

Evolution de l'autofécondation et de l'allofécondation

Importance des hypothèses génétiques

Sylvain Billiard, Camille Gervais et Denis Roze

Journées MAS 2010, INRIA Bordeaux

Hermaphrodisme



Number	Phyla	N
1	Placozoa	1
2	Demosponges	8000
3	Hexactinellid sponges	1000
4	Calcareous sponges	1000
5	Cnidaria	9000
6	Ctenophora	100
7	Myxozoa	1200
8	Rotifera	1800
9	Acanthocephala	1150
10	Cycliophora	1
11	Entoprocta	150
12	Platyhelminthes	13,780
13	Nemertini	900
14	Mollusca	117,495
15	Sipuncula	320
16	Annelida	14,360
17	Ectoprocta (bryozoa)	4500
18	Brochiopoda	335
19	Phoronida	15
20	Chaetognatha	100
21	Gastrotricha	430
22	Onychophora	80
23	Tardigrada	600
24	Arthropoda (euarthropodes)	956,414
25	Nematoda	20,000
26	Nematomorpha	325
27	Kinorhyncha	150
28	Loricifera	9
29	Priapula	16
30	Mesozoa	50
31	Echinodermata	6000
32	Hemichordata	85
33	Urochordata	1300
34	Vertebrata	50,911

5-6% des animaux

30% (sans insectes)

(Jarne and Auld 2006)

Hermaphrodisme

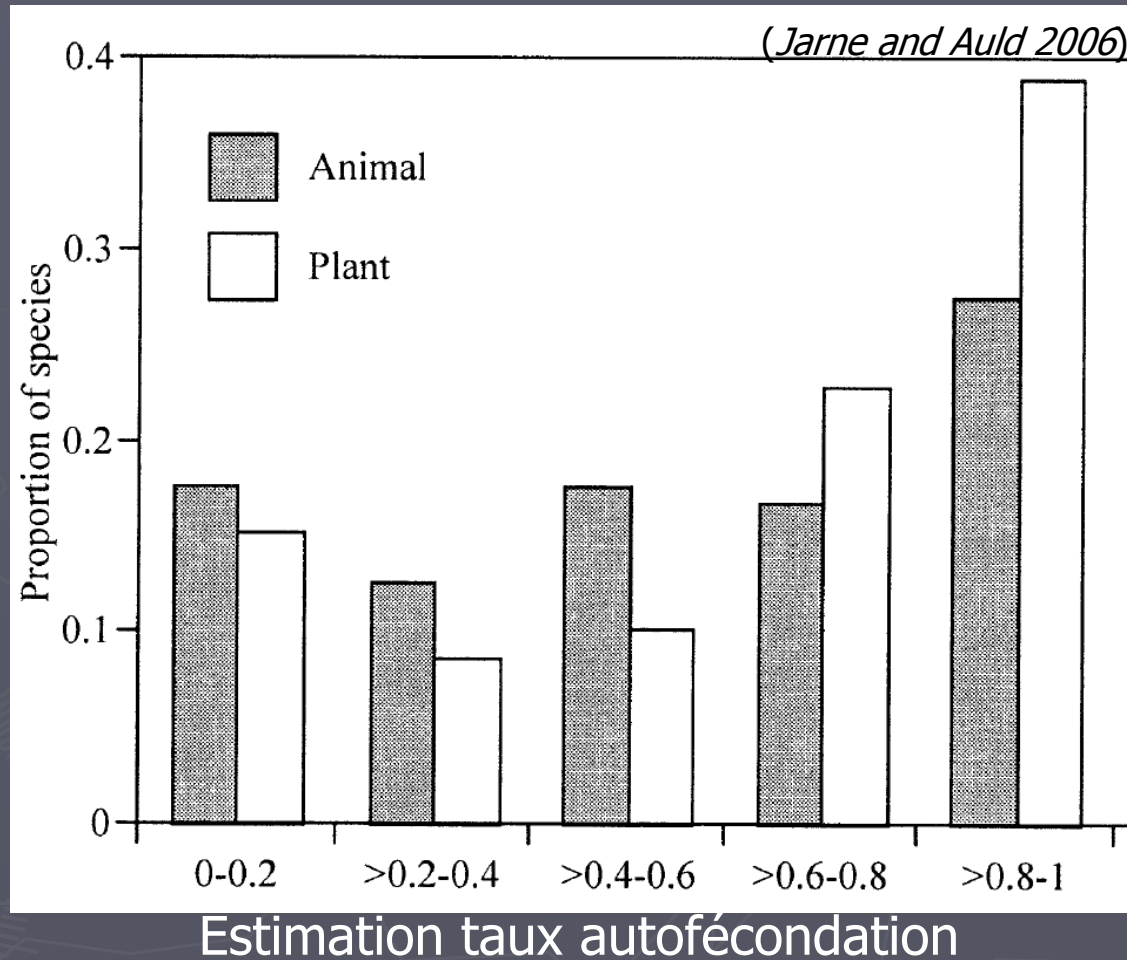
95% des plantes

70% purement
hermaphrodites

(*Vamosi and Vamosi 2004*)



Autofécondation vs. Allofécondation



Pourquoi distribution en U ?

