

Modélisation Mathématique de la sélection naturelle

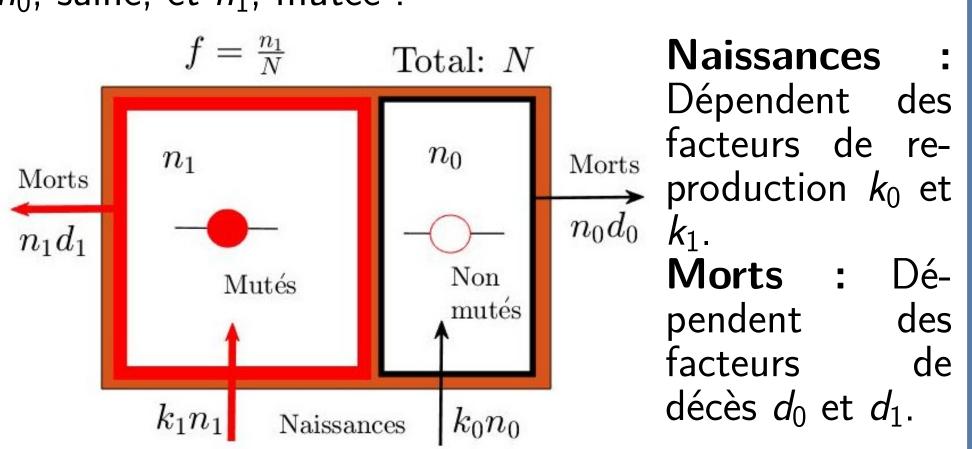
Achille BAUCHER, Younes BELKADA, Laurent DANG-VU, Ibtissam LACHHAB, Igor ROUZINE (Encadrant du LCQB)

Janvier 2019



Introduction

Notre objectif est d'étudier les dynamiques d'évolution de populations en compétition dans un environement limité. Nous complexifierons notre modèle au fur et à mesure. Pour commencer, considérons deux populations : n_0 , saine, et n_1 , mutée :



Cas simple sans mutations

- S: avantage compétitif de reproduction de la population n_1 par rapport à la population n_0 : $k_1 = (1+S)k_0$
- N : **population totale**, constante, donc n_0 et n_1 en compétition.
- Coefficients de morts **identiques** : $d_0 = d_1$
- Premières équations représentant l'évolution des populations :

$$\frac{dn_0}{dt} = k_0 n_0 - d_0 n_0$$

$$\frac{dn_1}{dt} = k_1 n_1 - d_1 n_1$$

avec t le temps en générations.

• On obtient l'équation différentielle **non linéaire** suivante où $f = \frac{n_1}{N}$:

$$\frac{df}{dt} = Sf(1-f)$$

• Conditions initiales : n_1 très faible par rapport à $n_0: f(0) = \frac{1}{100}$

