

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

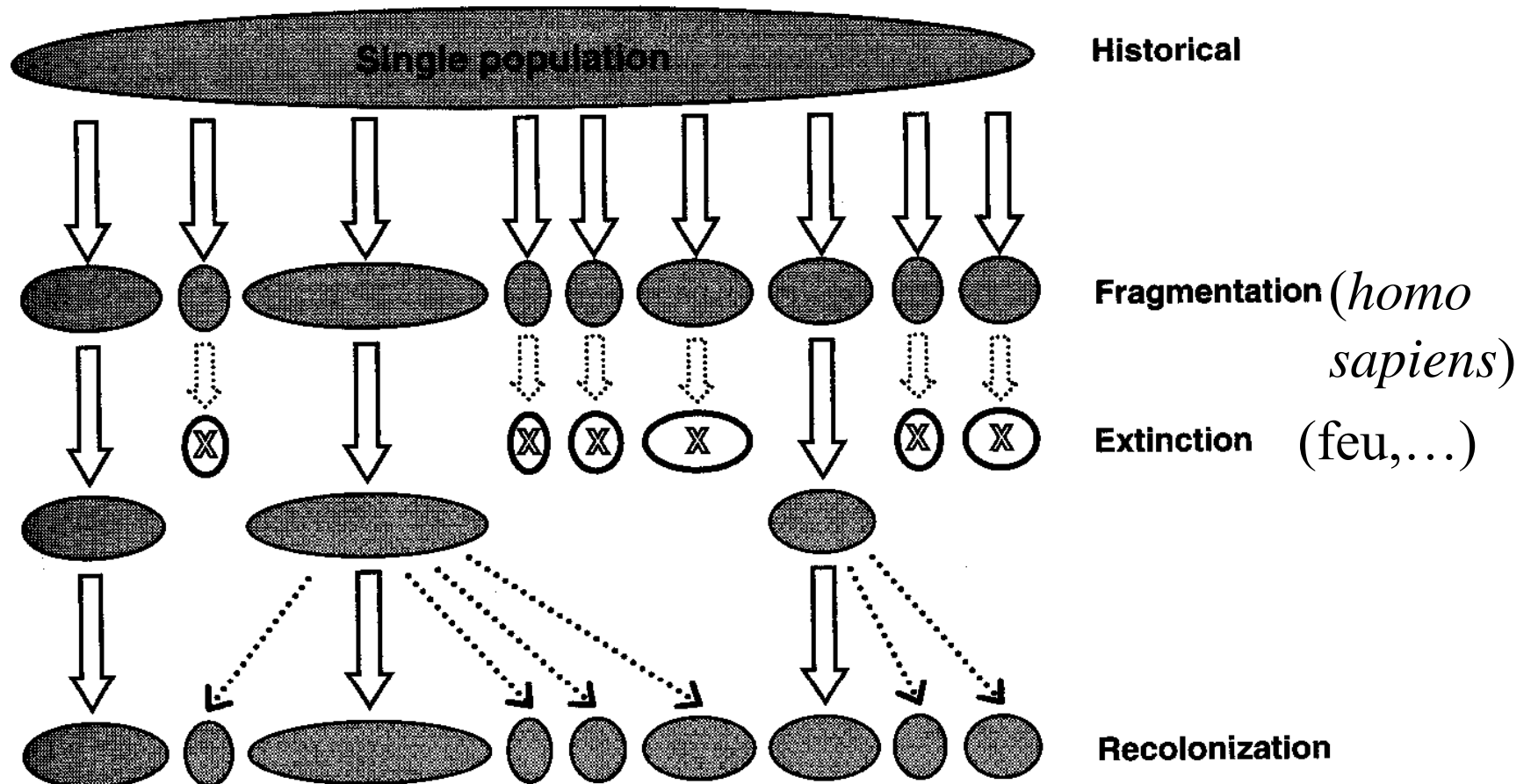
Pourquoi se soucier de la biodiversité intraspécifique en biologie de la conservation?

