

TP DYNAMIQUE DES POPULATIONS ET EVOLUTION (1)

La vision du programme :

LES POPULATIONS ET LEUR DYNAMIQUE

Outre l'utilisation de supports documentaires, l'étude des populations, des écosystèmes et de leur dynamique se prête à des approches pratiques variées. Des approches concrètes sont possibles, reposant en particulier sur des élevages simples réalisés en conditions contrôlées, et pouvant donner lieu à diverses formes de travail des étudiants réparties dans le temps. En liaison avec le programme de mathématiques et d'informatique, la conception de modèles numériques est possible sous des formes variées et à différents niveaux de complexité (programmation sous python, utilisation de tableurs). La discussion de la pertinence de ces différents types de modèles et de leurs limites inscrit l'utilisation de documents dans le va-et-vient entre données (provenant de la littérature ou résultant de l'expérimentation directe) et théorie qui fonde les démarches scientifiques.

Capacités exigibles :

- étude du modèle logistique
- exemple de stratégies r et K
- un exemple de dynamique de type Lotka-Voltera
- loi de Hardy-Weinberg (pour deux allèles) et discussion de son champ de validité (migration, mutation, sélection, dérive et choix d'appariement : cas trivial du déterminisme du sexe chez les mammifères).

Des approches expérimentales sont réalisables :

- modélisation numérique
- étude expérimentale de l'évolution d'une population soumise à des pressions variables de prédation et/ou à des milieux différents. sur un système proie-prédateur microbien (par exemple algue-paramécie) ; mesures par comptage...
- utilisation possible de modélisations numériques en liaison avec le programme d'informatique.

LES MECANISMES DE L'EVOLUTION

- étude d'une approche expérimentale des mécanismes évolutifs, notamment à l'appui direct du cours
 - étude de cas permettant l'identification et la discussion de facteurs de sélection, de la valeur sélective (fitness)
 - étude de cas de coévolution (débouchant sur le modèle de la Reine Rouge) montrant en particulier des mécanismes stabilisant la coopération interspécifique
- (en lien avec les exemples concrets vus au cours d'autres TP)
- possibilité de modélisations numériques (dérive, sélection) en liaison avec le programme d'informatique.

1. DENOMBREMENT DE MICROORGANISMES ; ETABLISSEMENT ET EXPLOITATION D'UNE COURBE DE CROISSANCE -- LOI LOGISTIQUE

Construction d'une courbe de croissance et exploitation

→chez *Escherichia coli* K12

On suit l'évolution de la population d'un erlenmeyer contenant 150 mL d'un milieu de culture ensemencé avec 2mL d'une solution bactérienne fraîche (10^9 individus/mL).

T°C = 40°C.

Suivi en spectrophotométrie à 650 nm ; jusqu'à D.O = 0,7 on a une quasi-proportionnalité entre DO et concentration bactérienne avec