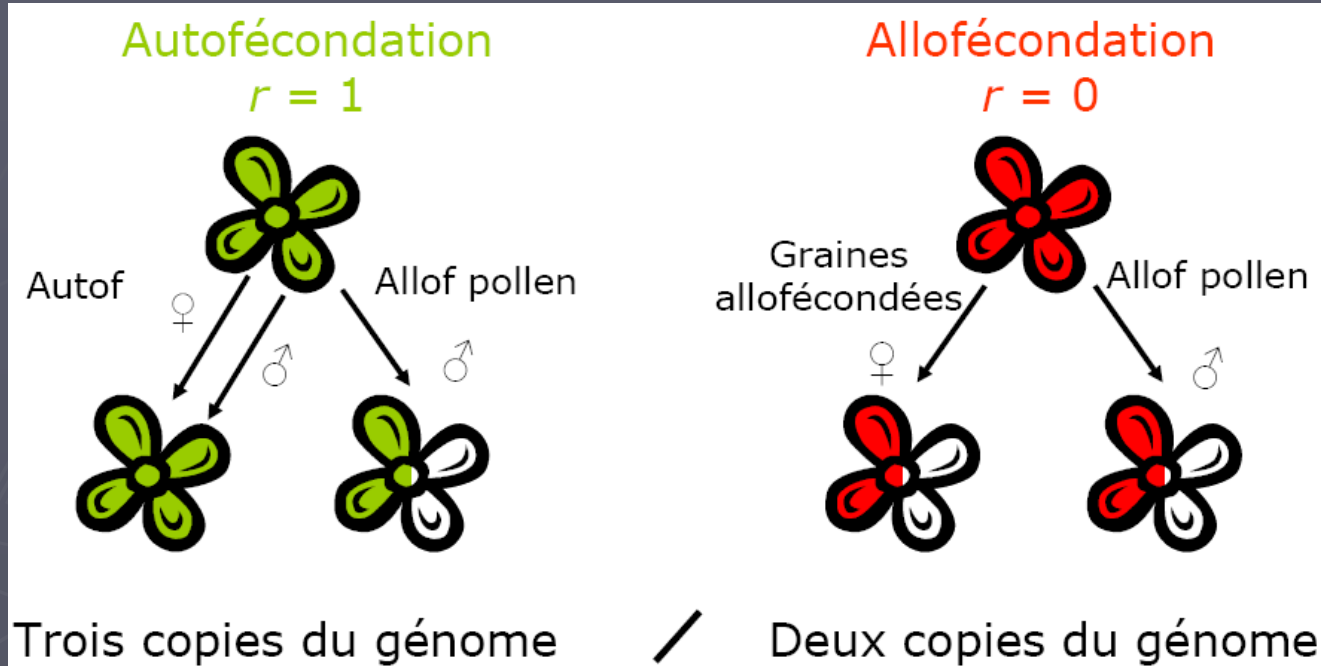
Pourquoi asymétrie ?

Assurance reproduction / colonisation

Avantage automatique

Dépression de consanguinité

Avantage automatique de l'autofécondation

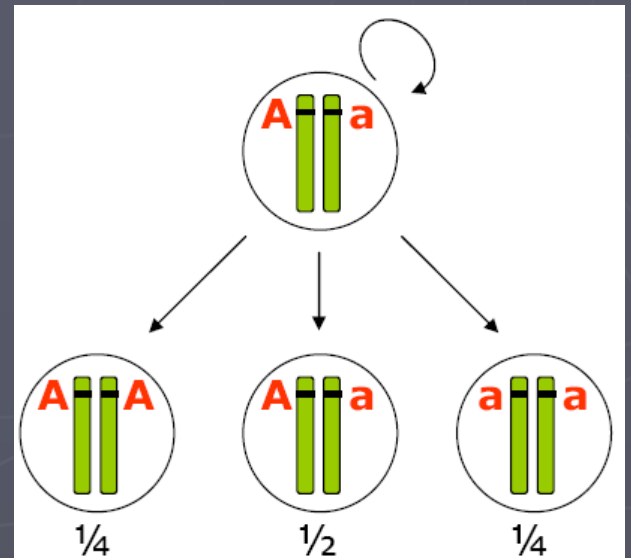


(Porcher 2010)