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)

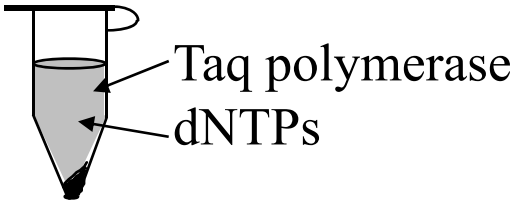
2.2.1. Utilisation de marqueurs génétiques

Exemple: les marqueurs microsatellites

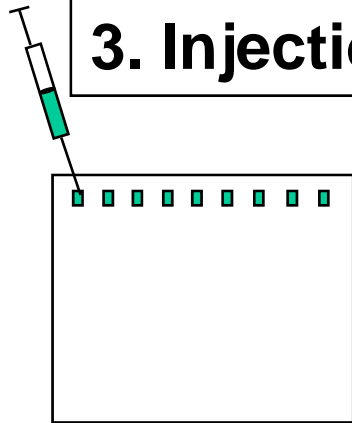
1. Extraction



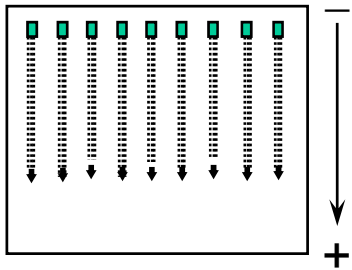
