



HAL
open science

Fixation et polymorphisme des mutations délétères : impact sur la démographie des petites populations et sur l'évolution des systèmes de reproduction

Sylvain Billiard, Camille Coron, Camille Gervais

► To cite this version:

Sylvain Billiard, Camille Coron, Camille Gervais. Fixation et polymorphisme des mutations délétères : impact sur la démographie des petites populations et sur l'évolution des systèmes de reproduction. Journées MAS et Journée en l'honneur de Jacques Neveu, Aug 2010, Talence, France. inria-00509868

HAL Id: inria-00509868

<https://inria.hal.science/inria-00509868>

Submitted on 16 Aug 2010

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Session : Processus de branchement en dynamique des populations

Fixation et polymorphisme des mutations délétères : impact sur la démographie des petites populations et sur l'évolution des systèmes de reproduction

par **Sylvain Billiard**, Camille Gervais et **Camille Coron**

Le premier exposé sera composé de deux interventions de 20 min.

Dynamique de la dépression de consanguinité et évolution des systèmes d'auto-incompatibilité chez les plantes travail joint de Sylvain Billiard et Camille Gervais.

Un des mécanismes évolutifs les plus importants dans l'évolution des systèmes de reproduction est la dépression de consanguinité. La dépression de consanguinité est une conséquence de l'expression de mutations délétères récessives qui se retrouvent à l'état homozygotes. Les systèmes de reproduction modulent les croisements entre individus (qui se croise avec qui?) et donc la probabilité que les mutations délétères soient homozygotes (plus deux individus sont apparentés, plus leurs descendants seront consanguins et exprimeront une dépression de consanguinité forte). On s'attend donc que les systèmes de reproduction évoluent sous l'effet de la dépression de consanguinité pour limiter les croisements entre apparentés, et notamment l'autofécondation. De nombreux modèles ont été réalisés pour évaluer cette hypothèse, et leurs prédictions sont dramatiquement dépendantes des hypothèses démographiques et génétiques, notamment du fait que la dynamique de la dépression de consanguinité dépend fortement du système de reproduction lui-même. Cela est dû au phénomène de purge, c'est-à-dire l'élimination par sélection naturelle des mutations délétères. Il est ainsi difficile de produire des modèles permettant d'expliquer la diversité des systèmes de reproduction, leur évolution et leur distribution au sein des espèces. Au cours de cet exposé, nous nous attacherons à illustrer ce point en nous concentrant sur le cas particulier des systèmes d'auto-incompatibilité, présent chez plus de la moitié des plantes à fleurs. Ce système permet d'éviter la reproduction entre apparentés, et notamment l'autofécondation, par le biais d'un système moléculaire de reconnaissance du soi. Nous montrerons l'importance des différentes hypothèses démographiques et génétiques de la dépression de consanguinité sur l'évolution de ce système d'auto-incompatibilité, son maintien et sa diversification.

Calcul de la probabilité de fixation d'un allèle délétère dans une population sexuée de taille finie par Camille Coron.

Session : Processus de branchement en dynamique des populations

Journées MAS 2010, Bordeaux

On s'intéresse à la modélisation de la reproduction sexuée, c'est-à-dire du brassage génétique ayant lieu à chaque naissance, et au calcul de la probabilité de fixation d'un allèle délétère dans une population sexuée. En effet, un phénomène important présent dans l'évolution d'une petite population est le vortex d'extinction, c'est-à-dire l'accumulation de mutations délétères conduisant à l'extinction de la population. Le modèle utilisé est un processus de naissance et mort dont les taux de naissances sont créés de façon à modéliser le brassage génétique d'une population sexuée. La mutation considérée est supposée faible, c'est-à-dire que les coefficients du modèle dévient peu du cas neutre. On introduit donc un paramètre δ (supposé faible) de déviation par rapport au cas neutre. On calcule alors la probabilité de fixation en utilisant l'équation de Kolmogorov puis en montrant que cette probabilité de fixation admet un développement limité par rapport à δ en 0. Cette approche conduit à la recherche d'une solution bornée d'une équation de récurrence linéaire d'ordre 2 sur \mathbb{N}^3 à coefficients non-constants.

Adresses :

Sylvain BILLIARD

Génétique et Evolution des Populations Végétales, Lille 1
Cité scientifique, 59 655 Villeneuve d'Ascq Cedex France
E-mail : sylvain.billiard@univ-lille1.fr

Camille GERVAIS

Génétique et Evolution des Populations Végétales, Lille 1
Cité scientifique, 59 655 Villeneuve d'Ascq Cedex France

Camille CORON

Centre de Mathématiques Appliquées, Ecole Polytechnique
Route de Saclay, 91128 Palaiseau Cedex France
E-mail : coron@cmap.polytechnique.fr

Session : Processus de branchement en dynamique des populations