Désavantage de l'autofécondation : consanguinité

w_o

w_s



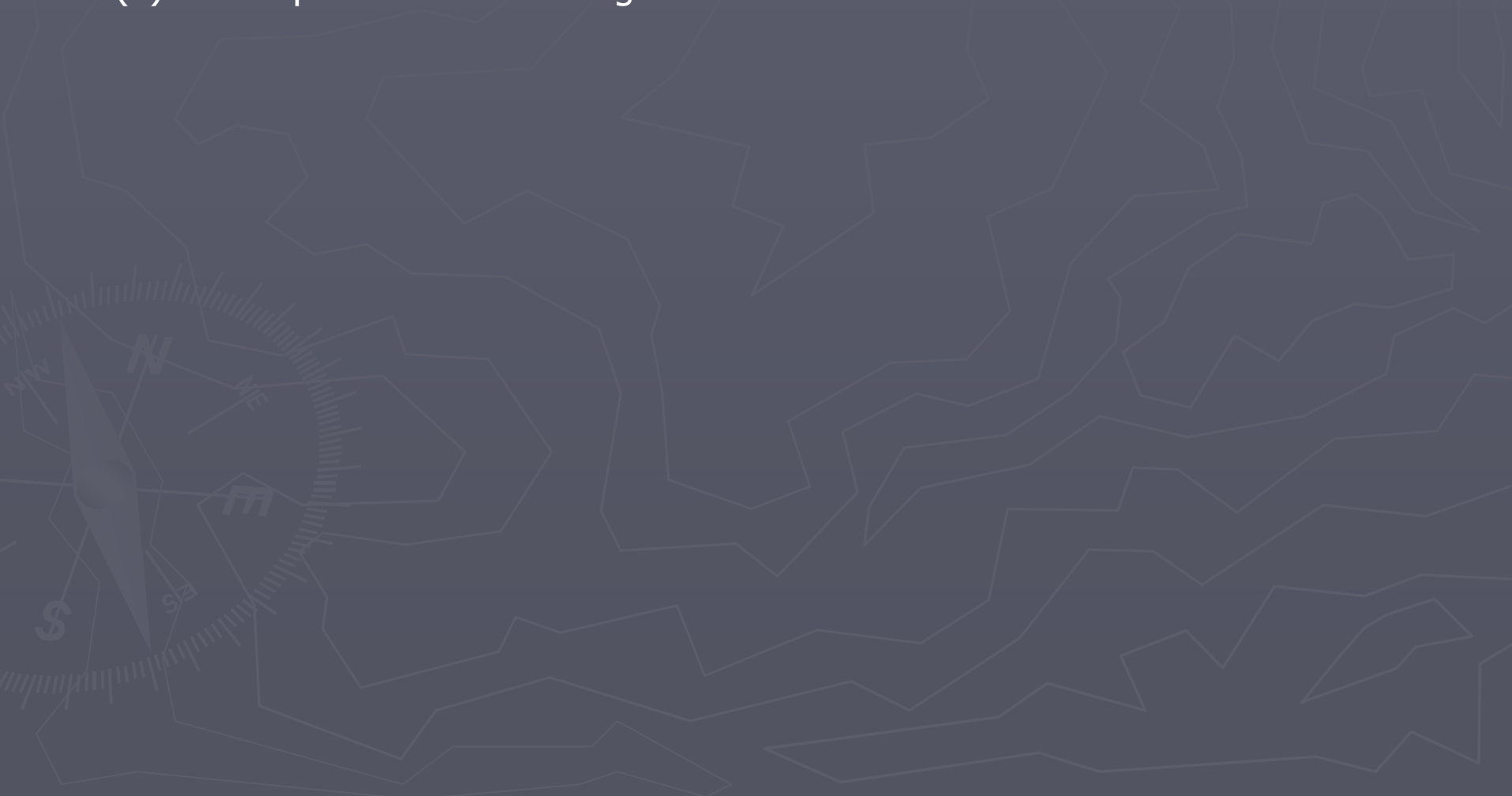
1	$1-hs$	$1-s$
---	--------	-------

Valeur sélective

$$\delta = 1 - w_s/w_o$$

Dépression de consanguinité : Quatre hypothèses

(1) : La dépression de consanguinité est fixe $\delta = Cte$



Dépression de consanguinité : Quatre hypothèses

(1) : La dépression de consanguinité est fixe $\delta = Cte$

(2) : La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères récessives léthales à un nombre infini de locus non liés

U = taux de mutations par génome par génération

Infinité de locus non liés – mutations létales récessives – populations infinies

Probabilité de formation d'un gamète avec x mutations létales

$$q_G^g(x) = \sum_{y=x}^{\infty} k_2 f_G(y) C_y^x (1/2)^y$$

Probabilité qu'un individu avec y mutations produisent un gamète avec x mutations

Dépression de consanguinité : Quatre hypothèses

(1) : La dépression de consanguinité est fixe $\delta = Cte$

(2) : La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères récessives léthales à une infinité de locus non liés

(3) : La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères à deux locus partiellement liés

Locus modifieur



Mutations délétères

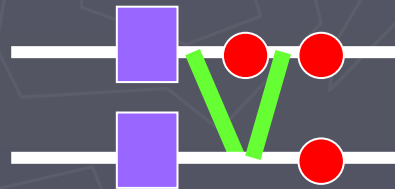
Dépression de consanguinité : Quatre hypothèses

(1) : La dépression de consanguinité est fixe $\delta = Cte$

(2) : La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères récessives léthales à une infinité de locus non liés

(3) : La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères à deux locus partiellement liés

Locus modifieur



Mutations délétères

Dépression de consanguinité : Quatre hypothèses

(1) : La dépression de consanguinité est fixe $\delta = Cte$

(2) : La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères récessives léthales à une infinité de locus non liés

(3) : La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères à deux locus partiellement liés

(4) : La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères à une infinité de locus faiblement liés

Mutations délétères

Locus modifieur



Dépression de consanguinité : Quatre hypothèses

(1) : La dépression de consanguinité est fixe $\delta = Cte$

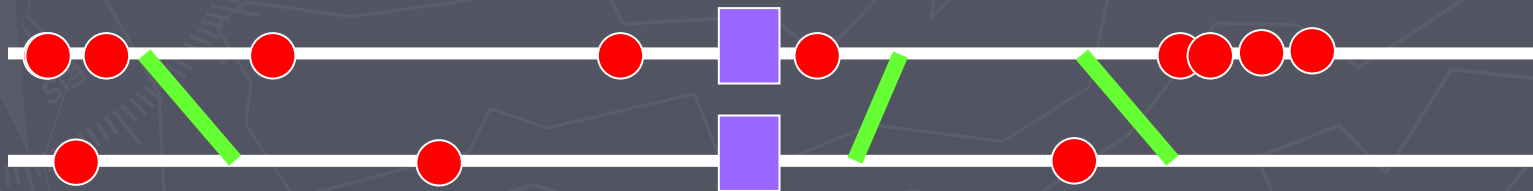
(2) : La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères récessives léthales à une infinité de locus non liés

(3) : La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères à deux locus partiellement liés

