

Norme de réaction ensemble de phénotypes observés pour un même génotype selon les conditions environnementales.

Plasticité phénotypique capacité d'un organisme à exprimer différents phénotypes à partir d'un génotype donné selon l'environnement.

Attention il n'existe pas de hiérarchies entre les allèles mais entre les phénotypes. Ainsi, on dira qu'un phénotype [A] est dominant sur [a].

Objectifs

La génétique des populations s'intéresse à l'histoire des populations. En comprenant leur dynamique passée, on peut prévoir l'évolution et . C'est utile pour anticiper les pertes de diversité génétique et prévenir les risques liés à la consanguinité en organisant par exemple des réintroductions pour maintenir un certain niveau de diversité génétique dans une population.

Estimation de la fréquence des différents allèles présents dans la population

Hypothèse : on considère le nombre d'individus infini.

La population est l'ensemble des allèles.

Ens. des allèles d'un gène	A	a		Total
Fréquence à t	P_n	Q_n		1
Zygotes formés	AA	Aa	aa	
Fréquence des	P_n^2	$2P_nQ_n$	Q_n^2	1
Allèles	A	a		1
Fréq t+1	$P_n^2 + P_nQ_n = P_n(P_n + Q_n)$	$Q_n^2 + P_nQ_n$		1

L'équilibre est stable car à chaque génération on retrouve les fréquences de départ des allèles. L'équilibre correspond mathématiquement à :

$$\Delta P = P_{n+1} - P_n = 0$$

Dans la réalité, il existe de multiples causes qui peuvent modifier les fréquences alléliques d'une génération à l'autre :

- Des mutations dans les cellules germinales (gamètes). On parle notamment du taux de mutation par gamète et par génération.
- La dérive génétique qui correspond au « tirage au sort » lors de la formation des gamètes qui n'est pas représentatif de la population.
- La rencontre entre deux gamètes n'est pas aléatoire. On parlera de pangamie lorsque les gamètes se rencontrent au hasard (et de panmixie pour les rencontres entre les individus).
- Valeur sélective (taux de survie et de fécondité) : nombre moyen de descendants viables et fertiles.
 - Un taux de survie des reproducteurs qui varie en fonction du génotype.
 - Un taux de fécondité différent entre les génotypes.
- Les migrations avec des fréquences différentes de la population étudiée.

Distorsion de ségrégation mitotique c'est lorsqu'un groupe de gènes, souvent situé sur le même chromosome, est transmis et confère un

Par exemple, l'absence de ce groupe entraîne la mortalité du gamète.

À l'équilibre lorsque les paramètres (notamment les fréquences) n'évoluent plus.

Vérifier si une population est à l'équilibre

- Calculer les effectifs théoriques
- Comparer les résultats attendus avec les fréquences obtenus.

$$\chi^2 = \sum \frac{(\text{eff théor.} - \text{eff obser})^2}{\text{eff théor}}$$

- Pour cela on utilise un test statistique :
- H_0 : les résultats théoriques sont conformes à ce obtenus.
- H_1 : les résultats théoriques ne sont pas conformes à ce obtenus.

Utilisation du test du Khi-2 :

- Le degré de liberté : nombre de paramètres indépendants.
- α le taux d'erreur accepté : probabilité de rejeter H_0 alors que c'est vraie.
- β probabilité d'accepter H_0 alors que c'est faux.

Si $X^2 < X^2(\alpha)$, on dirait que l'on ne rejette pas H_0 .

α

Mutation

Pour un allèle A avec un taux de mutation U, sa fréquence à la génération suivante est : $P_{n+1} = P_n - uP_n$

Les mutations récurrente influence peu les fréquences alléliques seul mais comme ils sont toujours combiner avec d'autres facteurs évolutifs (environnement,...) et créer la variabilité initiale.

En tenant compte du taux de mutation reverse

La dérive génétique

L'évolution aléatoire des fréquences alléliques au cours du temps fluctue aléatoirement et n'est pas prédictible.

Ces changements de fréquences ont un impact important sur les populations de faibles effectifs et particulièrement vulnérables à l'appartition de mutants même si elles sont rares.

Modèle stochastiques (tirage aléatoire)

Modélisé par la loi Binomiale de paramètre p et 2N

Bernoulli probabilité d'obtenir le nombre de succès k pour une expérience à deux issues (gagné et perdu) répété n fois de manière identique et indépendante.

$$P(x = i) = C_n^k p^k (1 - p)^{n-k}$$

La théorie neutraliste

La probabilité de substitution d'un allèle

On cherche à déterminer pour un individu quelqu'unque à quelle fréquence il y a de posséder chaque type d'allèle.

- Déterminer les génotypes possibles.
- Dédire les fréquences des allèles en utilisant le phénotype double récessif et les identités remarquables.
-

La dérive génétique entraine une diminution des allèles et donc de la variabilité génétique

Elle est d'autant plus rapide pour les populations de faibles effectifs.

Note des passages de goulots d'étranglement par exemple lors d'une catastrophe naturel provoque une période avec une population avec un faible effectif.

Les croisements non panmixie

Les causes de croisements non panmixie peuvent être dû à :

- Autofécondation
- Consanguinité (de choix, de position ou dû au faible effectif)
- Homogamie (et hétérogamie) c'est lorsqu'un individu a tendance à se reproduire avec un partenaire avec qui il partage le même phénotype.

L'autofécondation

A l'équilibre, on aura uniquement des homozygotes car même si l'individu est hétérozygote (Aa), ces descendants auront 50% de chances de conserver l'hétérozygote : $1 = \frac{1}{4}AA + \frac{1}{2}Aa + \frac{1}{4}aa$

La probabilité d'hétérozygote diminue de moitié à chaque génération :
 $H_{n+1} = 0,5 \cdot H_n$

Pour une population,

La perte des hétérozygotes est extrêmement rapide et tout le génome est concerné c'est-à-dire une modification des fréquences génotypiques.

$A_n = A_0 + H_0(1 - 0,5^n) \cdot 0,5$	A_0 fréq d'homozygote AA dans la population H_0 fréq d'hétérozygote Aa dans la population
--	--

Ainsi, sur le long terme (c'est-à-dire quand n tend vers l'infini), les fréquences alléliques ne changent pas.

Dans la Nature et notamment chez les plantes, il existe des mécanismes d'auto-incompatibilité qui permettent de prévenir en partie l'autofécondation.

Consanguinité

Les principales causes de consanguinité sont :

- Des facteurs culturels pour les hommes.
- L'absence de choix de partenaires les populations avec peu d'individus.

Un individu est autozygote s'il possède pour un gène deux allèles identiques issue d'un unique ancêtre.

Coefficient de parenté

Coefficient de consanguinité noté f_i issue d'un croisement de deux individus apparentés. C'est le pourcentage de gènes autozygote pour un individu.

Coefficient de parenté entre deux individus correspond au nombre de
A chaque génération, la 0,5

La sélection

Valeur sélective nombre moyen de descendants viables et fertiles laissés par cet individu.

Par convention, la valeur sélective maximale est 1.

Valeur sélective absolue = Nbre de descendants/Fertilité

Valeur sélective relative = Valeur sélective absolue / max Valeur sélective absolue

Altruisme et sélection parentèle

Migration