

MECANISMES DE L'EVOLUTION BIOLOGIQUE

BIOL-F-308

5 ECTS

J.C. de BISEAU (jcbiseau@ulb.ac.be)
P. MARDULYN (pmarduly@ulb.ac.be)

Théorie (48h) : jeudi 10h10-12h + vendredi 14h-15h50 (S.UB2.147)

Exercices (12h) : 1/10 + 8/10 de 13h à 16h
et 27/11 + 4/12 de 9h à 12h

Examen écrit en janvier

DIAS DISPONIBLES SUR L'UNIVERSITE VIRTUELLE + PODCASTS



Accueil ► Mes cours ► Sciences ► BIOL-F308-0-201415

NAVIGATION

- Accueil
- ▶ Ma page
- ▶ Pages du site
- ▶ Mon profil
- ▼ Cours actuel
 - ▼ BIOL-F308-0-201415
 - ▶ Participants
 - ▶ Badges
 - ▶ Généralités
 - ▶ DIAS DU COURS
 - ▶ SEANCES D'EXERCICES
 - ▶ PODCASTS
 - ▶ RESSOURCES
 - ▶ Mes cours

Forum des nouvelles

DIAS DU COURS

SEANCES D'EXERCICES

PODCASTS

RESSOURCES

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES RECOMMANDÉES

- * D. J. Futuyma, 2013 : *Evolution* (third edition), Sinauer (<http://sites.sinauer.com/evolution3e/>) (ISBN: 9781605351643)
- * S. Freeman & J.C. Herron & S. Freeman, 2014 : *Evolutionary analysis* (fifth edition), Pearson (http://wps.aw.com/bc_freeman_evol_5) (ISBN 9780321616678)
- * Barton N.H. et al., 2007 : *Evolution*, Cold Spring Harbor Laboratory Press (<http://evolution-textbook.org>) (9780879696849)
- * S.C. Stearns & R.F. Hoekstra, 2005 : *Evolution : an introduction* (second edition), Oxford (ISBN: 0199255636)

QU'EST-CE QUE L'EVOLUTION ?

- un processus de modification (de transformation) des êtres vivants au cours du temps
 - une histoire (celle de la biodiversité sur terre)
 - une théorie scientifique explicative (mécanismes à la base du processus)
-
- *Microévolution* : processus évolutifs se déroulant à l'échelle des populations (évolution adaptative ou neutre).
 - *Macroévolution* : processus évolutifs se déroulant à l'échelle des espèces et aux échelles supérieures (incluant l'étude des fossiles et la systématique)