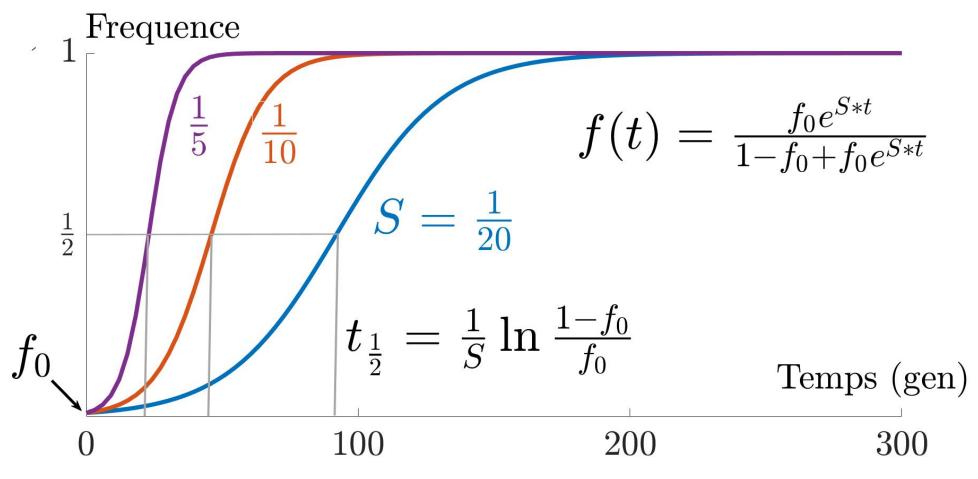
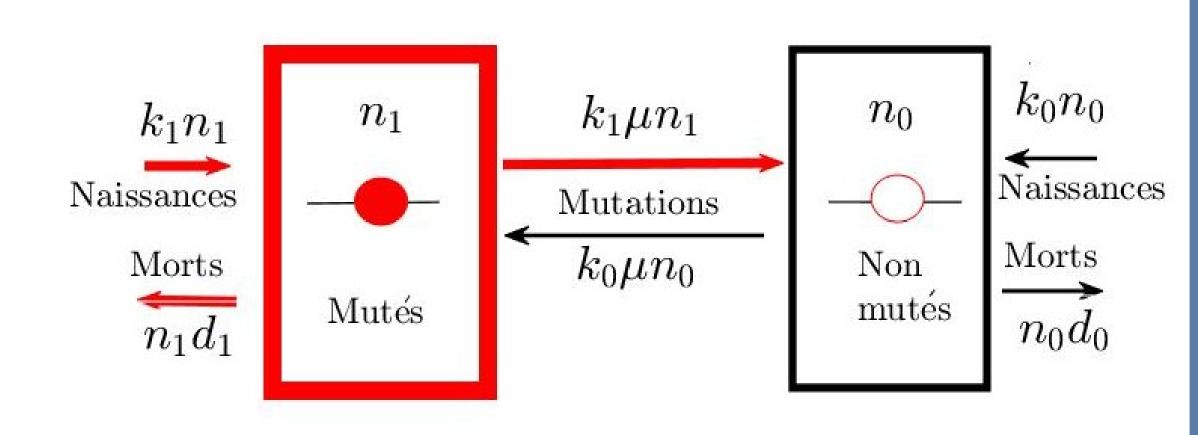


FIGURE 1: Evolution temporelle de la fréquence de n_1 pour plusieurs valeurs de S, sans mutations : $\mu = 0$

Interprétation : La population avantagée tend à remplacer totalement l'autre, avec une vitesse proportionnelle à l'avantage dont elle dispose.

Cas de mutations régulières

- On introduit un coefficient de mutation μ , probabilité qu'a le gène de muter par unité de temps.
- Initialement, pas d'individus de $n_1: f(0) = 0$



La mutation vient complexifier l'équation différentielle :