2. Amplification PCR



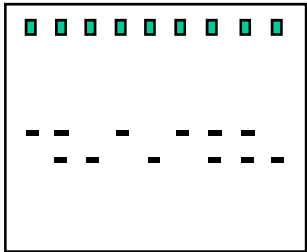
3. Injection



4. Migration

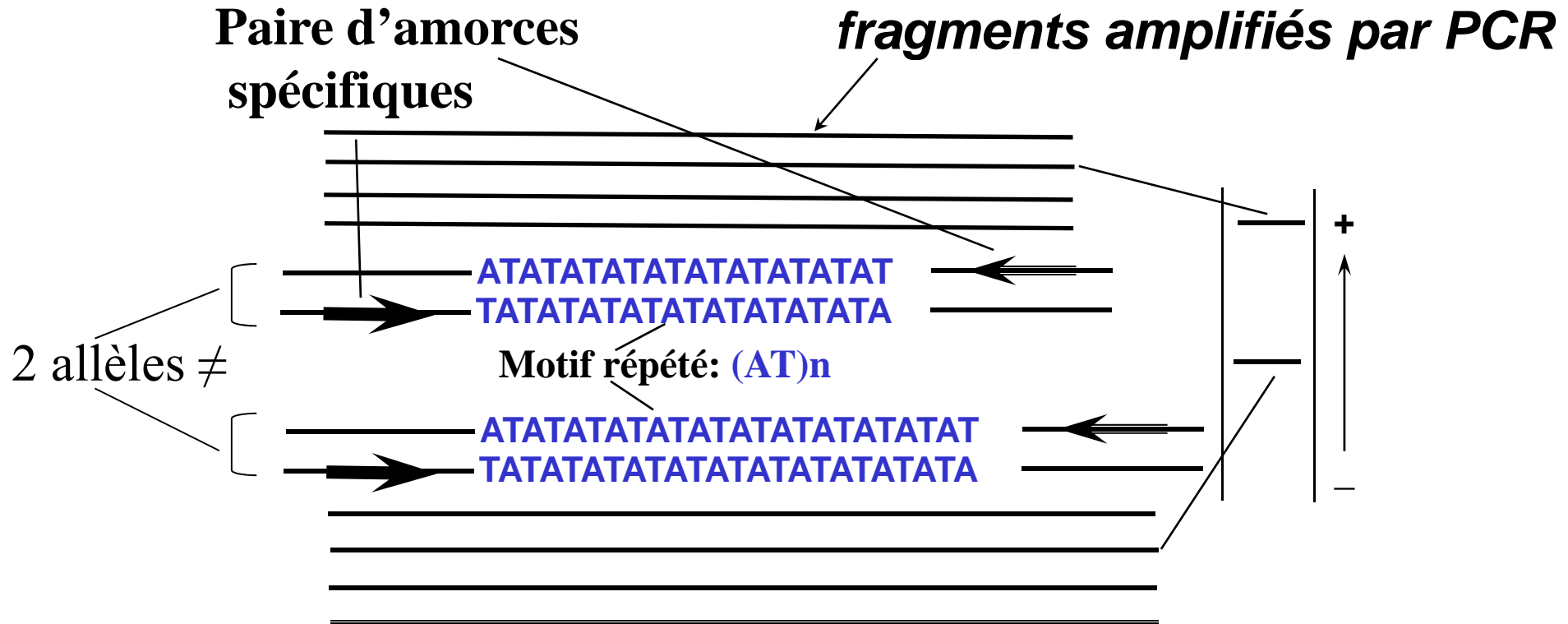


5. Coloration



2.2.1. Utilisation de marqueurs génétiques

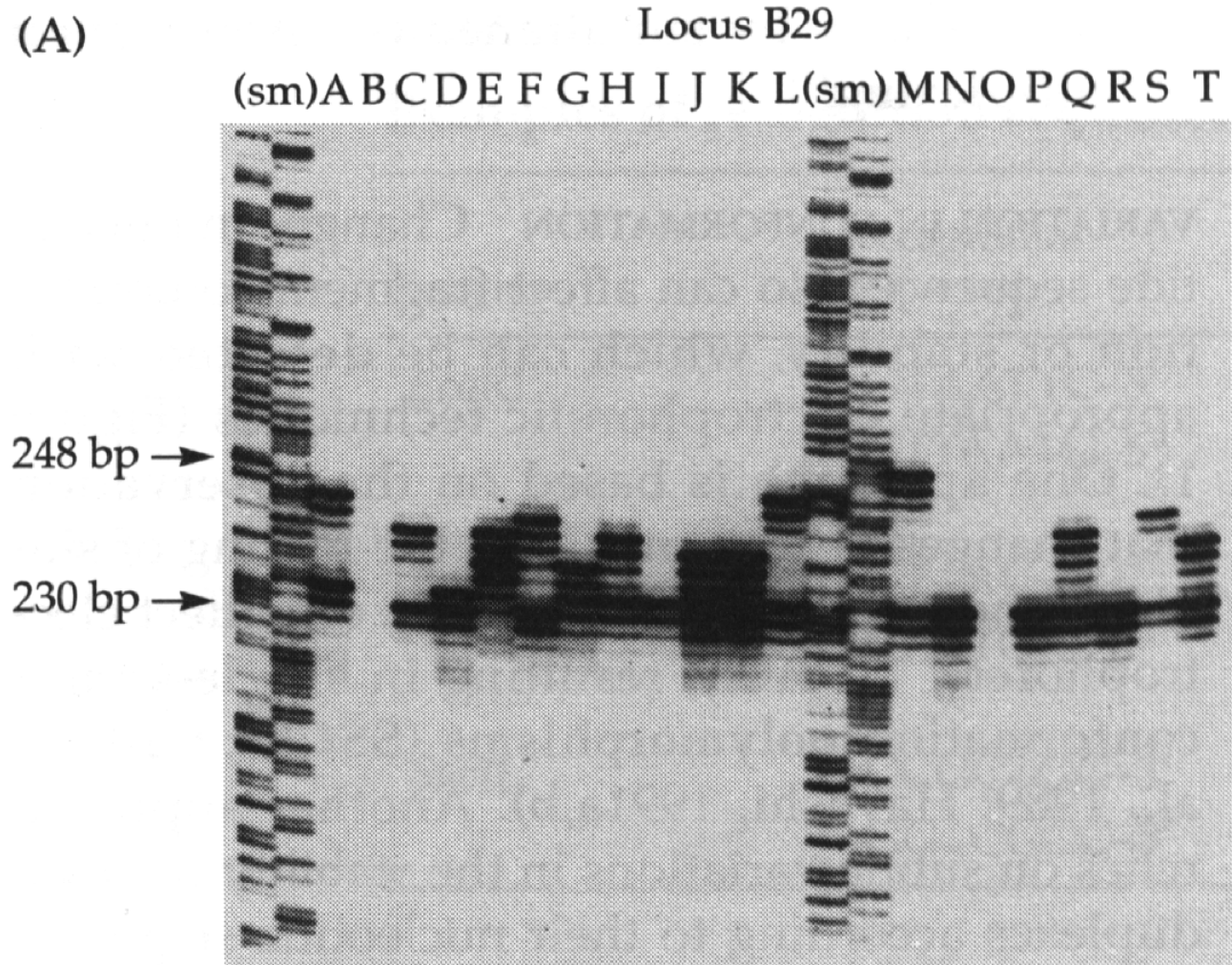
Exemple: les marqueurs microsatellites



