

2. Organisation et évaluation de la biodiversité intraspécifique

2.1. Intérêt de l'étude de la biodiversité intraspécifique

2.2. Organisation et évaluation de la **variabilité génétique** intraspécifique

2.1. Intérêt de l'étude de la biodiversité intraspécifique

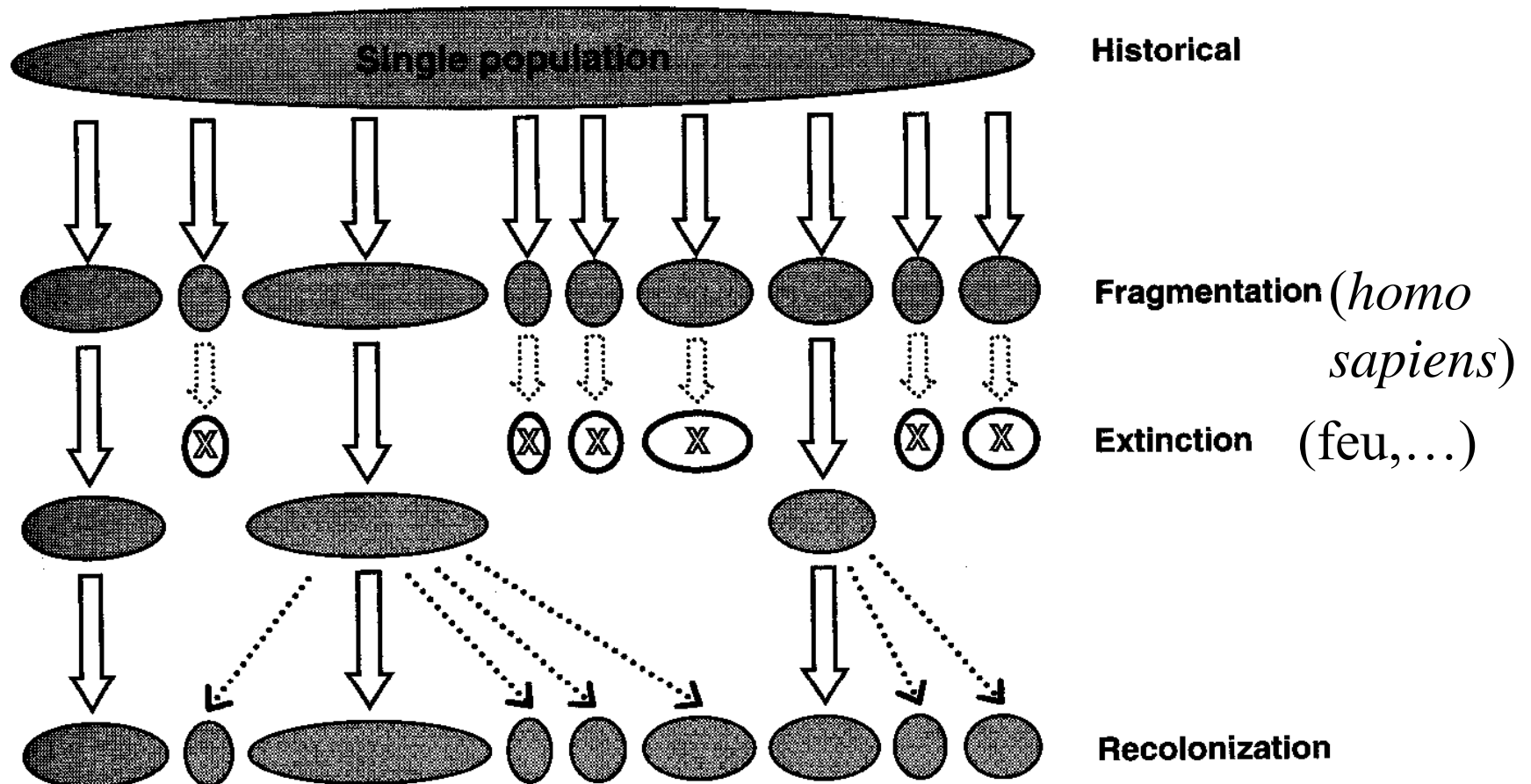
Pourquoi se soucier de la biodiversité intraspécifique en biologie de la conservation?

2 objectifs:

- Conservation de dynamique des populations et fonctions écologiques :
 - interrelation entre \neq populations : **métapopulation**
 - maillage écologique, systèmes de corridors
- Conservation de diversité génétique des espèces:
 - **facteur de survie** et d'évolution future
 - **réservoir de gènes** → amélioration génétique

2.1. Intérêt de l'étude de la biodiversité intraspécifique

- Dynamique d'extinction-recolonisation:
 - l'élément stable est la **métapopulation** et non la population



2.1. Intérêt de l'étude de la biodiversité intraspécifique

- Conservation de la diversité génétique des espèces:
 - Connaître **étendue** de biodiversité intraspécifique:
 - variation génétique spatiale → **marqueurs génétiques**
 - variation temporelle ou spatio-temporelle → **phylogénies moléc.**
 - différenciation écologique pour caractères adaptatifs
→ observations + **expériences de transplantation**

2.2. Organisation et évaluation de la variabilité génétique intraspécifique

2.2.1. Utilisation de marqueurs génétiques

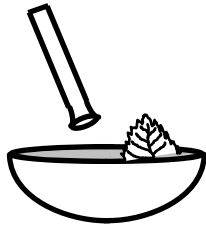
Marqueur génétique = locus variable dont le génotype peut être déduit à partir d'observations phénotypiques et qui renseigne sur le génotype de l'individu qui le porte