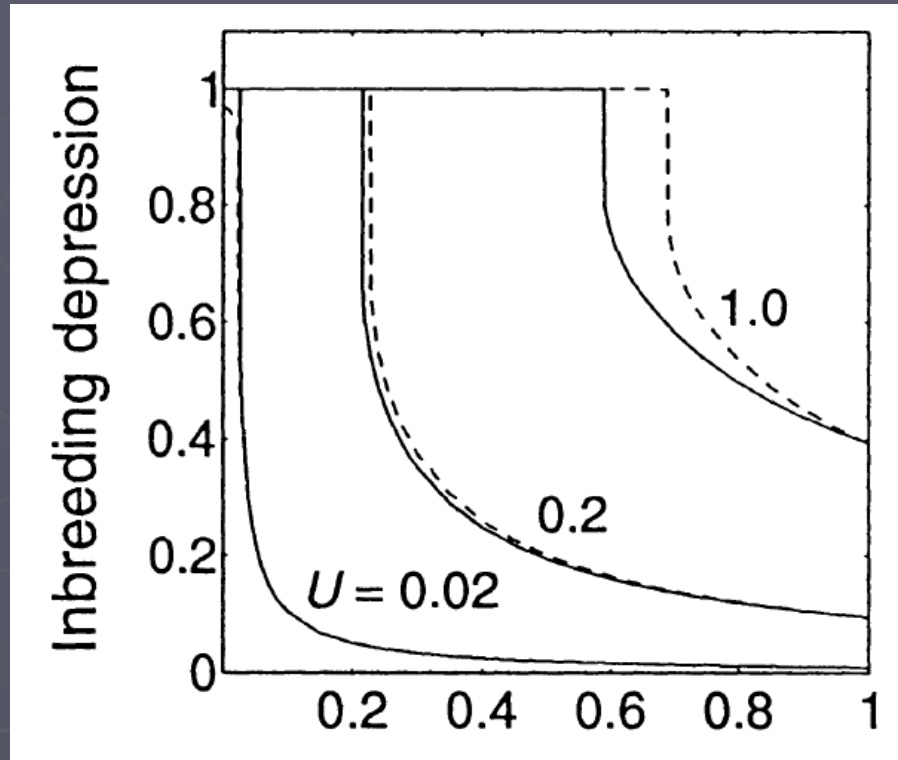
(4) : La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères à une infinité de locus faiblement liés

Mutations délétères

Locus modifieur



La purge



(Lande et al. 1994)

Taux d'autofécondation

=> Deux forces en opposition : mutation / sélection

Hypothèses des modèles d'évolution-

Taux d'autofécondation résident s



Introduction d'un mutant $s+ds$

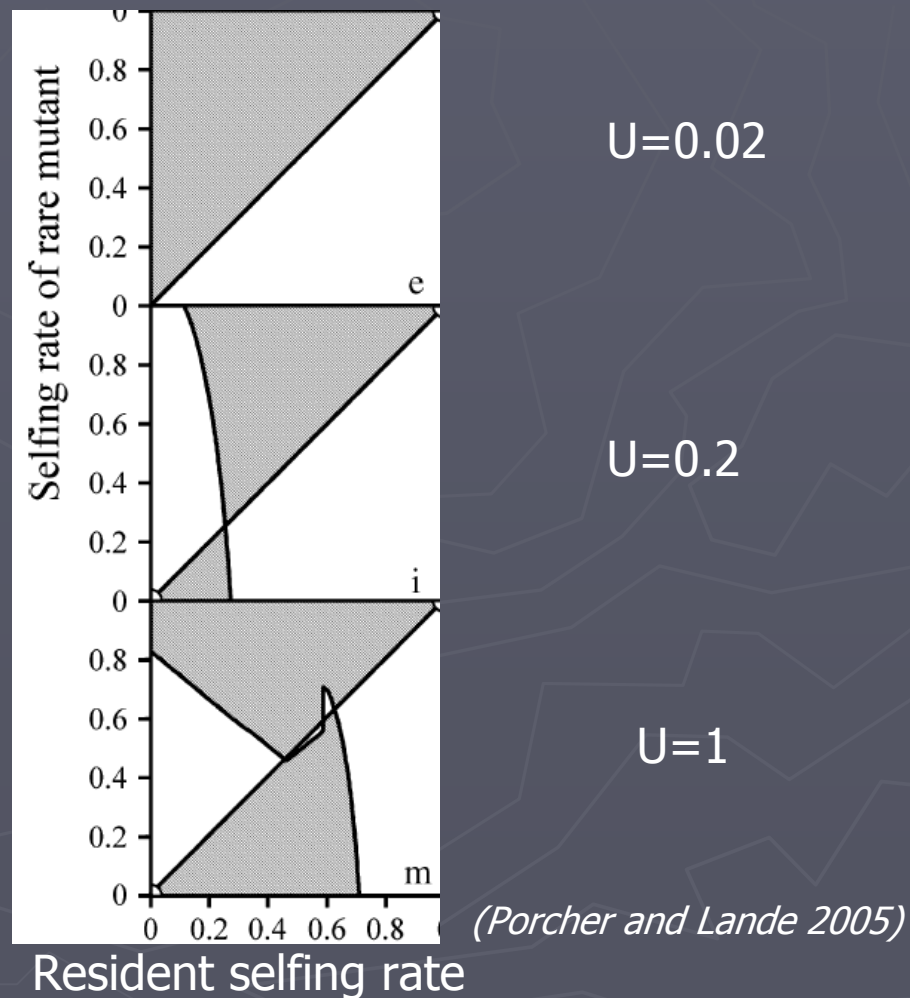


(1) δ fixe

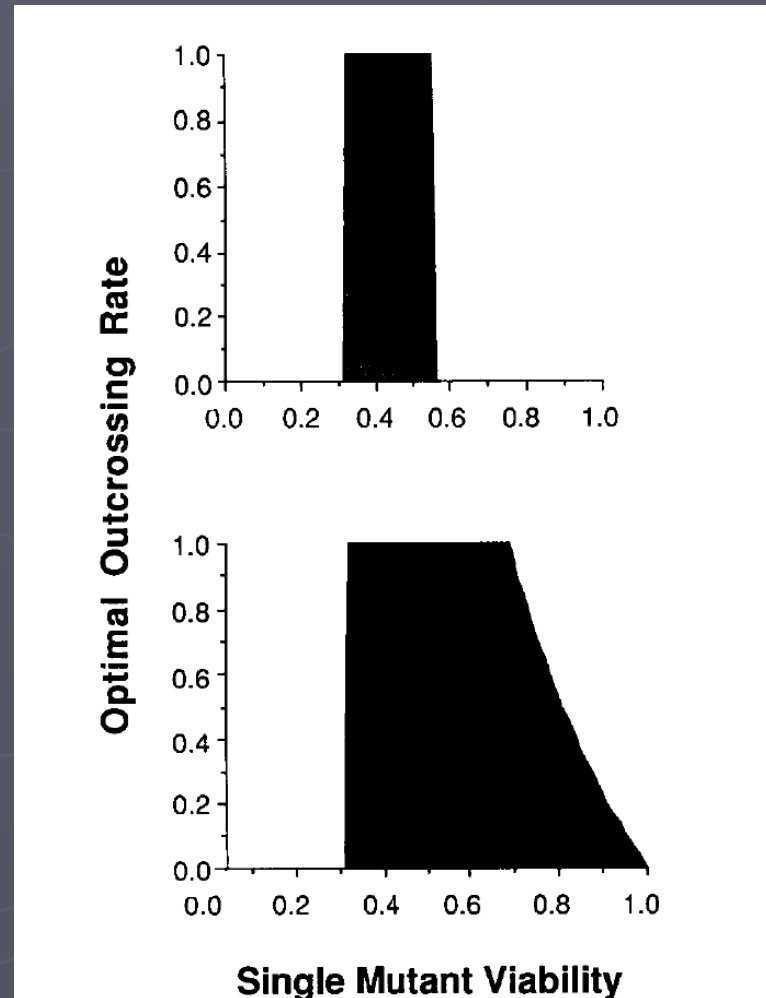
Invasion du mutant : $ds(1 - 2\delta) < 0$

