

Sélection naturelle et dérive génétique – utilisation du logiciel « évolution allélique »

Valeurs sélectives et évolution des fréquences alléliques

La valeur sélective (w) est un concept central en théorie de l'évolution. Elle décrit la capacité d'un individu d'un certain génotype à survivre et à se reproduire.

Dans ce modèle les valeurs sélectives s'étendent de :
 0 = mort avant de pouvoir se reproduire, ou stérilité
 1 = succès reproducteur maximal

Après avoir attribué une valeur sélective à chaque génotype, vous pourrez prédire l'évolution de chaque allèle et de chaque génotype, de génération en génération.

Si votre objectif se limite à connaître la tendance de cette évolution, il ne vous est pas nécessaire de connaître les valeurs sélectives exactes :
 - donnez la valeur 1 au(x) génotype(s) le(s) plus avantageux
 - donnez les valeurs 0,9, et 0,8 aux suivants
 - donnez la valeur 0 à tout génotype ne permettant aucune reproduction

en savoir plus :

Nom de l'allèle 1 : << Attribuez un nom à chaque allèle
 Nom de l'allèle 2 :

Fréquence initiale de l'allèle 1
 $f =$

Nombre de générations : (max = 100)

Valeurs sélectives

A//A :

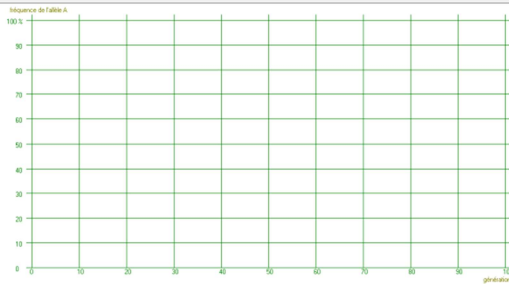
A//a :

a//a :

Autoriser des valeurs sélectives supérieures à 1

Lancer la simulation et tracer la courbe

F.COSENTINO



RESULTATS DE LA SIMULATION :

Fréquences des allèles :
 initiales finales
 A :
 a :

Fréquences des génotypes :
 initiales finales
 A//A :
 A//a :
 a//a :

Valeurs sélectives moyennes :
 initiale : finale :

Calculs réalisés suivant les lois de Hardy-Weinberg en supposant :
 - que la population a un effectif très grand
 - qu'elle est panmictique
 - qu'il n'existe que 2 allèles pour le gène étudié

>> Basculer vers l'écran "dérive génétique"

Le logiciel « **évolution allélique** » permet de simuler plus précisément le comportement des allèles au cours du temps et des générations successives au sein d'une espèce afin de comprendre, d'une part, le principe de l'évolution et de la sélection naturelle, et, d'autre part, celui de la dérive génétique.

Restez sur l'écran « sélection naturelle ».

- On s'intéresse à déterminer l'évolution des allèles en fonction de l'avantage sélectif ou du désavantage qu'ils apportent à une population. Pour cela, le logiciel nous donne la possibilité de donner une « valeur sélective » à chaque combinaison d'allèles (appelée « **génotype** »). Étant donné que nous avons des paires de chromosomes, chaque paire porte les mêmes gènes aux mêmes emplacements mais pas forcément sous la même forme allélique. Ainsi, pour le couple d'allèles (A ; a), les génotypes peuvent être A//A, A//a ou a//a. Nous considérerons ici que seul le génotype a//a provoque la mort des individus qui la porte (désavantage) et que les génotypes A//A et A//a permettent la survie. Entrez les valeurs 1, 1 et 0 aux « valeurs sélectives » respectivement A//A, A//a et a//a. La valeur 1 correspond à une survie (ou reproduction) de 100 % des porteurs et la valeur 0 à survie (ou reproduction) de 0 %. Lancez ensuite la simulation.

Valeurs sélectives

A//A :

A//a :

a//a :

➤ Notez vos observations

- Vous pouvez également comprendre l'exemple de la drépanocytose avec ce logiciel en modifiant les valeurs sélectives : les génotypes S//S et s//s provoquent la mort des individus (0) et le génotype S//s permet leur survie (1). Vous pouvez également faire varier les valeurs sélectives de manière à comprendre pourquoi un allèle délétère se retrouve à 75 % dans une population au bout de quelques générations en partant d'une fréquence initiale de 50 %.

Nom de l'allèle 1 : << Attribuez un nom à chaque allèle
 Nom de l'allèle 2 :

Fréquence initiale de l'allèle 1
 $f =$

Nombre de générations : (max = 100)

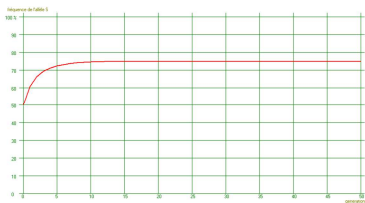
Valeurs sélectives

S//S :

S//s :

s//s :

Autoriser des valeurs sélectives supérieures à 1



RESULTATS DE LA SIMULATION :

Fréquences des allèles :
 initiales finales
 S : 0.5 0.75
 s : 0.5 0.25

Fréquences des génotypes :
 initiales finales
 S//S : 0.25 0.562
 S//s : 0.5 0.375
 s//s : 0.25 0.063

Valeurs sélectives moyennes :
 initiale : 0.35 finale : 0.387

Calculs réalisés suivant les lois de Hardy-Weinberg en supposant :
 - que la population a un effectif très grand
 - qu'elle est panmictique
 - qu'il n'existe que 2 allèles pour le gène étudié

Cliquez sur « basculer vers l'écran "dérive génétique" ».