- locus microsatellite = **séquence répétée à motif court** (1 à 10 pb)
- polymorphisme de longueur de fragment = variation du **nombre de répétitions du motif**
- souvent très polymorphes (taux de mutation élevé)

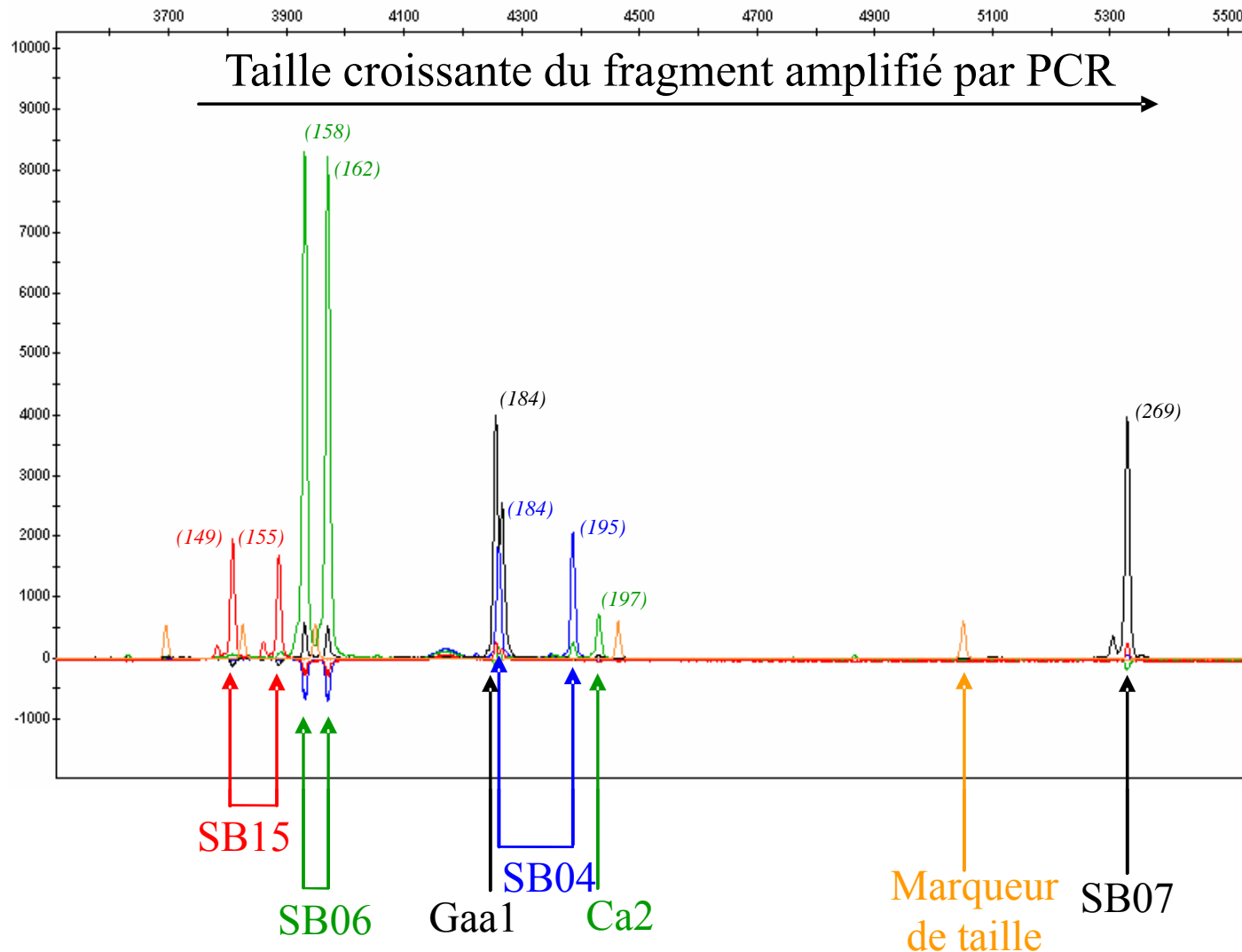
2.2.1. Utilisation de marqueurs génétiques