(Charlesworth & Charlesworth 2010)

(2) Infinité de locus non liés – mutations léhales récessives – populations infinies



(3) effet des interactions entre (deux) loci



Non liés

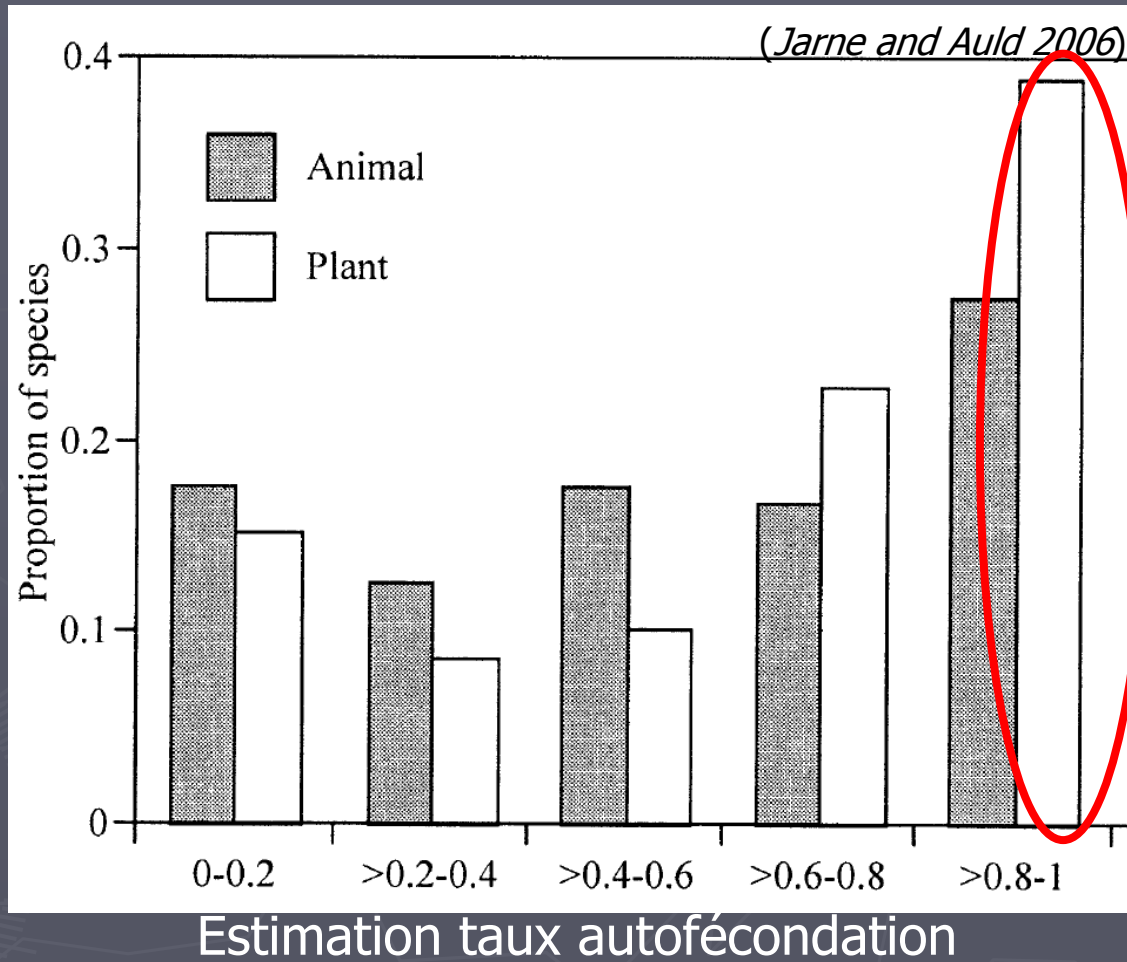
Partiellement liés

(Uyenoyama and Waller 1991)