$$\frac{df}{dt} = Sf(1-f) + (1-2f)\mu$$
Selection Mutation

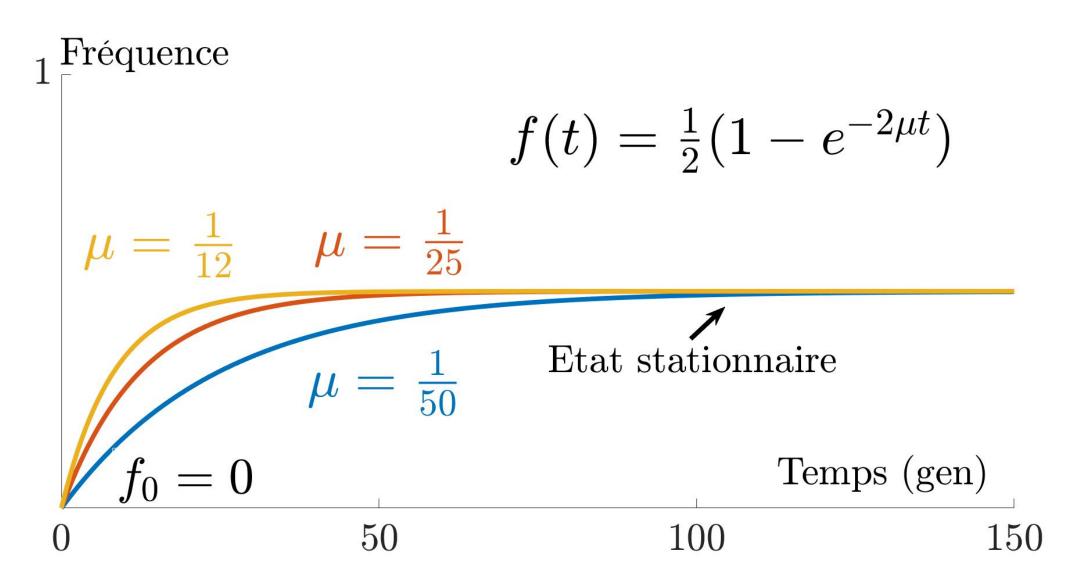


FIGURE 2: Evolution temporelle de la fréquence pour plusieurs valeurs de μ et un facteur de sélection S négligeable : S=0

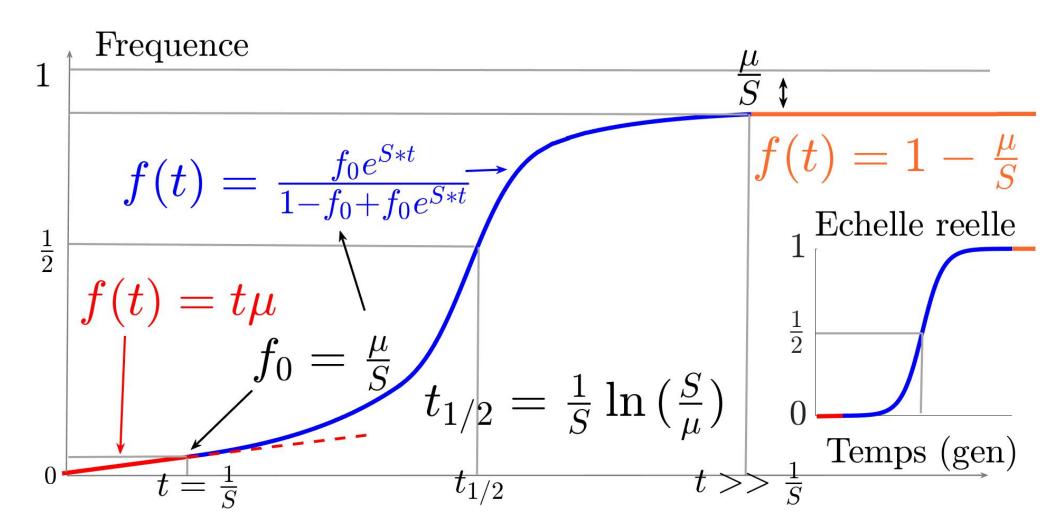


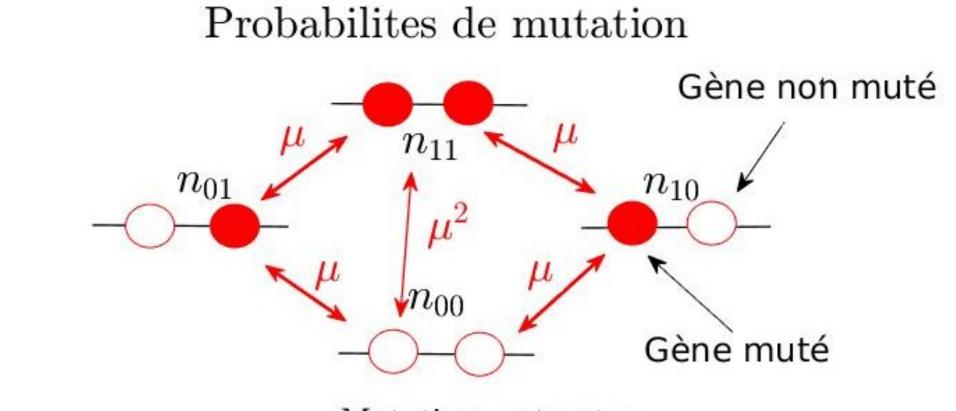
FIGURE 3: Evolution temporelle de la fréquence de n_1 pour un facteur de sélection prépondérant : $S>>\mu$