Chapitre 1

L' EVOLUTION A L' ECHELLE

DES POPULATIONS

1ère partie

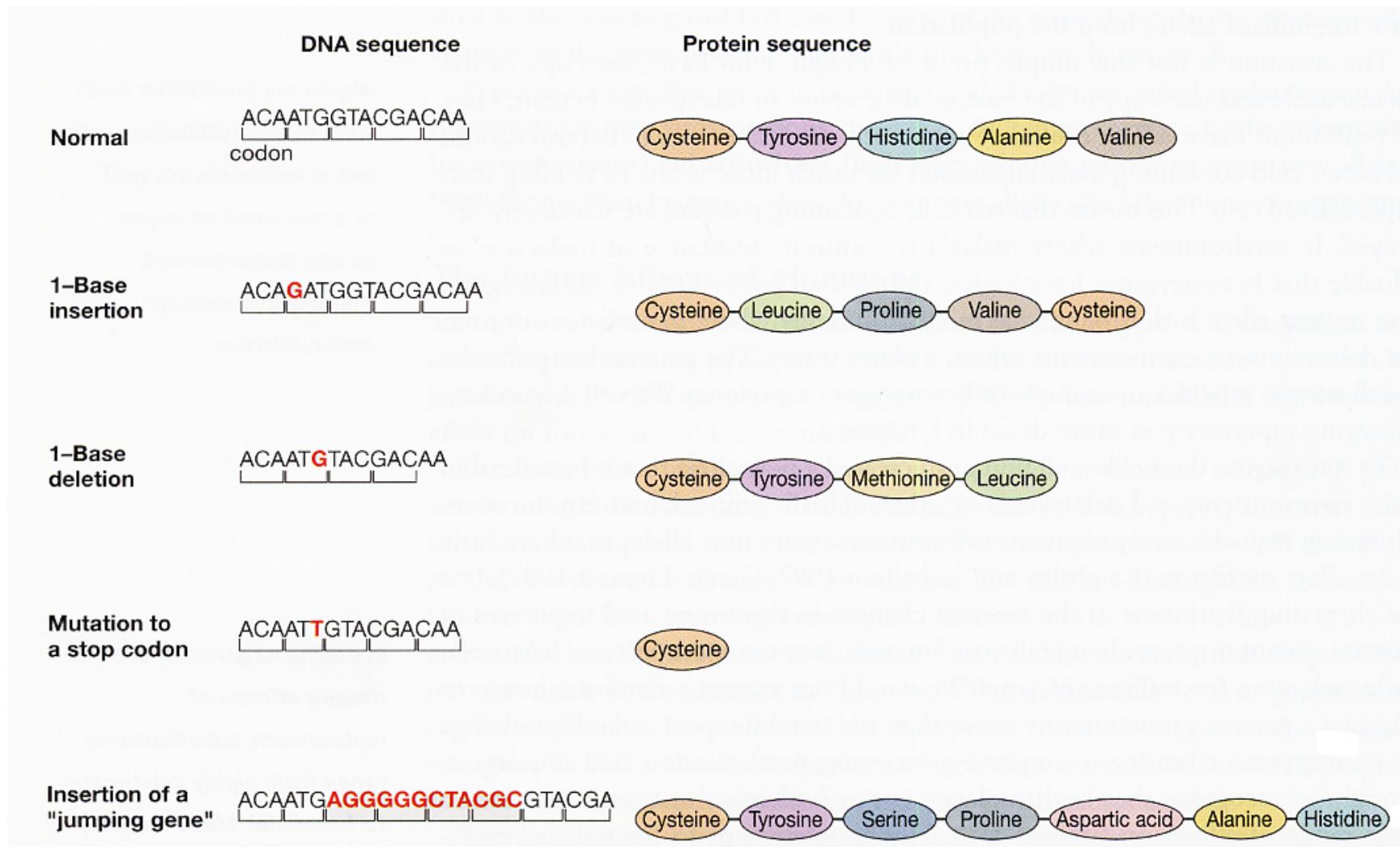
LE MECANISME DE BASE DE LA DIVERSITE GENETIQUE :
LA MUTATION PRODUIT LES NOUVEAUX ALLELES

FREQUENCES ET TAUX DE MUTATIONS

La fréquence des mutations peut se mesurer à partir de l'observation de leurs effets phénotypiques :

Espèce	Locus	Nb de gamètes testés	Nb de mutations observées	Fréquence par gamète
Maïs	R => r	554 786	273	4.9 x 10 ⁻⁴
Maïs	Pr => pr	647 102	7	1.1 x 10 ⁻⁵
Maïs	Y => y	1 745 280	4	2.2 x 10 ⁻⁶
Drosophile	W => w			4 x 10 ⁻⁵
Souris	D => d			3 x 10 ⁻⁵
Homme	Hémophilie A			3 x 10 ⁻⁵

MAIS un effet phénotypique peut correspondre à différentes mutations!



- ⇒ Actuellement, comparaison directe des séquences d' ADN
- ⇒ Taux de mutation par paires de bases
- ⇒ ordre de grandeur 10^{-10} à 10^{-11} par pb par réPLICATION

Ces taux sont très bas mais ils concernent une seule pb!

Chez l'homme:

- taux de mutation estimé = 2.4×10^{-9} par pb par an
- nb de pb dans le génome haploïde = 3.3×10^9
- nb de mutations par zygote par génération ?
317 !
- Si la proportion codante du génome = 2.5%
8 mutations donnant prise à la sélection / zygote / génération
- Dans une population de 500 000 humains :
4 000 000 de nouvelles mutations donnant prise à la sélection en une génération ! (estimation d'un ordre de grandeur)

Pourquoi les taux de mutation varient-ils entre individus? Entre espèces?