•exemples: petit pois lisse/ridé (Mendel); couleur des yeux de drosophile (Morgan); isoenzymes (Lewontin); marqueurs moléculaires (variants ADN)

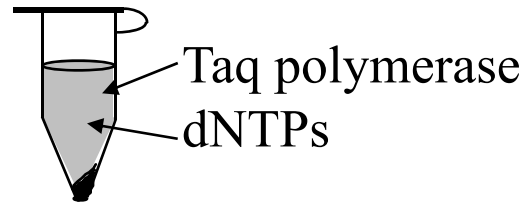
2.2.1. Utilisation de marqueurs génétiques

Exemple: les marqueurs microsatellites

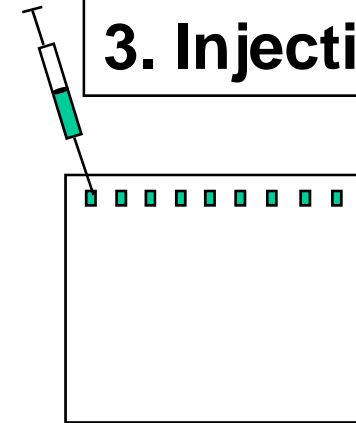
1. Extraction



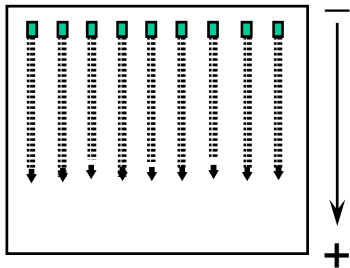
2. Amplification PCR



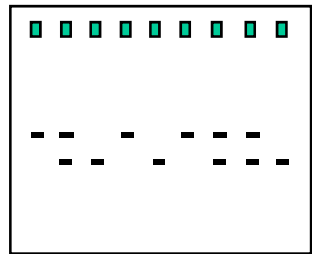
3. Injection



4. Migration

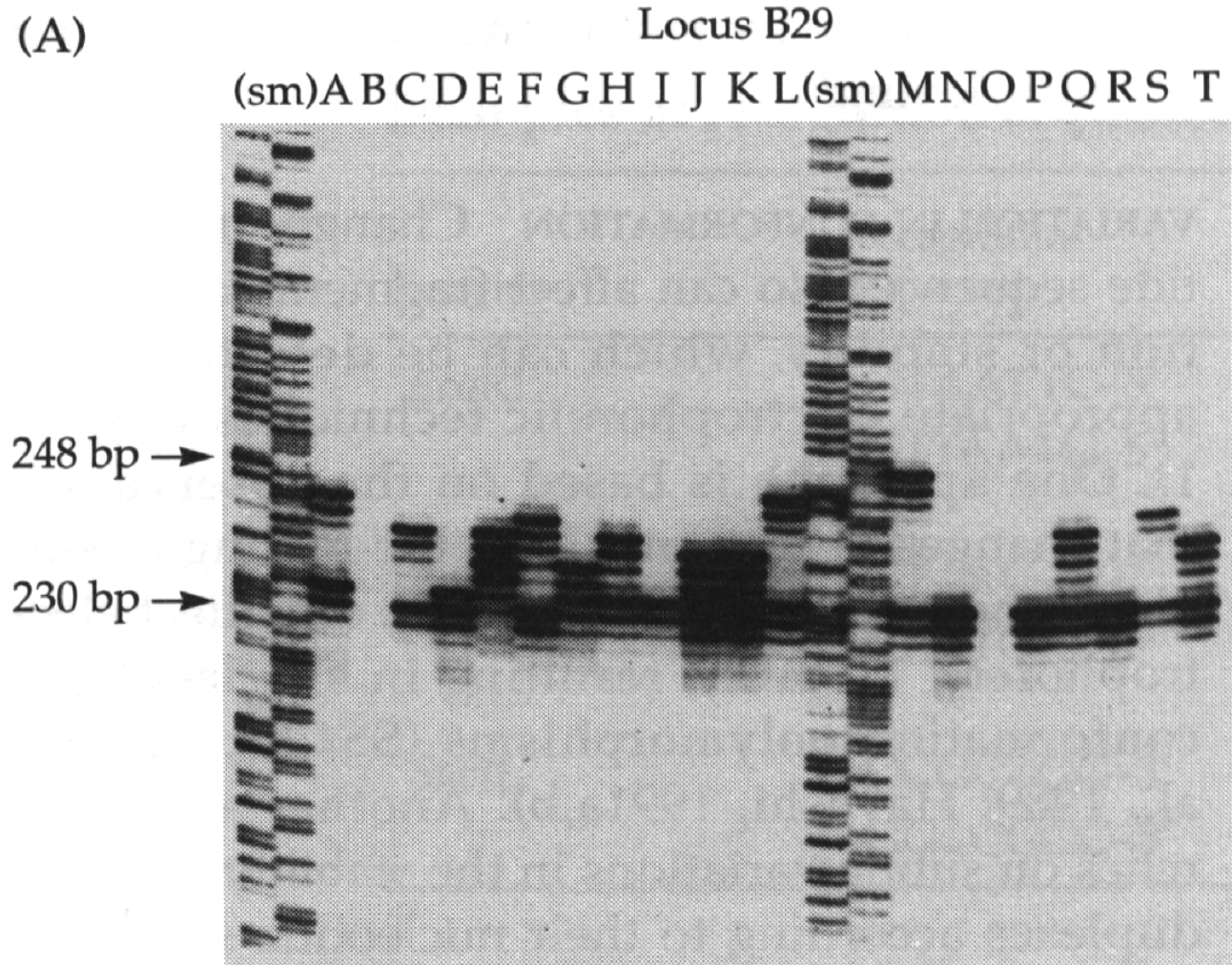


5. Coloration