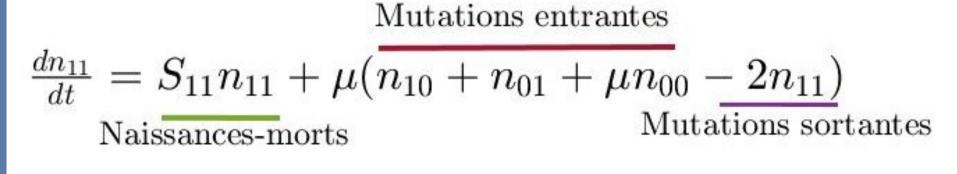
Interprétation :

- Fréquence linéaire au début : n_1 reçoit des mutations de la population majoritaire n_0 .
- Exponentielle ensuite : Elle se comporte comme précédemment dès que les individus de n_1 sont assez nombreux pour se reproduire.
- Dominante finalement : Il reste cependant toujours une faible quantité d'individus de n_0 , qui reçoivent les mutés de n_1 .

Cas de deux gènes mutants

Il y a à présent deux gènes différents, et donc 4 types d'individus :

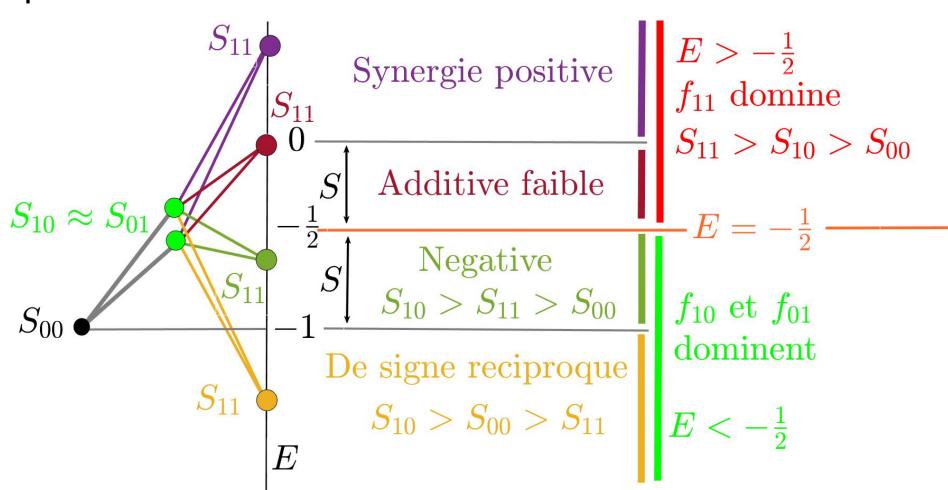




- $\frac{dn_{00}}{dt}$, $\frac{dn_{01}}{dt}$ et $\frac{dn_{10}}{dt}$ s'écrivent sous une forme analogue. Les S_{ii} correspondent à l'avantage de reproduction
- Les S_{ij} correspondent à l'avantage de reproduction dont dispose une population n_{ij} .