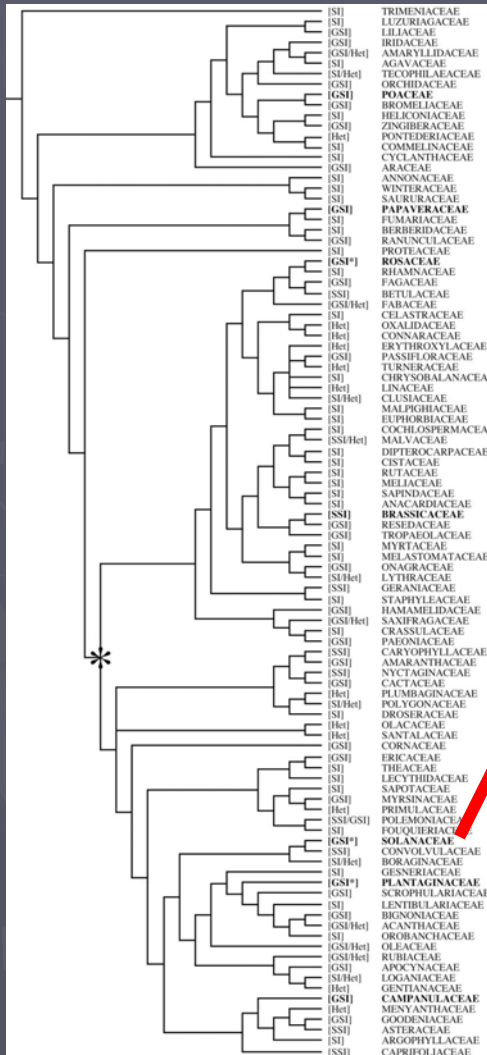
(4) Infinité de locus liés – populations finies



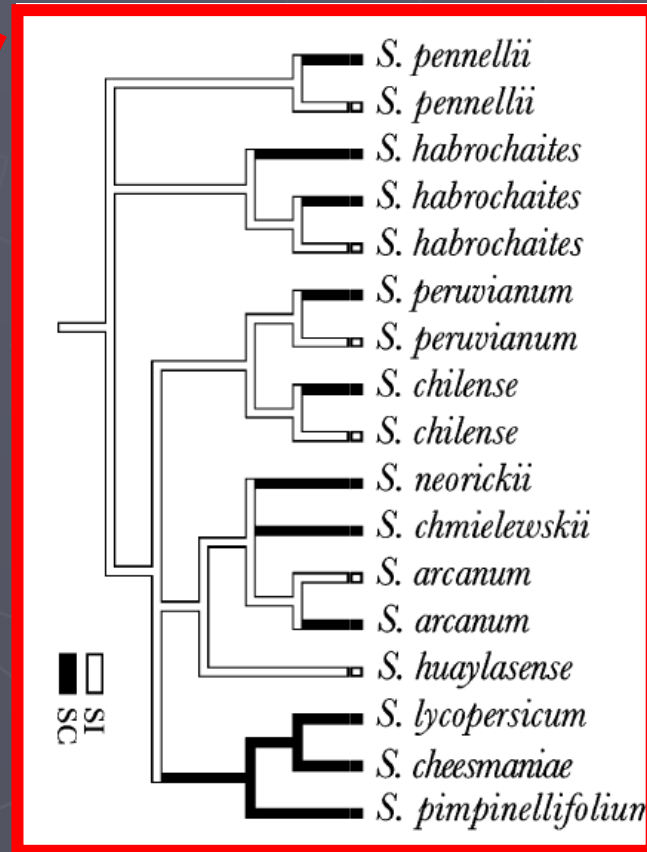
A faire – en cours (*Denis Roze*)



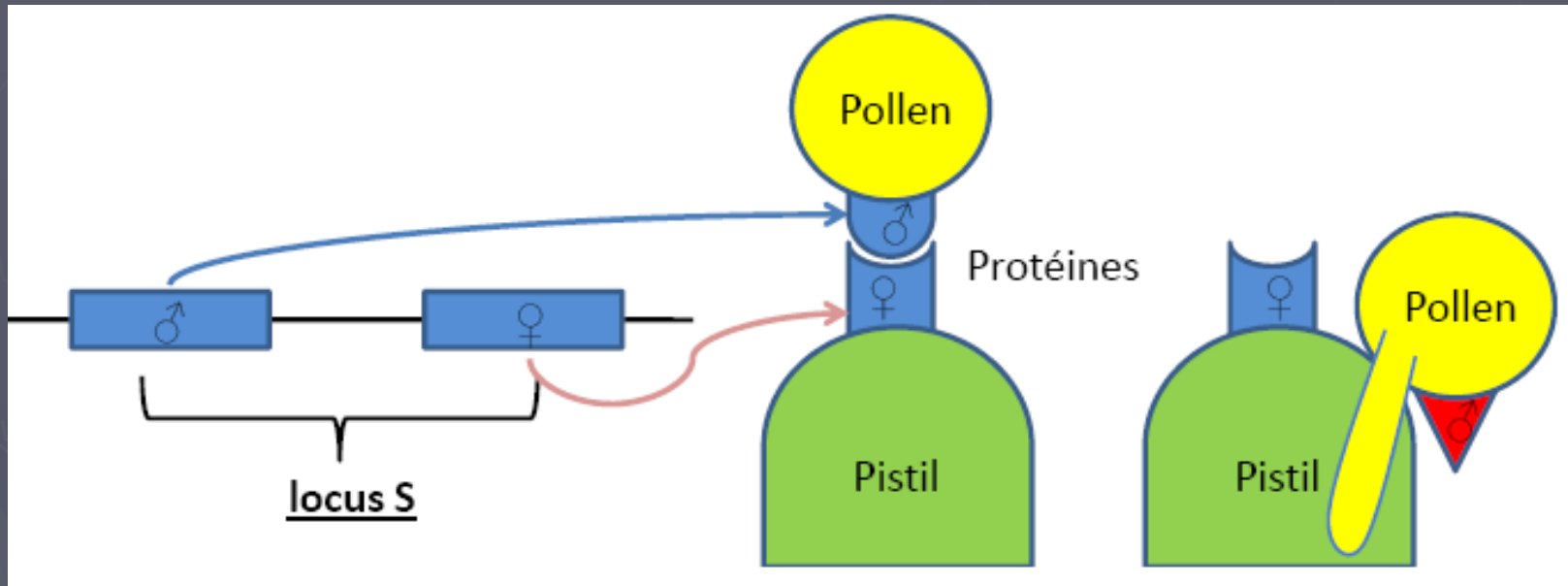
105 familles (50%), 40% des espèces



Tomates.



Auto-incompatibilité chez les plantes Stricte allo-fécondation!



