :

- Lancer une simulation avec les paramètres par défaut qui ressemblent à ceux de l'expérience historique.
- Pourquoi Peter Buri en a-t-il conclu que cette expérience démontrait l'existence de la dérive génétique ?
- Que se passe-t-il si on augmente le nombre de mouches par tube ? Discuter des résultats observés.

Activité 6 :

→ *Toujours sur le site web <http://virtualbiologylab.org>, choisir à présent le modèle 2*

Les individus sont représentés par des couleurs qui correspondent à leur génotype dans le cas où il y aurait codominance des deux allèles. Les allèles des populations sont symbolisés avec une couleur jaune, bleue ou rouge à l'état homozygote, ou une superposition de deux de ces couleurs s'il s'agit d'un hétérozygote (par exemple, un individu violet a pour génotype bleu/rouge). Tous les génotypes ont même valeur sélective.

On dispose d'un continent (« *Mainland* »), dont on fixe la capacité d'accueil (« *Mainland-K* »). Les fréquences des allèles de la population du continent sont données en bas à gauche. Sur le continent, on peut déclencher un goulot d'étranglement démographique (presser le bouton

Activité 6 suite :

→ *Fixer une population continentale à environ 800 individus et créer un goulot d'étranglement démographique avec dix survivants, par exemple suite à une catastrophe naturelle, une maladie ou de la pression humaine (déforestation)*

→ *Renouveler cinq fois la simulation. Obtient-on toujours les mêmes résultats ? Pourquoi ?*

L'île 1 est colonisée à partir de la population continentale, et l'île 2 à partir de l'île 1.

Pour chaque île, il est possible de déterminer le nombre d'individus migrant sur d'île (« *Founding N-x* ») et la capacité d'accueil de l'île (« *Isle-x-K* »).

Activité 6 suite :

→ *Choisir des paramètres induisant une évolution de la population continentale selon la loi de Hardy-Weinberg, puis réaliser des colonisations par une dizaine d'individus, pour une capacité d'accueil de 50 individus.*

→ *Comparer les diversités génétiques des populations du continent et des deux îles au cours de la même simulation et d'une simulation à l'autre.*

→ *Que se passe-t-il si on augmente la capacité d'accueil des îles à 200 individus ?*

→ *D'après cette simulation et vos connaissances, pourquoi les îles proches des continents sont-elles riches en espèces endémiques qu'on ne retrouve nulle part ailleurs*

Conclusion

Les mécanismes de l'évolution découlent de nombreuses observations et peuvent être testés expérimentalement. L'évolution des espèces repose sur des interactions avec les paramètres biotiques et abiotiques.

Les mécanismes de l'évolution modifient la biodiversité, et ce, parfois de manière extrêmement rapide, entraînant alors l'émergence de nouvelles espèces et la disparition d'autres.

La compréhension de ces mécanismes permet l'établissement des relations de parenté entre les organismes, ces derniers gardant des traces de leur histoire évolutive, aussi bien dans leur morphologie, leur anatomie, que dans leur génome.