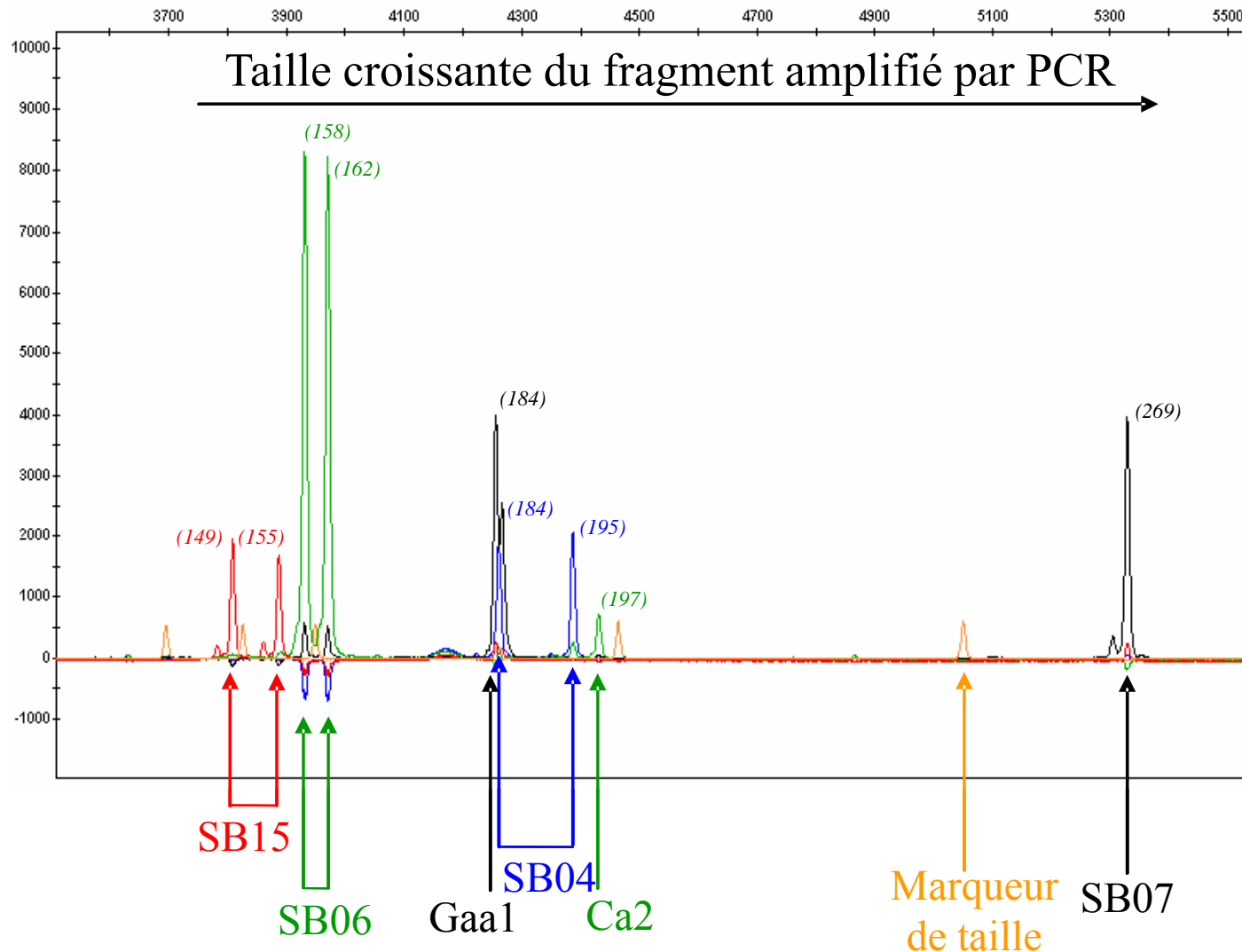
2.2.1. Utilisation de marqueurs génétiques

Exemple: les marqueurs microsatellites



2.2.1. Utilisation de marqueurs génétiques

Exemple: les marqueurs microsatellites sur séquenceur automatique
(plusieurs locus visualisés en même temps : multiplexage)



2.2.1. Utilisation de marqueurs génétiques

Exemple: les marqueurs microsatellites

- données de génotypage d'un échantillon d'individus:

	locus 1	locus 2	locus 3
– ind. 1:	101/101	124/126	220/238
– ind. 2:	101/103	126/126	238/264
– ...			