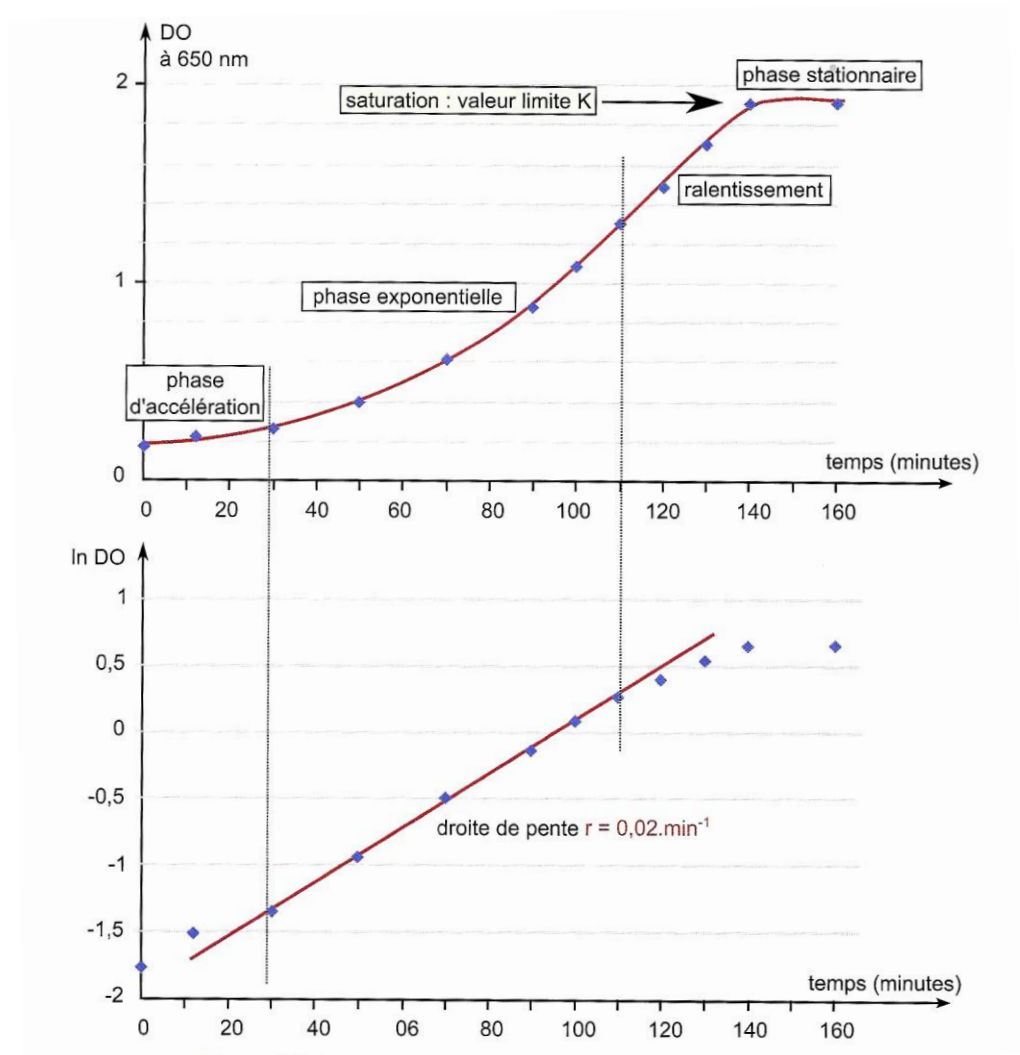
1 unité DO = $7 \cdot 10^8$ bactéries

On donne les résultats suivants :

Temps (min)	0	12	30	50	70	90	100	110	120	130	140	160
DO	0,17	0,22	0,26	0,39	0,61							
DO corrigée						0,87	1,08	1,3	1,48	1,7	1,9	1,9
Ln DO	-1,75	-1,5	-1,33	-0,94	-0,5	-0,14	0,05	0,26	0,39	0,52	0,64	0,64

DO corrigée : DO mesurée après dilution d'un facteur 2 ou 3 et multiplication de DO lue par le facteur de dilution.