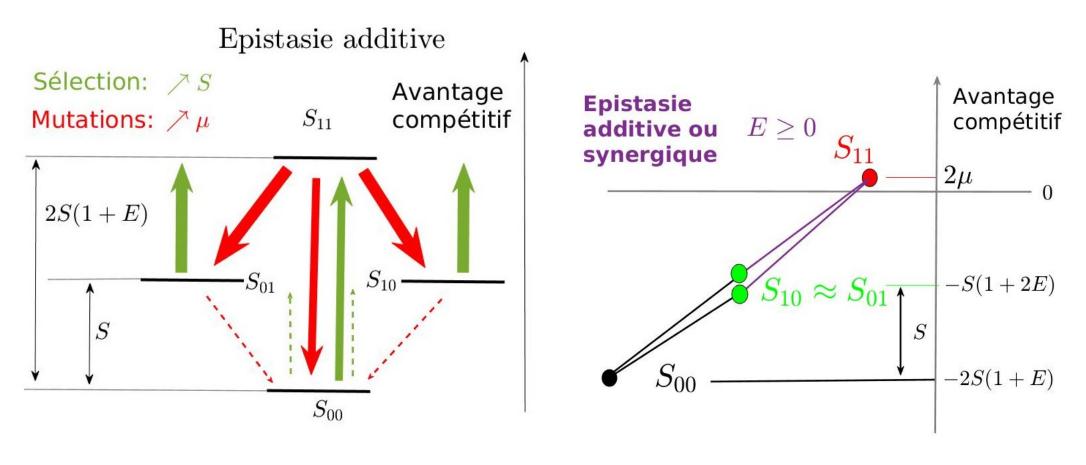
Epistasies

- Chaque gène muté apporte un avantage S, mais les deux combinées forment un avantage qui dépend du coefficient d'épistasie E: S₁₁ S₀₀ = 2S(1 + E)
- Les différents cas d'épistasie possibles :



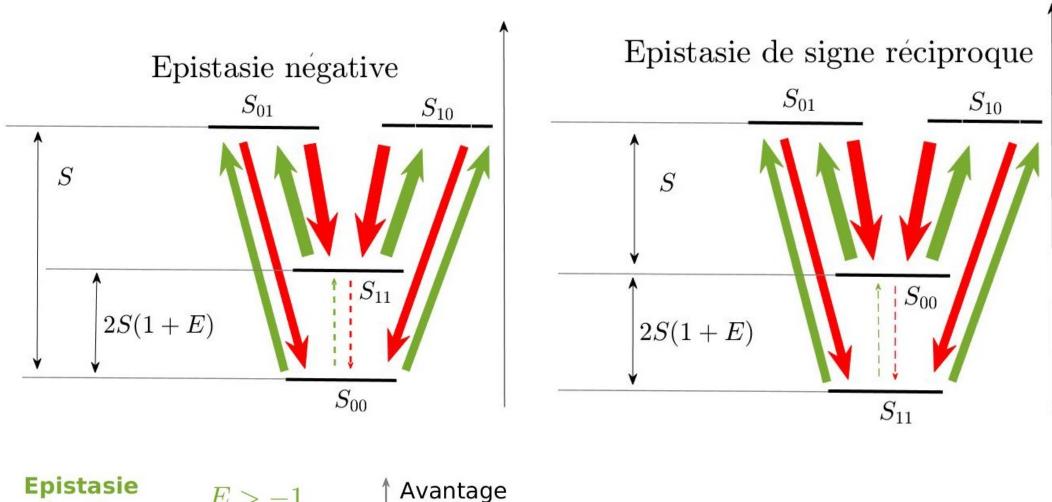
Epistasie positive : $E > -\frac{1}{2}$

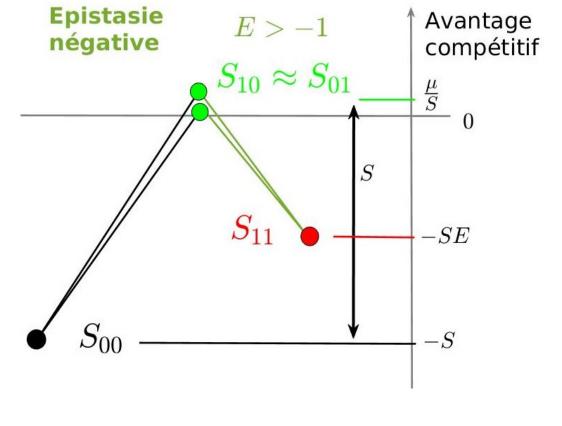
- n_{11} dispose d'un avantage compétitif S_{11} supérieur aux autres, elle est donc dominante.
- Cela regroupe les cas de synergie positive (E > 0), d'addition (E = 0) et de légère régression (E < 0).