- permet d'estimer la **fréquence d'individus hétérozygotes**, la **fréquence des allèles** → estimation de la variation génétique (moyenne sur plusieurs locus marqueurs)

2.2. Organisation et évaluation de la variabilité génétique intraspécifique

2.2.1. Utilisation de marqueurs génétiques

2.2.2. Coefficient de consanguinité

→ Mode de reproduction

2.2.3. Diversité génétique intra-population

→ Effectif présent et historique de la population

2.2.4. Structuration génétique inter-population

→ Flux migratoires entre populations

2.2.2. Coefficient de consanguinité

- **Consanguinité** \equiv reproduction entre **individus apparentés** génétiquement ($><$ panmixie)
- Effet de la consanguinité: \searrow **hétérozygotie** (% hétérozygotes) dans la population (p/r attendu sous panmixie: $2pq$)

Auto-fécondation et fréquences génotypiques

Génotype	AA	Aa	aa
Fréq. gén. (t)	x	y	z
Autofécondation	AA x AA	Aa x Aa	aa x aa
	↓	↓	↓
	AA	$\frac{1}{4}$ AA $\frac{1}{2}$ Aa $\frac{1}{4}$ aa	aa
Fréq. gén. (t+1)	$x + \frac{1}{4}y$	$\frac{1}{2}y$	$z + \frac{1}{4}y$

2.2.2. Coefficient de fixation/consanguinité

- Quantifier la consanguinité: mesurer la **réduction** en **hétérozygotie** dans pop. consanguine (H_o) p/r **attendu panmictique** (H_e = fréq. d'ind. hétérozygotes selon modèle H&W avec même fréq. alléliques)
- **Coefficient de fixation** = $F_{IS} = (H_e - H_o) / H_e = 1 - (H_o / H_e)$
- Estimation à partir de données de marqueurs génétiques:
 - H_o : proportion d'ind. hétérozygotes observée dans l'échantillon
 - H_e : = $2 pq$ avec p et q → fréquences alléliques estimées dans l'échantillon

2.2.2. Coefficient de fixation/consanguinité

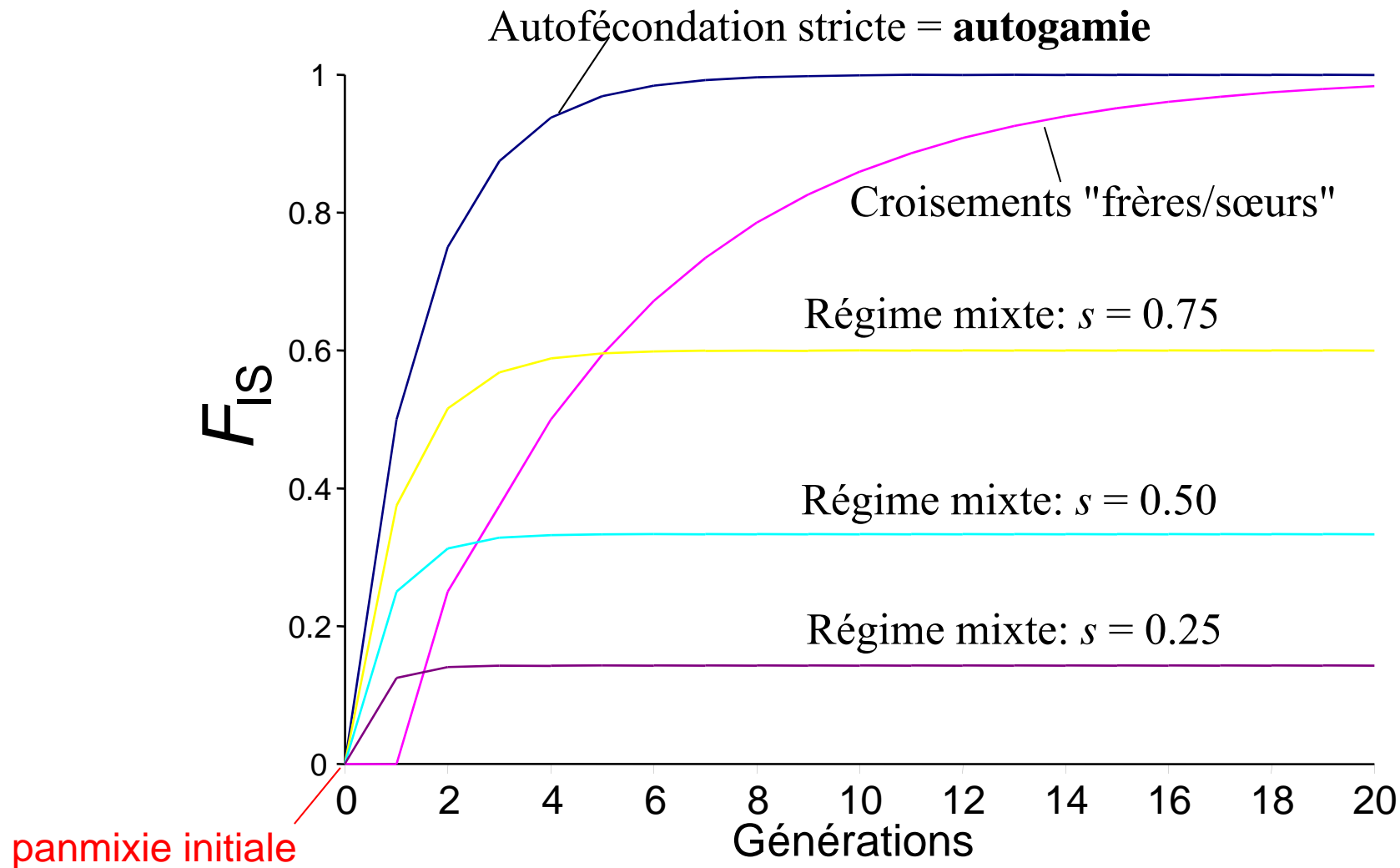
Le coefficient de fixation renseigne sur les **écarts à la**

panmixie: $F_{IS} = 1 - (H_o / H_e)$

- $F_{IS} = 0 \Rightarrow$ panmixie
- $F_{IS} > 0 \Rightarrow H_o < H_e$
 - autofécondation stricte: $F_{IS} \rightarrow 1$ ($H_o_t = \frac{1}{2} H_o_{t-1}$)
 - croisements exclusifs entre frères et soeurs: $F_{IS} \rightarrow 1$
($H_o_t = \frac{1}{2} H_o_{t-1} + \frac{1}{4} H_o_{t-2}$)
 - "système mixte de reproduction" $\Rightarrow F_{IS} \rightarrow s/(2-s)$
avec $s =$ taux d'autofécondation