Il existe différents allèles d' ADN polymérase (le taux d' erreurs augmente avec la vitesse de réPLICATION)
+ différents allèles des enzymes impliqués dans la réparation de l' ADN (au moins 30 enzymes différentes chez les mammifères).

Le taux de mutation est un trait variable et héritable
⇒ sélection.

Entre espèces, les taux de mutation par génération dépendent du nombre de réPLICATIONS qui précèdent la production des gamètes :
⇒ plus le temps de génération est élevé, plus le taux de mutation par génération est élevé

CARACTERE ALEATOIRE DES MUTATIONS

Taux de mutation = probabilité de mutation.

Toutes les mutations ne sont pas équiprobables!

Cette probabilité peut être modifiée (agents mutagènes).

MAIS

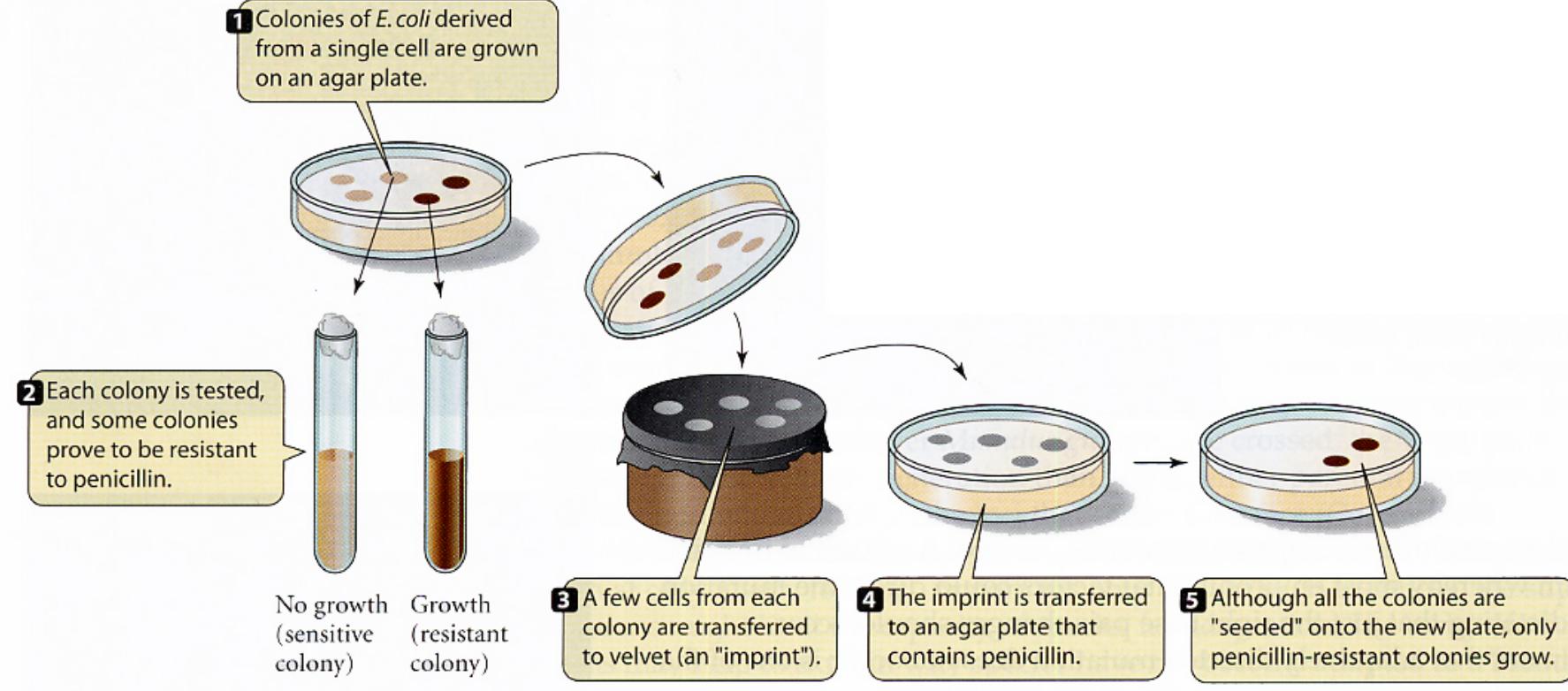
La présence d'un agent pathogène p.e. n'augmente pas la probabilité d'apparition d'une mutation qui confère une meilleure résistance à ce pathogène