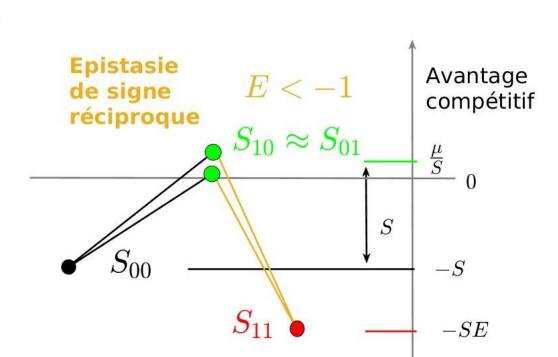


Epistasie négative : $E < -\frac{1}{2}$

- n_{11} et n_{00} sont plus compétitifs et dominent.
- Cela regroupe les cas de négativité simple (E>-1) et de signe réciproque (E<-1).



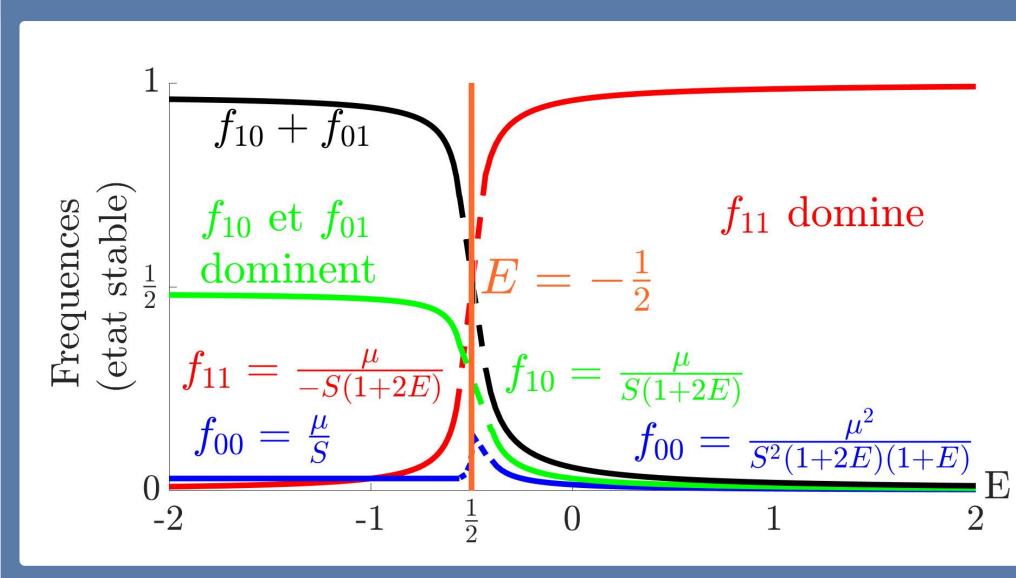




Etats stationnaires selon l'épistasie

Avantage

2S(1+E)



On distingue trois régimes d'états stables :

- Au centre : $E = \frac{1}{2}$: pas de domination écrasante d'une population en raison de faibles différences de compétitivité.
- A droite : $E > \frac{1}{2}$: f_{11} domine. Plus E augmente, plus sa domination est importante.
- A gauche : $E < \frac{1}{2}$: f_{01} et f_{10} dominent. Plus E diminue, plus leur domination est importante.

Remarque: La fréquence d'une population dominée ne dépend que de sa différence de compétitivité avec la ou les populations dominantes.