2.2.2. Coefficient de fixation/consanguinité

Evolution du F_{IS} en fonction du régime de reproduction:



2.2.2. Coefficient de fixation/consanguinité

Le coefficient de fixation renseigne sur les **écarts à la**

panmixie: $F_{IS} = 1 - (H_o / H_e)$

- $F_{IS} = 0 \Leftrightarrow$ panmixie
- $F_{IS} > 0 \Leftrightarrow H_o < H_e$
 - autofécondation stricte: $F_{IS} \rightarrow 1$ ($H_o_t = \frac{1}{2} H_o_{t-1}$)
 - croisements entre frères et soeurs: $F_{IS} \rightarrow 1$
($H_o_t = \frac{1}{2} H_o_{t-1} + \frac{1}{4} H_o_{t-2}$)
 - "système mixte de reproduction" $\Leftrightarrow F_{IS} \rightarrow s/(2-s)$
avec s = taux d'autofécondation

Marqueurs $\rightarrow F_{IS} \rightarrow$ inférence sur mode de reproduction

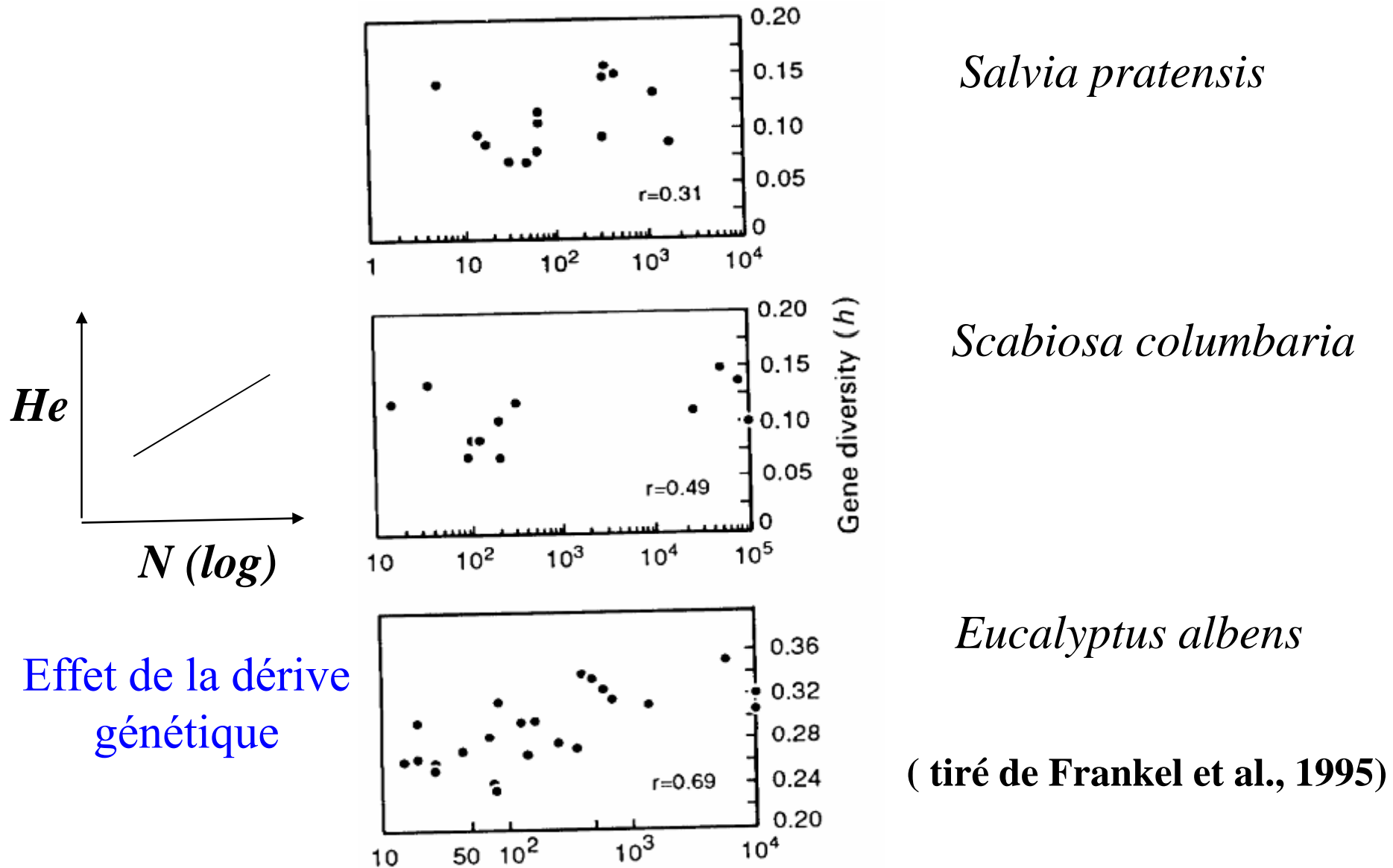
2.2.3. Diversité génétique intra-population : diversité génétique H_e