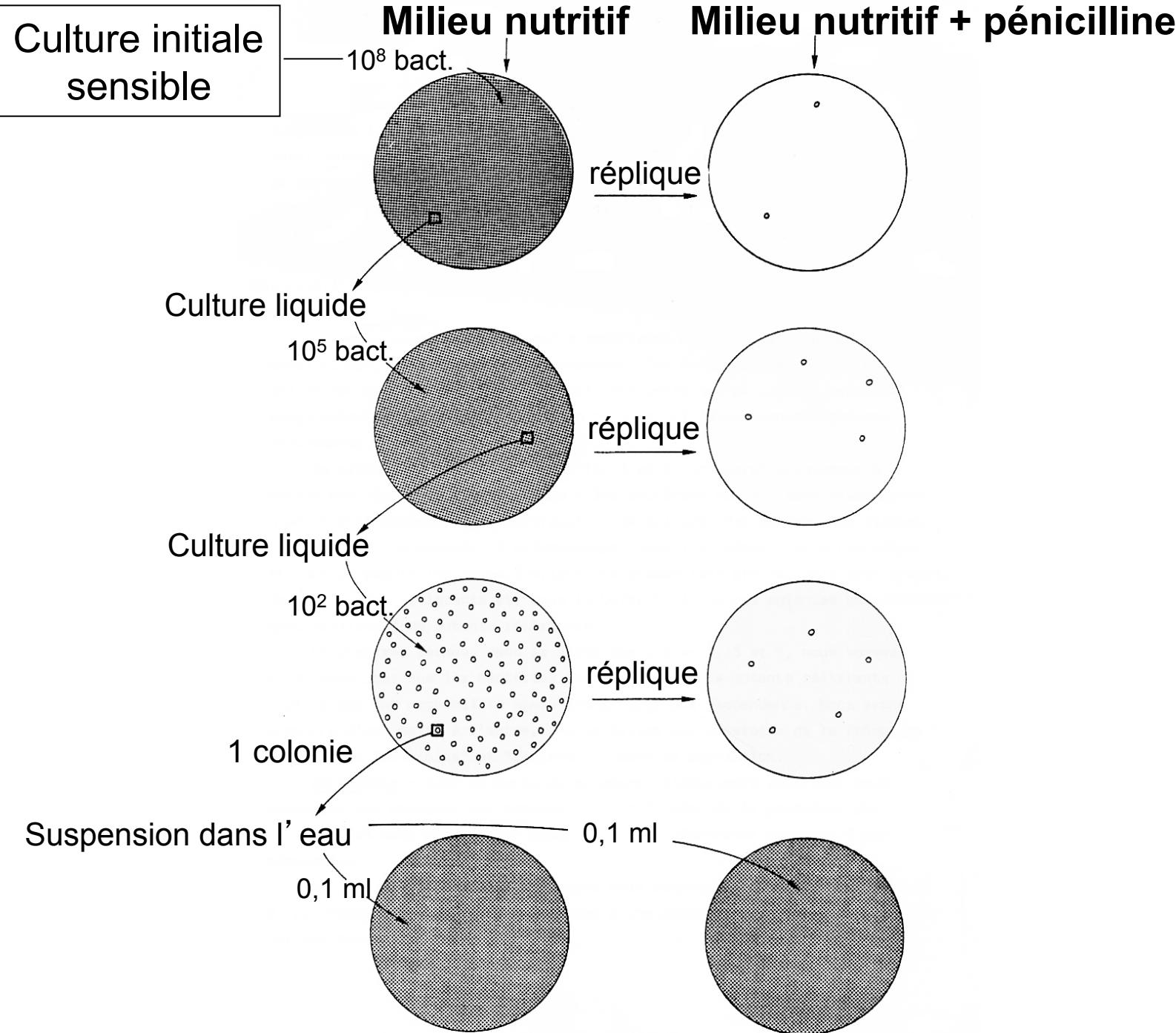
⇒ **Les mutations avantageuses ne sont pas plus fréquentes que les mutations désavantageuses ou neutres**

⇒ **Les mutations sont aléatoires *par rapport à leur utilité éventuelle***

L'adaptation n'est PAS le résultat des mutations !