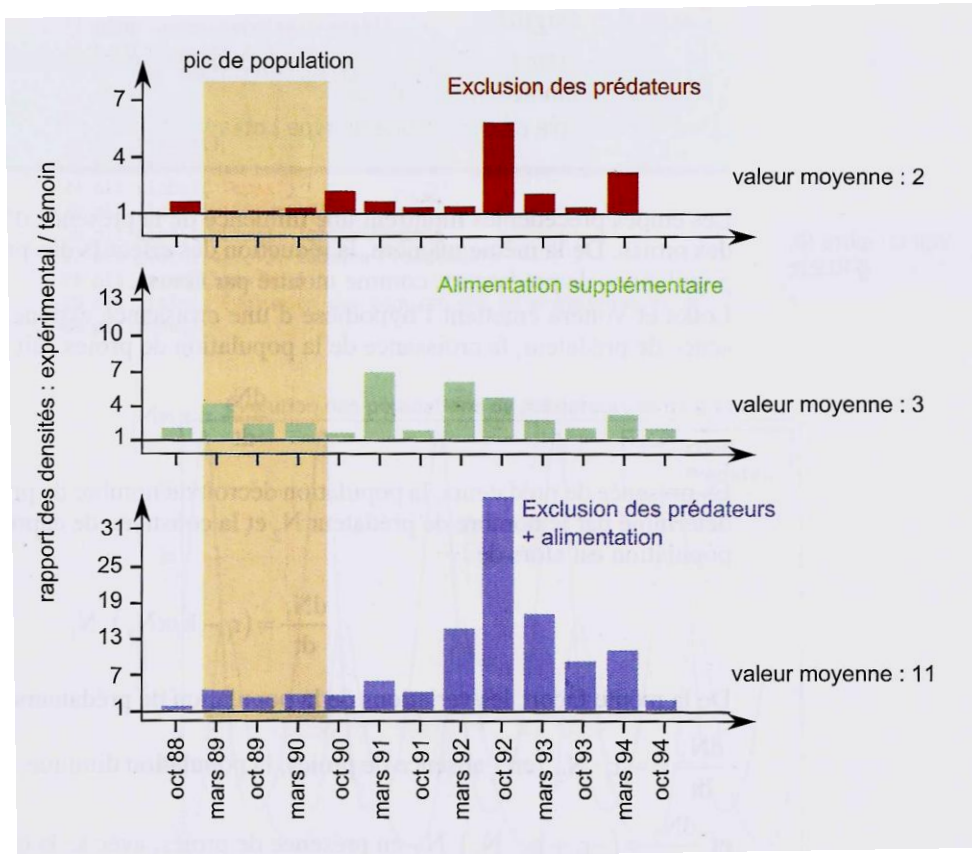
- 1°) Expliquer l'intérêt d'évaluer un DO corrigé à partir de mesures post-dilution
- 2°) Construire les courbes : $DO = f(t)$ et $\ln(DO) = g(t)$
- 3°) Montrer qu'il existe une étape de croissance exponentielle de la population
- 4°) Ecrire la loi d'évolution de la population durant cette étape de croissance
- 5°) On nomme taux intrinsèque d'accroissement de la population la valeur $r = dN/N$.
Évaluer r pour cette population.
- 6°) Évaluer la durée moyenne d'un cycle de reproduction bactérienne (temps de génération des bactéries) durant cette phase de croissance.
algues...



2. DYNAMIQUE DE LOKTA-VOLTERA

Suivi d'une population de lièvres sur une parcelle forestière pendant 8 ans avec 8 isollements expérimentaux distincts : Témoins (3) / Alimentation supplémentaire régulière (2) / Exclusion prédateur (2) / Alimentation supplémentaire + ajout nourriture (1)

→ Pb : effets de prédation et de nourriture sur les variations expérimentales ?



La première information qui apparaît est la différence des résultats entre la période d'abondance de lièvres (pic entre 1989 et 1990) et les années suivantes. Lors de cette période à fort effectif naturel de lièvres, les effets des expérimentateurs (protection vis-à-vis des prédateurs et alimentation) sont réduits : cela tend à montrer que les pressions de l'environnement revêtent plus d'importance dans le cas de populations à faible effectif.

Pour la période qui suit 1990, on remarque que l'absence de prédateurs permet d'augmenter la population d'un facteur 2 en moyenne (allant jusqu'à 5 en 1992) et l'apport d'aliments a davantage de répercussions (population augmentée d'un facteur 3 en moyenne). La population de lièvres est donc soumise à deux pressions qui diminuent son expansion : la présence des prédateurs et l'abondance de nourriture.

En combinant les deux paramètres, on constate que la hausse des effectifs n'est pas de $2 \times 3 = 6$ mais de 11 ! Ces résultats suggèrent qu'il existe des interactions entre les différents facteurs de l'environnement, dont la combinaison exerce une influence plus complexe.

-> Modélisation sous Python

Les études précédentes montrent une influence de la présence d'un prédateur sur la population des proies. De la même manière, la réduction des effectifs des proies agit sur la dynamique des populations de prédateurs, comme montré par Gause.

Lotka et Volterra émettent l'hypothèse d'une croissance exponentielle de population. En l'ab-