- **Diversité génétique** = H_e = **hétérozygotie** (proportion d'hétérozygotes) **attendue** selon les hypothèses du modèle de Hardy-Weinberg:

$$H_e = 2pq = 1 - \sum_i x_i^2$$

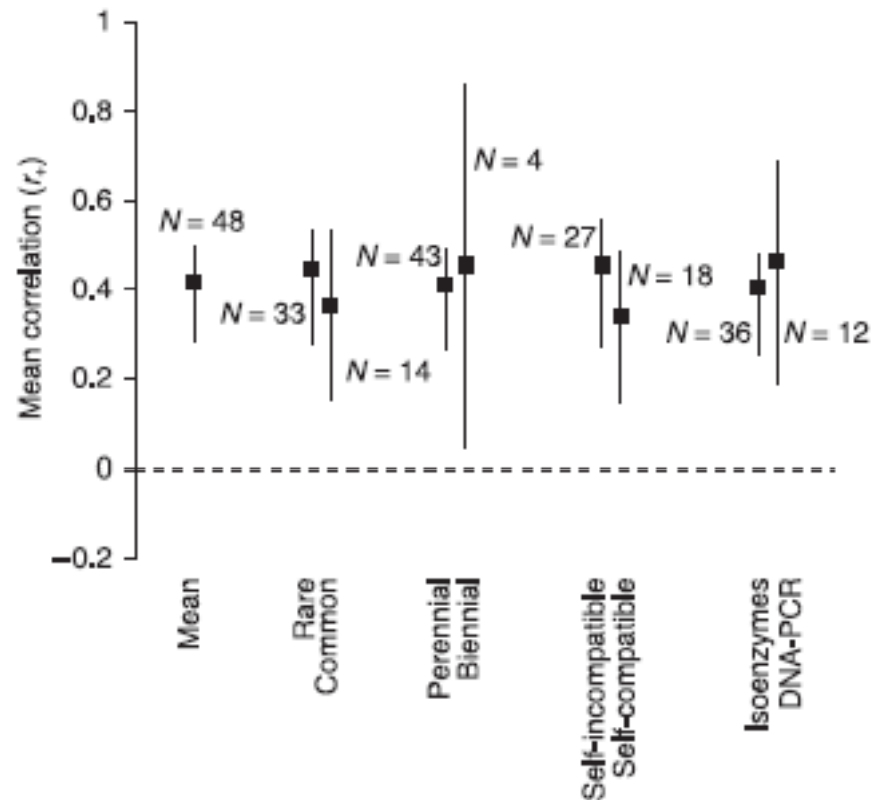
- Valeur limitée entre 0 et 1

2.2.3. Diversité génétique intra-population: relation entre diversité et taille de la population



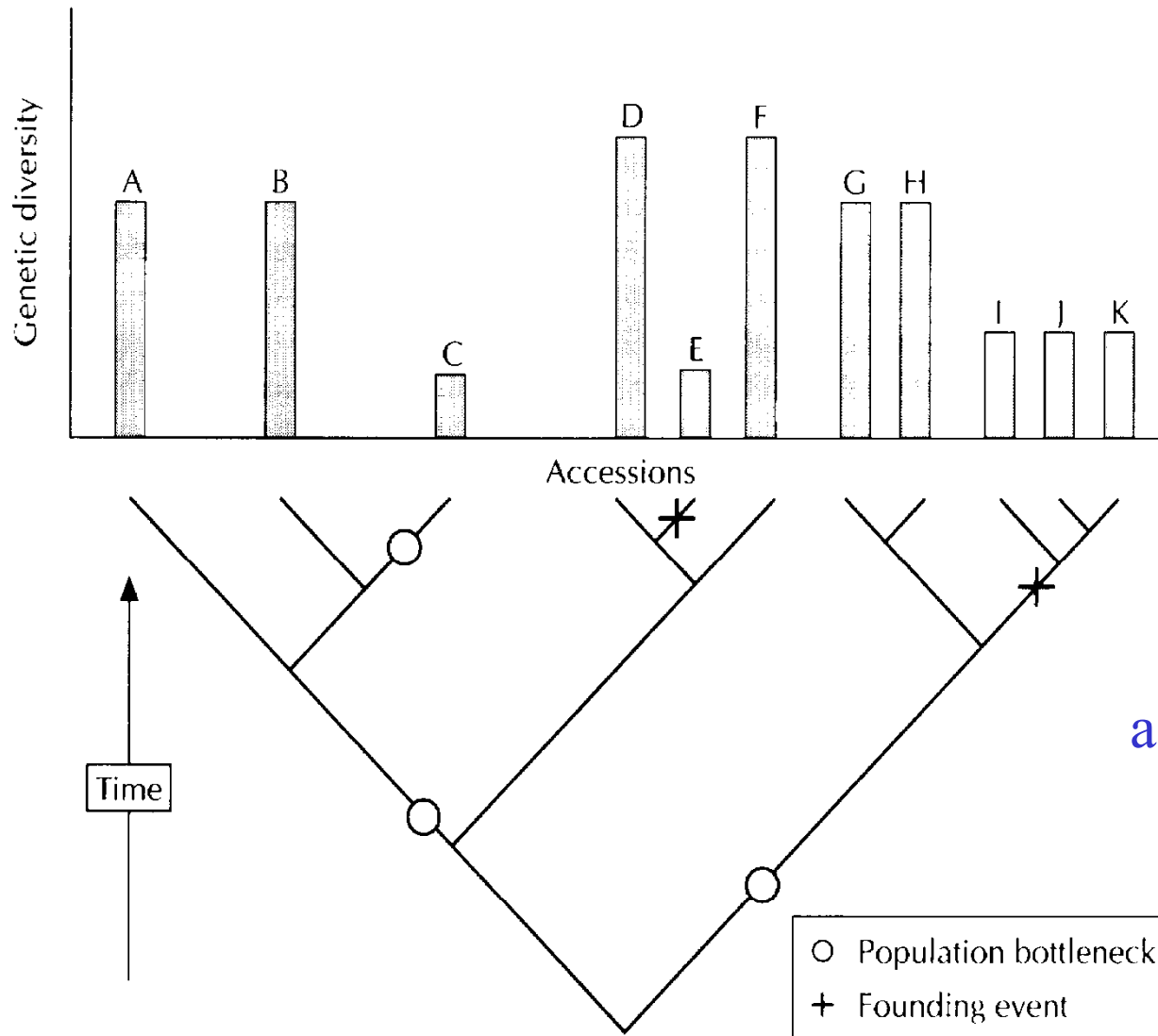
2.2.3. Diversité génétique intra-population: relation entre diversité et taille de la population