Lederberg & Lederberg (1952) : une mutation avantageuse peut apparaître sans contact préalable avec le milieu dans lequel elle est avantageuse!





TRANSMISSION DES CARACTERES HEREDITAIRES :

LE SYSTEME GENETIQUE

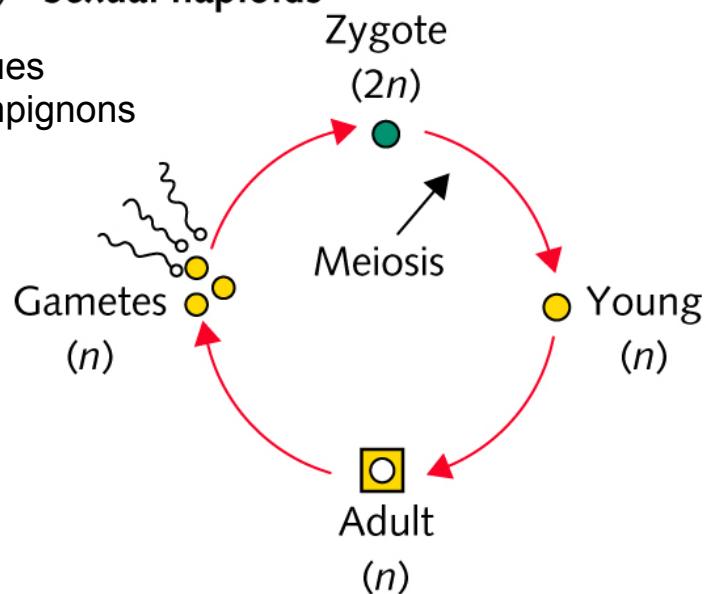
Système génétique :

processus de transmission de l'information génétique des parents à leur descendance :

- reproduction asexuée ou sexuée
- haploïdie ou diploïdie

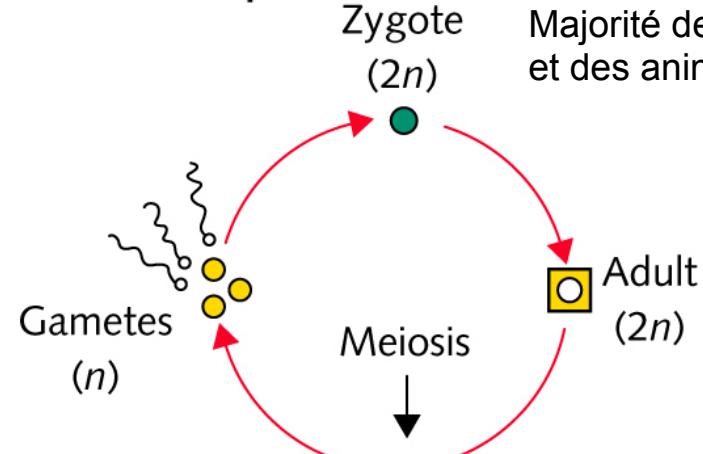
(a) Sexual haploids

Certaines algues
Certains champignons
Mousses



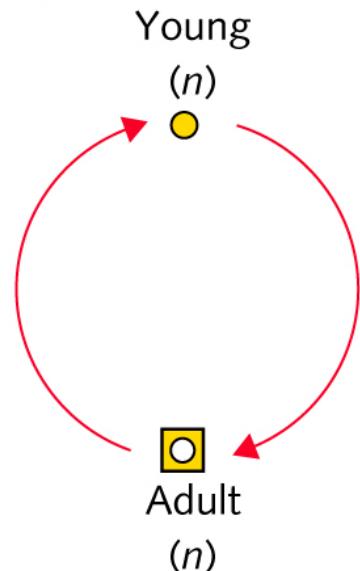
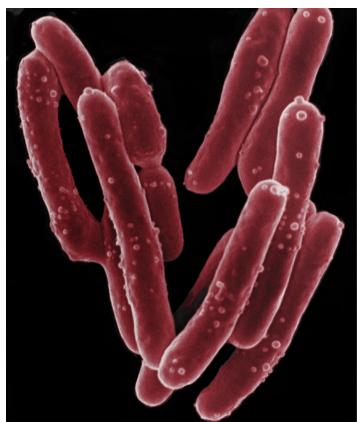
(b) Sexual diploids