- Choisissez deux allèles A et a avec une fréquence de 0,5 (pour commencer) pour l'allèle A, un calcul basé sur 100 générations et un effectif de population de 20. Vous pourrez par la suite faire varier les fréquences de départ pour l'allèle 1.
- Lancez la simulation une dizaine de fois. Chaque courbe reste affichée en surimpression, la dernière reste en rouge.

Dérive génétique et évolution des fréquences alléliques

La dérive génétique est la modification de la fréquence allélique au sein d'une population, indépendamment des mutations, sélections, migrations. **La perte ou le gain d'un allèle se faisant au hasard, la dérive génétique est d'autant plus forte que la population est petite.**

Concrètement, chaque individu se reproduisant ne transmet que la moitié de son patrimoine génétique à sa descendance. Dans une population de petite taille, il est statistiquement inévitable que certains allèles (une variante particulière d'un gène) ne soient transmis par aucun adultes à leurs descendance. De plus, certains individus n'ont pas de descendance du tout. Le nombre des allèles (la variabilité génétique) se réduit donc. Parmi les allèles « survivants », certains vont voir leur fréquence originelle diminuer ou au contraire augmenter.

(source : Wikipedia)

en savoir plus :

Nom de l'allèle 1 :

Nom de l'allèle 2 :

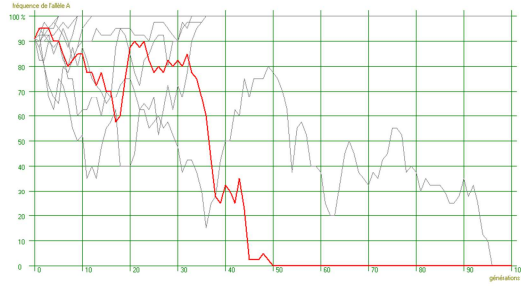
Fréquence initiale de l'allèle 1
 $f = [0.91]$

Nombre de générations : (max = 100)

Effectif de la population : (max = 10000)

Lancer la simulation et tracer la courbe

P.COSENTINO



RESULTATS DE LA SIMULATION :

Fréquence des génotypes :

	initiales	finales
A//A :	0.828	0
A/a :	0.164	0
a/a :	0.008	1

L'allèle 'A' a disparu à la 50ème génération.

Calculs réalisés suivant les lois de Hardy-Weinberg en supposant :
 - que l'autofécondation est possible
 - que la population est panmixtique
 - qu'il n'existe que 2 allèles pour le gène étudié

>> [Basculer vers l'écran "sélection naturelle"](#)

➤ **Notez vos observations**

- Augmentez maintenant l'effectif de la population à 10 000 et conservez les autres paramètres tels quels.
- Lancez la simulation une dizaine de fois.

Dérive génétique et évolution des fréquences alléliques

La dérive génétique est la modification de la fréquence allélique au sein d'une population, indépendamment des mutations, sélections, migrations. **La perte ou le gain d'un allèle se faisant au hasard, la dérive génétique est d'autant plus forte que la population est petite.**

Concrètement, chaque individu se reproduisant ne transmet que la moitié de son patrimoine génétique à sa descendance. Dans une population de petite taille, il est statistiquement inévitable que certains allèles (une variante particulière d'un gène) ne soient transmis par aucun adultes à leurs descendance. De plus, certains individus n'ont pas de descendance du tout. Le nombre des allèles (la variabilité génétique) se réduit donc. Parmi les allèles « survivants », certains vont voir leur fréquence originelle diminuer ou au contraire augmenter.

(source : Wikipedia)

en savoir plus :

Nom de l'allèle 1 :

Nom de l'allèle 2 :

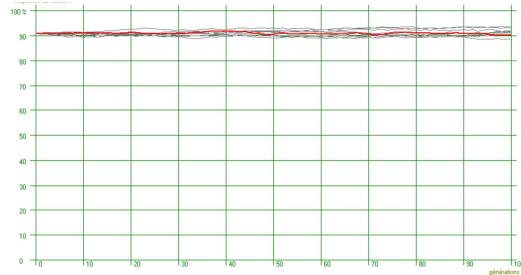
Fréquence initiale de l'allèle 1
 $f = [0.91]$

Nombre de générations : (max = 100)

Effectif de la population : (max = 10000)

Lancer la simulation et tracer la courbe

P.COSENTINO



RESULTATS DE LA SIMULATION :

Fréquence des génotypes :

	initiales	finales
A//A :	0.828	0.817
A/a :	0.164	0.175
a/a :	0.008	0.009

Calculs réalisés suivant les lois de Hardy-Weinberg en supposant :
 - que l'autofécondation est possible
 - que la population est panmixtique
 - qu'il n'existe que 2 allèles pour le gène étudié

>> [Basculer vers l'écran "sélection naturelle"](#)

➤ **Notez vos observations**