ENCART TP5.1

Programmation sous Python



Le programme ci-dessous a été écrit sous Python 2.7 en utilisant les modules Numpy et Scipy. Le programme débute par la définition des paramètres et outils (lignes 2 à 15) puis la définition du système (ligne 15) suivi de la résolution du système (lignes 17 à 19) et enfin la représentation graphique (lignes 22 à 30).

```
1 # -*- coding: utf-8 -*-
2 import numpy as np
3 import matplotlib.pyplot as plt
4 from scipy import integrate as integ
5
6 r1 = input('Entrez le coefficient r1 ')
7 k1 = input('Entrez le coefficient k1 ')
8 r2 = input('Entrez le coefficient r2 ')
9 k2 = input('Entrez le coefficient k2 ')
10 proie0 = input(u"Entrez le nombre de proies à l'instant initial ")
11 preda0 = input(u"Entrez le nombre de prédateurs à l'instant initial ")
12 X=input("Entrez l'abscisse maximale ")
13
14 def func(y, t):
15     return np.array([r1*y[0]-k1*y[0]*y[1],k2*y[0]*y[1]-r2*y[1]])
16
17 y0=np.array([proie0,preda0])
18 t=np.linspace(0,X,500)
19 v=integ.odeint(func,y0,t)
20
21
22 plt.figure()
23 plt.grid()
24 plt.xlabel('Temps')
25 plt.ylabel(u'Effectif')
26 plt.plot(t,v[:,0], label='Proie')
27 plt.plot(t,v[:,1], label=u'Prédateur')
28 plt.legend(loc='best')
29 plt.title(u'Évolution des populations de prédateurs et de proies')
30 plt.show()
```

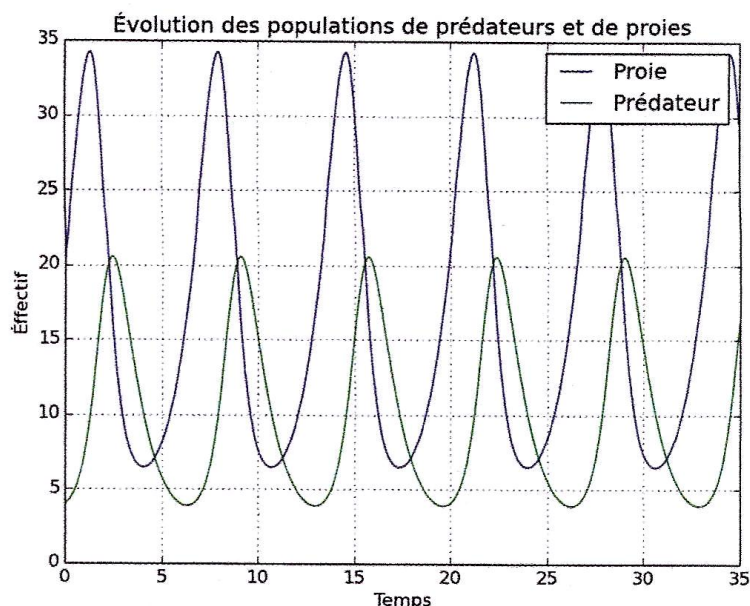


FIGURE TP5.3 Courbes obtenues à l'aide du programme informatique.

Taux d'accroissement de la population : r_1 (proies) = 1 et r_2 (prédateurs) = 1
Constante de capturabilité $k_1 = 0,1$; constante de prédation $k_2 = 0,06$
Nombre initial de proies = 20 ; nombre initial de prédateurs = 4

3. MODELE DE HARDY-WEINBERG : APPLICATIONS

1°) situation 1 :

Création d'une race de poulets au plumage frisé.

Caractère sous l'égide d'un couple d'allèles N et F.

Phénotype frisé = génotype NF Phénotype normale = génotype NN

Le génotype FF → phénotype à développement retardé, peu productif, au plumage crépu et caduc

Population de 1000 individus : 800 frisés / 150 normaux / 50 crépus

Eprouver l'équilibre de cette population au sens du modèle de Hardy-Weinberg ; conclure et proposer une explication à la situation constatée.

2°) situation 2 : influence du mode d'appariement reproductif sur le pool génique d'une population

Soit une situation d'homogamie chez les Angiospermes et un caractère portant sur la floraison distribué sur deux allèles A et B codominants:

AA : floraison précoce BB floraison tardive AB : floraison intermédiaire sans chevauchement des périodes de maturité. Chaque croisement donne le même nombre de descendant.

Evaluer la fréquence H_n en hétérozygote AB à la nième génération en fonction des fréquences initiales $H_0(AB)$, $F_0(AA)$ et $F_0(BB)$.

Evaluer les fréquences alléliques $f(A)$ et $f(B)$ au bout d'un nombre important de génération.

On se place maintenant en situation de dominance de A/B, avec AA et AB à floraison précoce et BB à floraison tardive.