Majorité des plantes et des animaux



(c) Asexual haploids

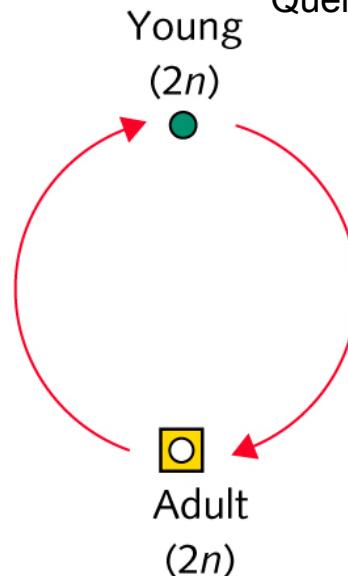
Bactéries et archées
Certains champignons



Mycobacterium tuberculosis

(d) Asexual diploids

Certains protistes
Quelques métazoaires



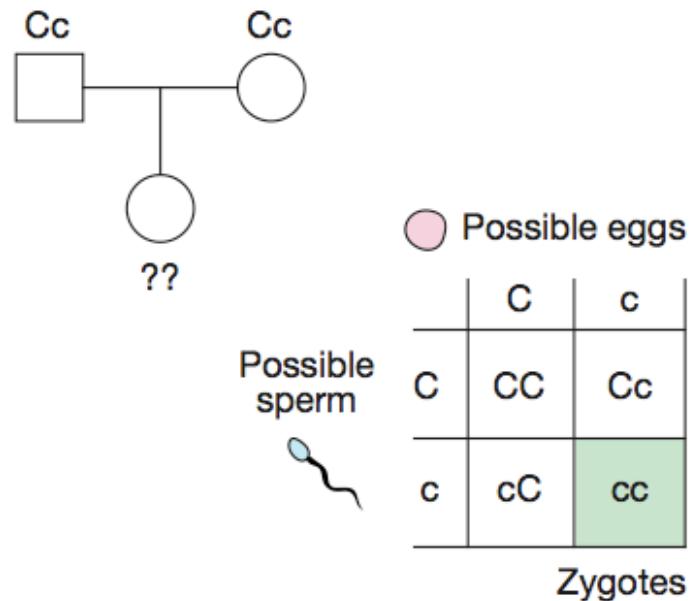
TRANSMISSION DES ALLELES DANS LES POPULATIONS

LE MODELE DE BASE DE HARDY & WEINBERG

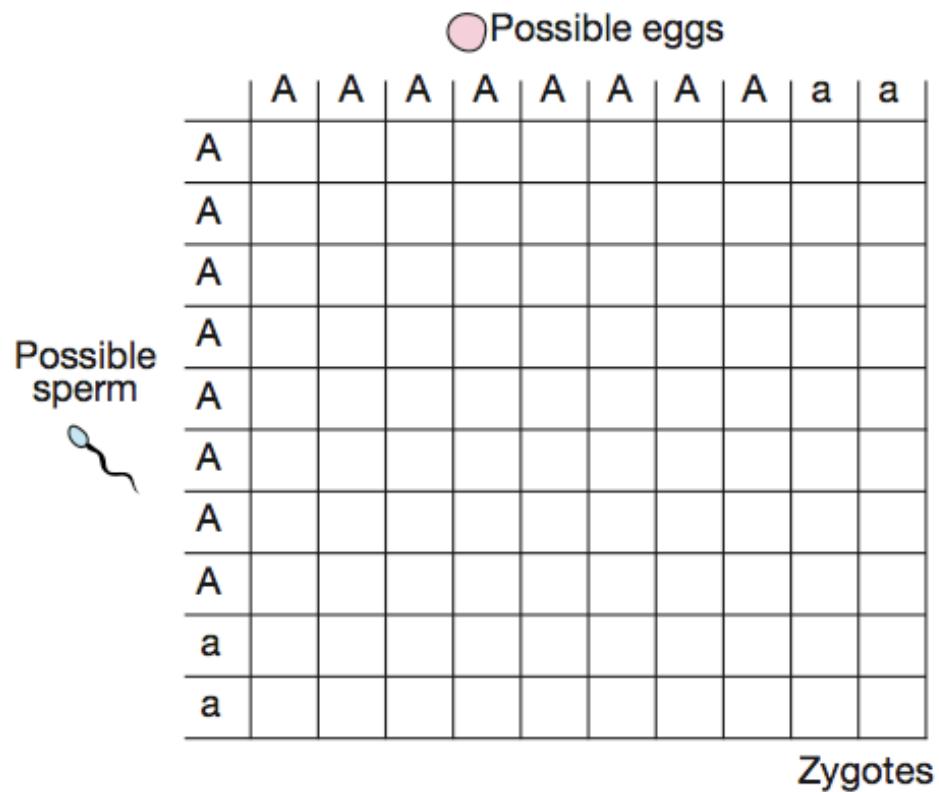
ROLE DES MODELES EN SCIENCE

- Simplifier le monde vivant pour parvenir à le comprendre
- Représenter mathématiquement un processus pour le tester qualitativement et quantitativement (prédiction)
- Lorsque que le modèle a été confirmé par des tests expérimentaux répétés de façon indépendante, on peut le raccrocher à d'autres modèles et/ou le complexifier.