- Revue de la littérature sur 48 espèces végétales: coefficient de corrélation moyen entre N et H_e est de 0.4 (hautement significatif)



tiré de Leimu et al. 2006

2.2.3. Diversité génétique intra-population: effet de modifications **historiques** de la taille des populations



- effet de fondation: colonisation d'un nouveau site par un petit nombre de fondateurs
- bottleneck (goulot d'étranglement): réduction drastique de la taille de la population lors d'une ou plusieurs saisons

Marqueurs $\rightarrow H_e \rightarrow$ taille actuelle ou historique des pop.
 \rightarrow choix des populations à conserver

(d'après Schoen & Brown, 1995)

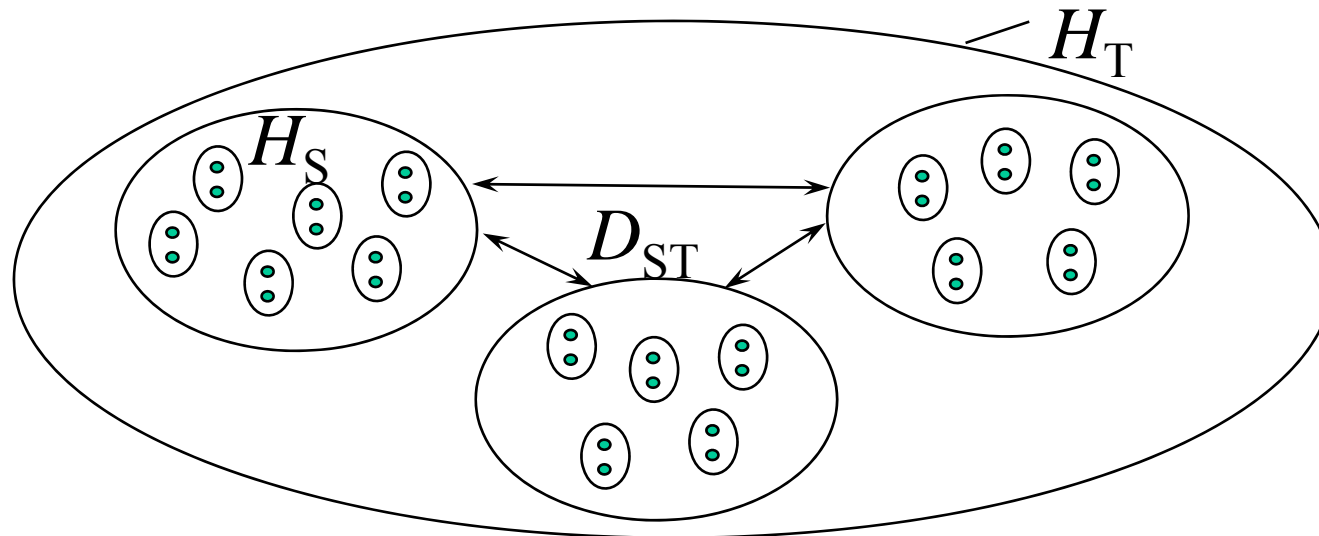
2.2.3. Diversité génétique intra-population:locus isoenzymatiques chez les végétaux (Hamrick & Godt, 1989)

Catégorie	<i>N</i>	<i>A</i>	<i>H_e</i>	<i>G_{ST}</i>
Système de reproduction				
Autogame	113	1.31	0.07	0.51
Mixte-zoogamie	64	1.43	0.09	0.22
Mixte-anémogamie	9	1.99	0.20	0.10
Allogame-zoogamie	164	1.54	0.12	0.20
Allogame-anémogamie	102	1.80	0.15	0.10
Distribution géographique				
Endémique	81	1.39	0.06	0.25
Restreinte	101	1.45	0.11	0.24
Régionale	180	1.55	0.12	0.22
Cosmopolite	85	1.72	0.16	0.21

A = nombre moyen d'allèles par locus marqueur

2.2.4. Structuration génétique inter-population

- **Différenciation inter- population (D_{ST})**= diversité entre populations en excès de diversité intra-population ($H_S = \text{moy. } H_e$)