On appelle $f_p(A)$ et $f_p(B)$ les fréquences alléliques de A et de B dans la population à floraison précoce telles que $f_p(A) + f_p(B) = 1$

Evaluer la fréquence des génotypes de la population à floraison précoce au terme d'un croisement panmictique.

Evaluer les fréquences alléliques $f'_p(A)$ et $f'_p(B)$ en fonction de $f_p(A)$ et $f_p(B)$ après une génération. En déduire l'évolution éventuelle de la population entière (floraison précoce et non précoce) au bout d'un nombre important de générations.

3°) effet des mutations

On considère deux allèles A (fréquence p) et a (fréquence q) tels que la mutation de A vers a s'opère suivant une probabilité u et la mutation réverse de a vers A suivant la probabilité v.

Montrer que l'équilibre suivant Hardy-Weinberg n'est possible que lorsque les fréquences des allèles A et a ont atteint les valeurs $p_e = v / (u+v)$ et $q_e = u / (u+v)$

Evaluer le nombre de génération T permettant de réduire de moitié l'écart des fréquences vis-à-vis des fréquences à l'équilibre.

Pour cela on pourra déjà exprimer $p_i - p_e$ en fonction de $p_{(i-1)} - p_e$, puis raisonner par récurrence.

Evaluer le temps correspondant à T pour les espèces dont on fournit les temps moyens de génération suivants :

Escherichia coli : 20 minutes

Drosophile : 36 jours

Homme : 30 ans

On donne $u = 3 \cdot 10^{-6}$ et $v = 2 \cdot 10^{-6}$

Quelle conclusion peut-on en tirer concernant l'effet des mutations sur la dynamique du pool génique des populations ?

4°) effet de migrations

Soit une population P_r (r pour receveuse) avec deux allèles A et a pour un locus génique dont les fréquences sont respectivement p et q.

Soit une population P_s (s pour source) d'individus capables de fournir des migrants vers P_r dans laquelle A et a ont des fréquences P et Q. On considère la population P_s suffisamment grande pour que les fréquences des allèles en son sein demeurent constante malgré les migrations vers P_r .

A chaque génération, on assiste à une arrivée de migrants dans une proportion m.

Evaluer les fréquences alléliques p_{n+1} et q_{n+1} de la population P_r à la $n^{\text{ième}}$ génération en fonction de p_n , q_n et m.

On considère comme pour les mutations que le nombre de générations T nécessaire à ce que l'écart entre la fréquence allélique à la génération i et la fréquence à l'équilibre diminue de moitié est $T = \frac{\log 2}{m}$

Evaluer le temps correspondant à T pour les espèces dont on fournit les temps moyens de génération suivants :

Escherichia coli : 20 minutes

Drosophile : 36 jours

Homme : 30 ans

On donne m variant de 10^{-1} à 10^{-4} .

Quelle conclusion peut-on en tirer concernant l'effet des mutations sur la dynamique du pool génique des populations ?

4. DERIVE GENETIQUE

1°) approche de la dérive génétique sur une génération : un petit jeu avec des micropopulations et les groupes sanguins.

- on part d'une population de 6 individus avec un sex-ratio de 1/1.
- on constitue des couples fidèles qui ont chacun une descendance fluctuante de 0 à 5.
- on constitue ensuite les génotypes des descendants
- On note pour chaque couple les résultats pour la descendance
- **Calculer la fréquence allélique de la première génération**

2°) approche de la dérive sur un grand nombre de génération avec effet de taille de population et dd'un différentiel des valeurs sélectives...

→ logiciel

- Importance de l'effectif :
Prendre 10 populations / 50 ou 10 individus par population / même valeur sélective
Fréquence initiale de A = 0,3
→nbre générations = 250
Recommencer avec 1000 populations de 50
Changer la fréquence initiale de A

→ conclusions :

- Importance de la fitness, on considère que l'allèle A se trouve favorisé.
- Prendre fréquence hétérozygote : 0,5, coefficient de sélection 0,02 (faible)
Il en découle : fitness de AA favorisé = 1
fitness de aa = $1 - s$
fitness de Aa = $1 - hs$
Comparer l'évolution de 10 grandes populations de 10000 individus et de 10 petites populations de 50 individus avec fréquence initiale de A = 0,3