Modèle de Mendel : Prédire la descendance d'un couple



Modèle de H&W : Prédire la descendance d'une population



Fréquence allélique : proportion de l' allèle considéré dans la population d'allèles (càd dans le **pool génique**)

Fréquence génotypique : proportion du génotype considéré dans la population d'individus

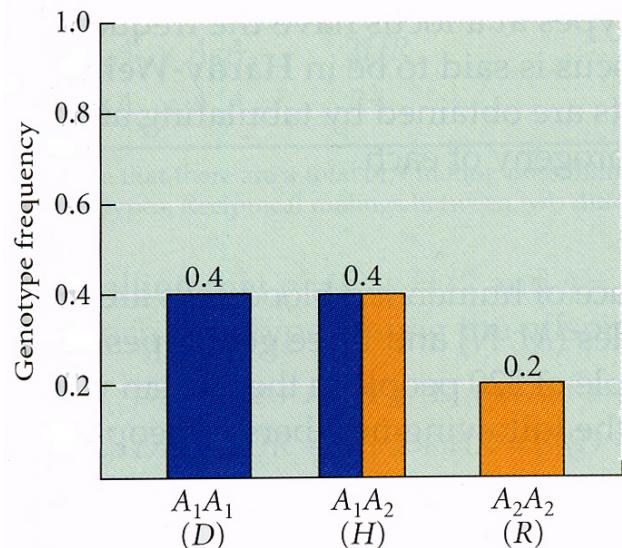
Soit 1 locus A représenté par 2 allèles (A1 et A2) dans une population d' individus diploïdes se perpétuant de générations en générations par reproduction sexuée (par exemple des oursins).

A la génération n, on dénombre 40 A1A1, 40 A1A2 et 20 A2A2.

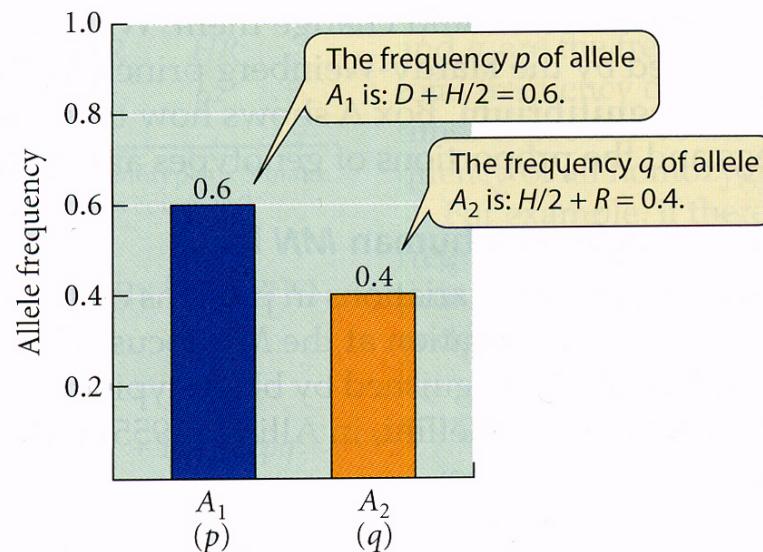
Quelles sont les fréquences génotypiques et alléliques à la génération n ?