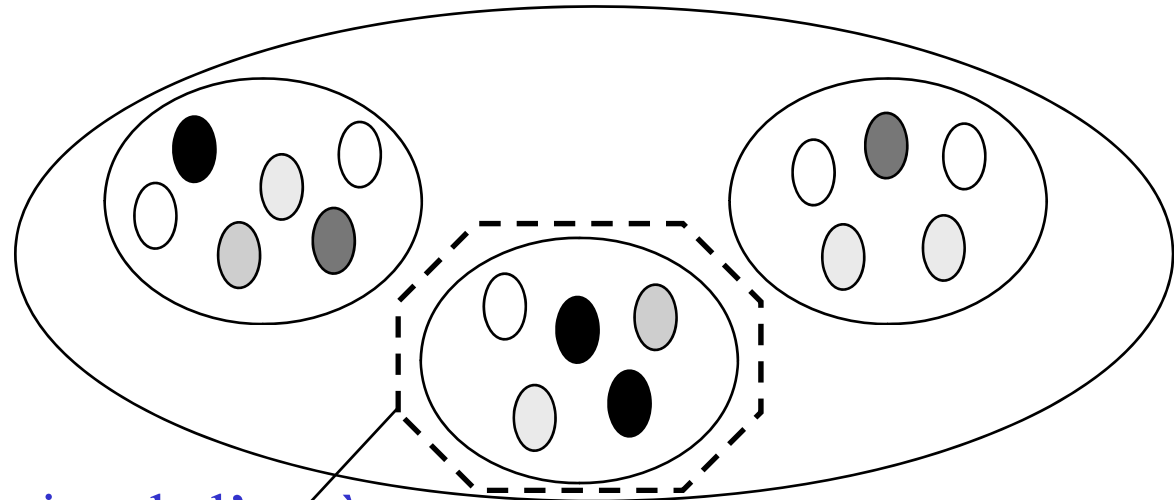
- $D_{ST} = H_T - H_S$
- $G_{ST} = D_{ST} / H_T = \text{proportion diversité génét. inter-population} \approx (F_{ST})$
- $G_{ST} \leftarrow$ équilibre **dérive génétique** \leftrightarrow **migration**

Marqueurs $\rightarrow G_{ST} \rightarrow$ estimation des flux migratoires

2.2.4. Structuration génétique inter-population

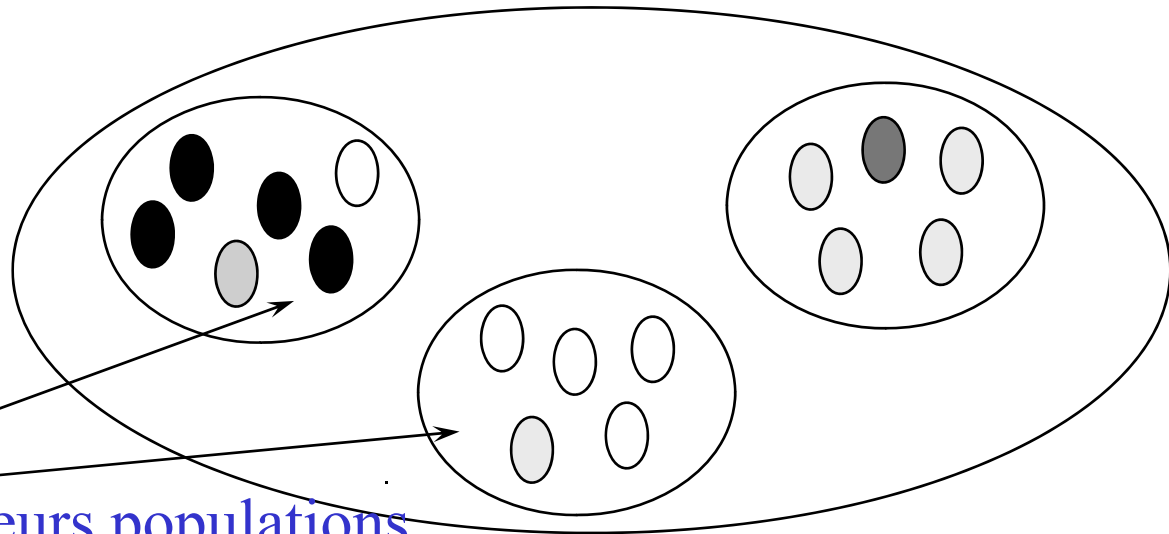
$$G_{ST} = D_{ST} / H_T$$

1) $G_{ST} \ll 0.5$ ($H_S \gg D_{ST}$)



1 population \approx représentative de l'espèce

2) $G_{ST} > 0.5$ ($H_S < D_{ST}$)



échantillonner dans plusieurs populations

2.2.4. Structuration génétique inter-population :
locus isoenzymatiques chez les végétaux (Hamrick & Godt, 1989)

Catégorie	<i>N</i>	<i>A</i>	<i>H_e</i>	<i>G_{ST}</i>
Système de reproduction				
Autogame	113	1.31	0.07	0.51
Mixte-zoogamie	64	1.43	0.09	0.22
Mixte-anémogamie	9	1.99	0.20	0.10
Allogame-zoogamie	164	1.54	0.12	0.20
Allogame-anémogamie	102	1.80	0.15	0.10
Distribution géographique				
Endémique	81	1.39	0.06	0.25
Restreinte	101	1.45	0.11	0.24
Régionale	180	1.55	0.12	0.22
Cosmopolite	85	1.72	0.16	0.21