

Génétique des populations.

Introduction.

La génétique des populations s'intéresse aux conséquences de la transmission de l'information, de génération en génération pour la structure d'une population.

En 1735, Carl Von Linné crée la *Systema naturae*.

Buffon : pour lui, les ressemblances entre individus sont accessoires par rapport à la transmission de génération en génération. Il y a pré-éminence de l'interfécondité sur les critères morphologiques.

Cuvier : « collection de tous les corps organisés nés les uns des autres ou de parents communs et de ceux qui leur ressemblent autant qu'ils se ressemblent entre eux. » Cuvier était fixiste.

Lamarck : pionniers de l'évolutionnisme, il a mis en doute la notion d'espèce. Pour lui, il n'y a pas de classe constante mais des individus qui se succèdent. Pour lui : « les espèces se fondent les unes dans les autres » au point que l'on ne voit pas les limites.

Darwin : « Je considère le terme « d'espèces » comme arbitrairement donné par pure commodité à un ensemble d'individus se ressemblant beaucoup entre eux, il n'est pas différent de celui de variété... »

On se rend compte maintenant que l'espèce est antinomique de l'évolution.

Les espèces sont des groupes de populations réellement ou potentiellement capables de se croiser et qui sont reproductivement isolés des autres groupes ayant des propriétés.

L'accent est mis ici sur l'isolement reproductif :

- Espèce : peut se reproduire entre eux.
- Population : se reproduisent effectivement entre eux.

La copie du matériel héréditaire est très fiable mais il y a des mutations qui introduisent une variabilité dans le patrimoine des individus. La génétique des populations a pour but de déterminer les lois qui régissent l'évolution de ces variabilités sous l'influence de différents paramètres possibles.

- Evolution aléatoire à chaque méiose.
- Pression de sélection du milieu qui garde ou refuse les mutations.
- Interaction entre les gènes dans un même génotype.

I\ La variabilité génétique.

Un gène est une sous-unité du matériel héréditaire responsable de la synthèse d'une chaîne polypeptidique sauf les gènes codant pour des ARNt et ARNr.

Le milieu où l'organisme se développe peut agir sur l'expression du génome, c'est à dire, sur le phénotype.

Un gène est de l'ADN ou un enchaînement de nucléotides copiés à chaque génération cellulaire. Il peut y avoir des erreurs de recopiage. Il y a donc le gène sauvage, déterminé arbitrairement et les allèles.

Les gènes allèles sont des gènes qui s'excluent mutuellement dans le gamète.

On va considérer deux allèles A et a. On a donc trois génotypes possibles :

- A / A.

- A / a.
- a / a

S'il y a une relation de dominance (A) /récessivité (a), on a deux génotypes. A/A et A/a donnent le phénotype [A] et a/a donne le phénotype [a].

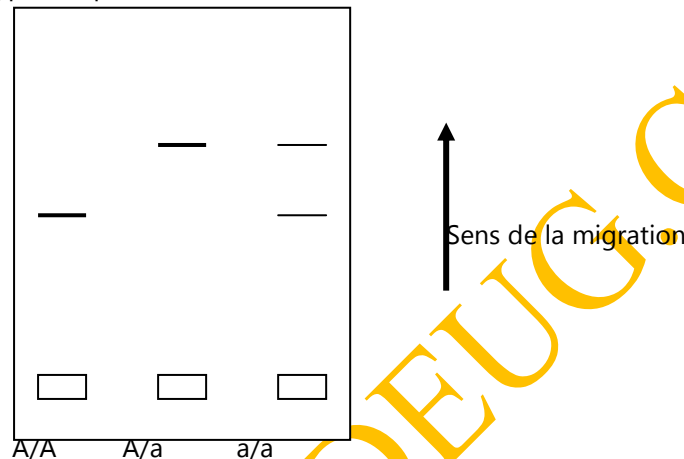
Si, pour un gène, il y a de nombreux allèles différents, on va parler de série allélique.

Plusieurs gènes différents peuvent concourir à l'expression du même phénotype.

L'épistasie est la mutation d'un gène qui masque l'expression d'un autre gène.

On va quantifier la variabilité génétique par électrophorèse des protéines.

On fait migrer les protéines d'une population d'un même gène. Si l'on a des individus A/A, A/a et a/a, on aura trois types de protéines différentes.



Attention : la migration se fait en fonction de la charge ; en fonction de la mutation, on ne verra pas forcément de différence entre :

- La lysine, l'arginine, l'histidine qui sont chargées positivement.
- L'acide glutamique et l'acide aspartique qui sont chargés positivement.

L'électrophorèse séquentielle.

Cette électrophorèse est réalisée à différents pH. Elle a permis de passer de 6 à 37 allèles connus déterminés pour un gène chez la drosophile.

La fréquence allélique : c'est la proportion, au locus considéré, de tous les allèles considérés.

Exemple : n1 ind. A/A → p

N2 ind. a/a

N3 ind. A/a → q

$$\text{Freq}(A) = (2n_1 + n_3) / (2(n_1 + n_2 + n_3)) = \langle P \rangle$$

$$\text{La variance de } \langle P \rangle : \text{var} \langle P \rangle = (\langle P \rangle \cdot [1 - \langle P \rangle]) / 2n = r^2$$

$$\sqrt{\text{var}} = \text{écart type} = \sqrt{r^2} = r$$

L'écart de confiance : si l'on prend la moyenne de la distribution (des allèles dans une population) :

- +/- 1 écart type → 68% des résultats se trouveront dans cet intervalle.
- +/- 2 écart type → 95% des résultats se trouveront dans cet intervalle.
- +/- 3 écart type → 97,7% → Ça ne veut plus rien dire.

Cette notion de fréquence allélique soutend la notion de polymorphisme des populations naturelles.

Un gène est polymorphe si l'allèle le plus fréquent à une fréquence inférieure à 0,95. Un allèle est dit rare quand sa fréquence est inférieure à 0,0005, soit 5 pour mille.

Exemple : 1 à 2 individus sont hétérozygotes pour un allèle rare à n'importe quel locus pour étude sur 43 gènes codant pour des enzymes différentes et ce sur 250 000 européens humains.

On peut déterminer ce polymorphisme par détection directe.

On va couper l'ADN des individus que l'on étudie par des enzymes de restriction puis, on fait une migration par électrophorèse, puis un southern. C'est la technique de RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism).

II\ Structure de la variabilité génétique.

On va déterminer l'effet des croisements sur la fréquence relative des gènes ou des allèles que l'on a eu au départ.

Il faut déterminer la fréquence génique après la fréquence génotypique après la fréquence phénotypique.

On cherche à définir des modèles : simplification volontaire d'une situation complexe en vue d'éliminer les détails superflus pour s'intéresser seulement à l'essentiel de la question.

Le but final est de comprendre les effets combinés de tous les facteurs qui peuvent agir sur une population.

On a établi des modèles mathématiques. On les a appliqués sur plusieurs générations puis on a comparé les déductions du modèle par rapports aux résultats de la nature afin de savoir si le modèle était valable ou non.