Quelles seront les fréquences alléliques et génotypiques à la génération n+1 ?

(A) Parental genotype frequencies
(not in equilibrium)



(B) Parental allele frequencies



(C)

Offspring

Probability of a given mating producing the genotype

$$A_1A_1 \quad \Pr[A_1 \text{ egg}] \times \Pr[A_1 \text{ sperm}] = p \times p = p^2 \quad 0.6^2 \quad = 0.36$$

$$A_1A_2 \quad \left\{ \begin{array}{l} \Pr[A_1 \text{ egg}] \times \Pr[A_2 \text{ sperm}] = p \times q = pq \quad 0.6 \times 0.4 = 0.24 \\ \Pr[A_2 \text{ egg}] \times \Pr[A_1 \text{ sperm}] = q \times p = pq \quad 0.4 \times 0.6 = 0.24 \end{array} \right\} = 0.48$$

$$A_2A_2 \quad \Pr[A_2 \text{ egg}] \times \Pr[A_2 \text{ sperm}] = q \times q = q^2 \quad 0.4^2 \quad = 0.16$$

CONCLUSIONS

Pour un gène représenté par 2 allèles dans une population, quelles que soient les fréquences génotypiques initiales, après **une** génération d'accouplements aléatoires, ces fréquences seront égales à $p^2/2pq/q^2$. Ces fréquences génotypiques (ainsi que les fréquences alléliques correspondantes) resteront constantes de générations en générations tant que les conditions de validité du modèle de Hardy Weinberg seront respectées.

=> PAS D' EVOLUTION !

Conditions de validité :

- *effectif de la population infini*
- *panmixie (choix aléatoire des partenaires sexuels)*
- *pas de migrations (pas de flux génique entre populations)*
- *pas de mutation*
- *pas de sélection*

EXERCICE 1

Téléchargez sur l'UV, le logiciel de simulation *PopCycle* (version mac ou pc) et son fichier *mode d'emploi* (format pdf). Réalisez les exercices proposés dans le mode d'emploi.

Remarque : si les versions du logiciel disponibles sur l'UV ne conviennent pas à votre ordinateur, vous pouvez tenter d'en trouver une autre sur le site web de l'auteur :

<http://faculty.washington.edu/herronjc>

Rubrique “software”

EXERCICE 2

Parmi les nombreuses variations existant au niveau des protéines de surface des globules rouges de l'espèce humaine, le locus MN présente 2 formes alléliques (M et N). Lors d'une étude de population réalisée dans un petit village de Sicile, le génotype de 320 personnes a été identifié. Les résultats étaient les suivants :

MM : 187 ; MN : 114 ; NN : 19.

Ces fréquences génotypiques sont-elles à l'équilibre de Hardy & Weinberg ? Pouvez-vous estimer statistiquement la fiabilité de votre réponse ?

EXERCICE 3

Soit un locus A représenté dans une population P par 3 allèles : A1, A2 et A3.

Quelles sont les fréquences génotypiques attendues si ceux-ci sont à l'équilibre de Hardy & Weinberg sachant que la fréquence de A1=0.2 et celle de A2=0.5 ?

EXERCICE 4

Montrez que la fréquence des hétérozygotes dans une population qui se reproduit par autofécondation tend vers 0. Quelle condition de validité du modèle de Hardy & Weinberg n'est pas respectée dans ce cas ? En quoi le modèle de Hardy & Weinberg permet-il de mesurer le coefficient de consanguinité (F) d'une population ? Quelle sera la valeur de F dans une population où $p = 0.4$ et où la fréquence observée des hétérozygotes est de 0.24 ? La consanguinité peut-elle être considérée comme un mécanisme d'évolution ? Justifiez votre réponse.