

UE « Génétique évolutive et quantitative »

TP 1: génétique des populations

I - Description des systèmes de reproduction et de la différenciation génétique des populations d'une espèce de plantes à l'aide de marqueurs moléculaires.

Dipterocarpus sp est une espèce d'arbre monoïque à fleurs bisexuées, communément répandue en Asie du Sud- Est. Des botanistes ont observés que la pollinisation croisée était essentiellement assurée par différentes espèces d'insectes. Pour étudier les systèmes de reproduction et la différenciation génétique à l'échelle des populations chez cette espèce, 4 populations originaires de l'île de Sumatra **(1)**, de l'île de Palawan dans l'archipel des Philippines **(2)**, du Viet Nam **(3)** ainsi que de l'île Maurice **(4)** où l'espèce a été implantée récemment, ont été génotypées avec 16 marqueurs microsatellites. Vous allez réaliser l'analyse du polymorphisme génétique de ces populations avec le logiciel GENETIX. Lancer l'exécutable Genetix.exe. Puis, dans « Fichier », importer le fichier de données « plant_16_microsatellite_data.txt » (au format « tabulation », et allèles codés par 3 chiffres) : votre fichier est prêt à être analysé.

1 – Analyser la diversité allélique et l'hétérozygotie. Pour cela cliquez sur l'onglet « Variabilité ». Observez les résultats, et notamment le tableau de bas de page montrant les valeurs moyennes sur l'ensemble des locus. Quelles sont les populations les plus (moins) polymorphes ? Qu'en déduisez-vous ?

2 – Test de panmixie (HWE). Pour cela cliquez sur « Fstats », puis « Test sur Fis », puis sélectionnez « Fis par pop sur permutations ». Que déduisez-vous concernant le système de reproduction dans ces populations ? Estimez le taux d'autofécondation dans chaque population (formule vue en cours). Interprétez les résultats.

3 – Estimation de la différenciation génétique. Pour cela cliquez sur « Fstats », puis « Traitement par paires », puis sélectionnez « Theta par paires / permutations ». Qu’observez-vous ? Essayez d’expliquer les différences génétiques entre populations (forces évolutives ?). Si l’on considère un modèle en île (cf cours), estimez le taux de migration pour les paires de populations 1-4 et 1-3 (on fait l’hypothèse que la taille efficace de chaque population est $N=10000$).

II – Simulation de la dérive génétique.

Simulez avec R, l’évolution de la fréquence d’un allèle à un locus biallélique de type SNP sous dérive génétique uniquement, à l’aide du script « TP1_drift_simulations.R ». Sous R (ou RStudio), chargez le script, sélectionnez tout le code (CTRL + A) et lancez la commande (CTRL + R, ou bouton « Run »). Simulez 500 réalisations (= populations indépendantes) et déterminez l’effet du nombre de générations (nbgen=10,100), de la taille de la population (n=10, 100, 1000), et de la fréquence initiale de l’allèle (p0=0.1, 0.5), sur l’évolution de la diversité génétique (hétérozygotie H_e , coefficient de consanguinité F).

Remplissez le tableau ci-dessous au fur et à mesure (H_e et F calculés sur les simulations, à la dernière génération):

	nbgen=10	nbgen=100	
n=10	$H_e=$ $F=$ $H_e=$ $F=$	$H_e=$ $F=$ $H_e=$ $F=$	p0=0.1 ($H_{e_init} = 0.18$) p0=0.5 ($H_{e_init} = 0.5$)
n=100	$H_e=$ $F=$ $H_e=$ $F=$	$H_e=$ $F=$ $H_e=$ $F=$	p0=0.1 ($H_{e_init} = 0.18$) p0=0.5 ($H_{e_init} = 0.5$)
n=1000	$H_e=$ $F=$ $H_e=$ $F=$	$H_e=$ $F=$ $H_e=$ $F=$	p0=0.1 ($H_{e_init} = 0.18$) p0=0.5 ($H_{e_init} = 0.5$)