Hypothèses des modèles d'évolution-

Taux d'auto-pollen a (*paramètres*)

n allèles d'autoincompatibilité

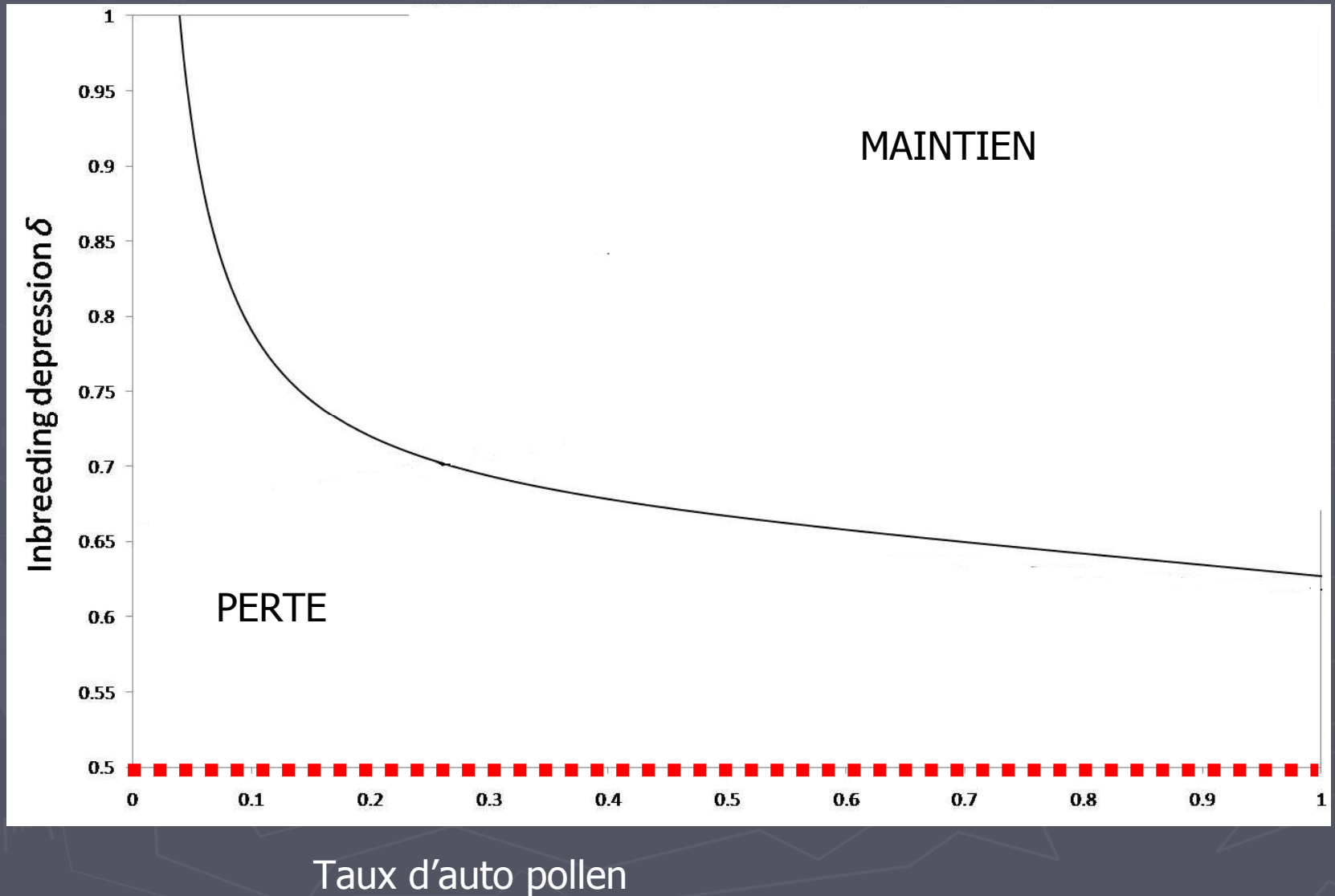


Introduction d'un mutant auto-compatible

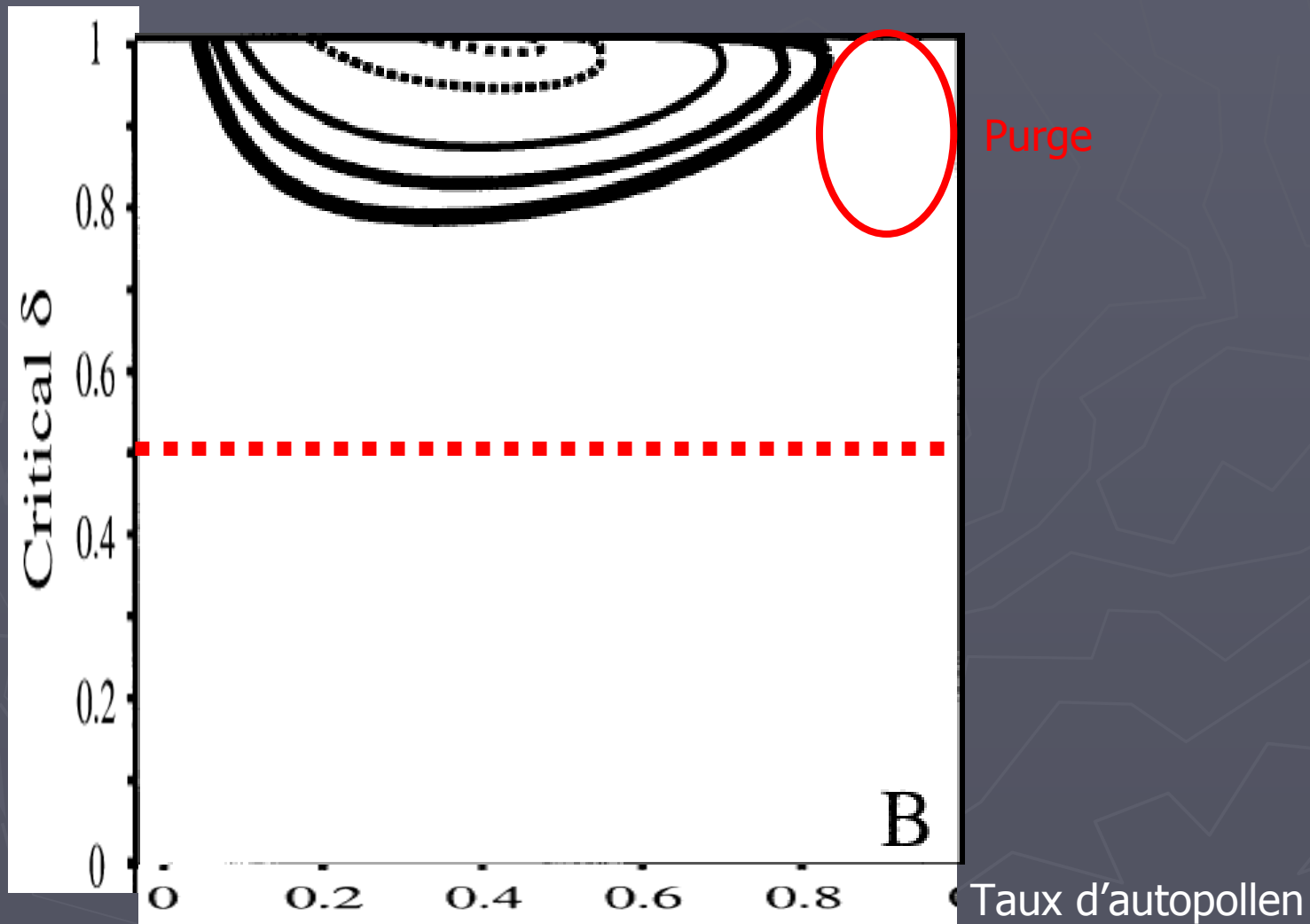


}
INVASION ?

(1) δ fixe



(2) Infinité de locus non liés – mutations léhales récessives – populations infinies



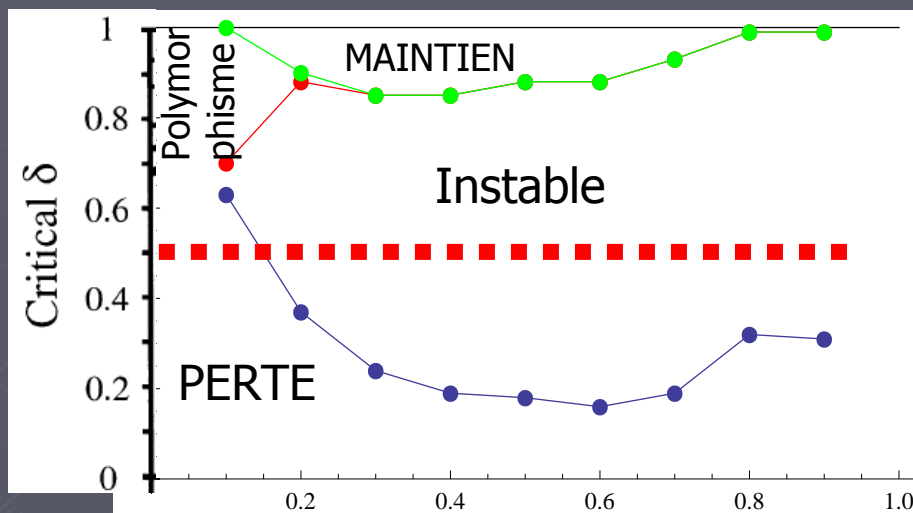
(3) effet des interactions entre loci



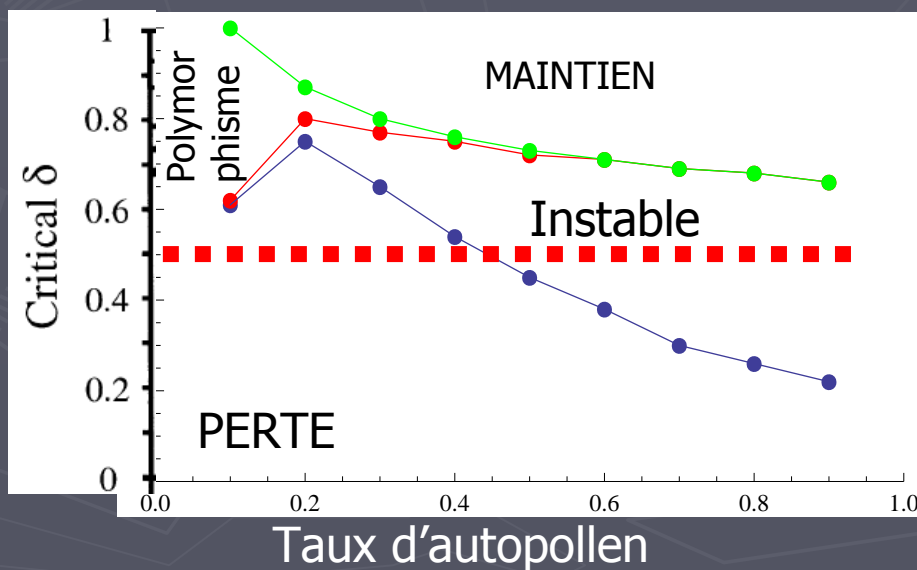
En cours – A faire (Camille Gervais)

(4) Infinité de locus – populations finies (simulations)

$U=1$



Mutation
délétères
récessives
léthales



Mutation
faiblement
délétères

Bilan : approximations correctes mais...

On ne parvient toujours pas à expliquer les taux d'autofécondation intermédiaires

On ne parvient toujours pas à expliquer une telle facilité de maintien de l'auto-incompatibilité

hypothèses génétiques suffisantes ?

Complexité du génome