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

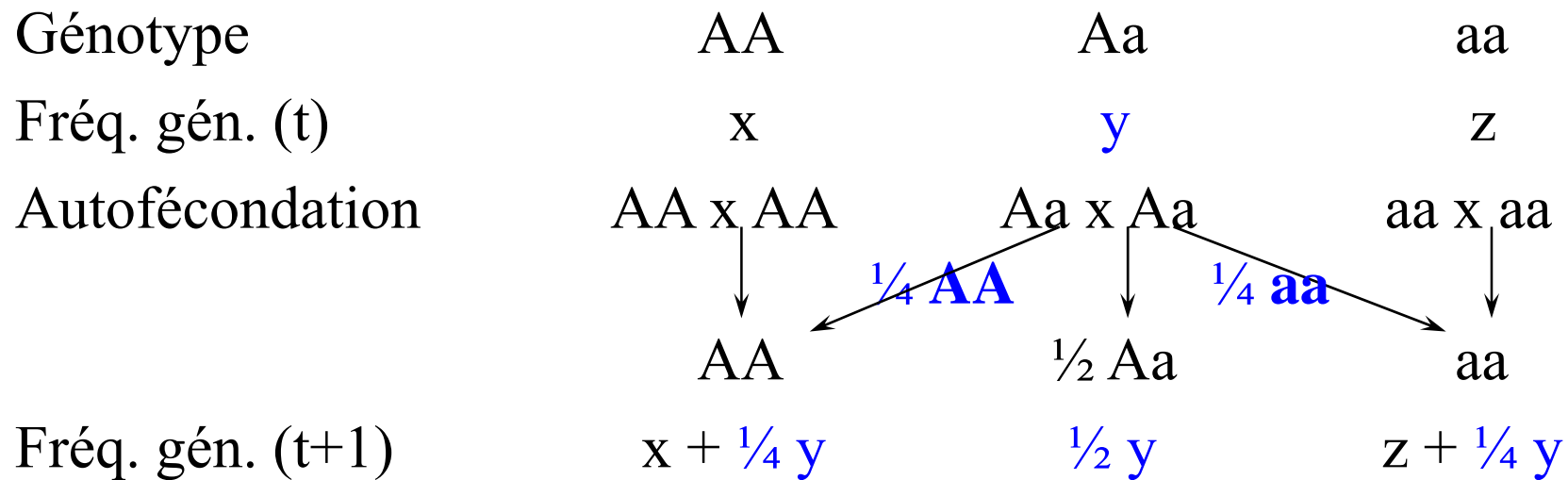
2.2.4. Structuration génétique inter-population

→ 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



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 $q \rightarrow$ fréquences alléliques estimées dans l'échantillon

2.2.2. Coefficient de fixation/consanguinité

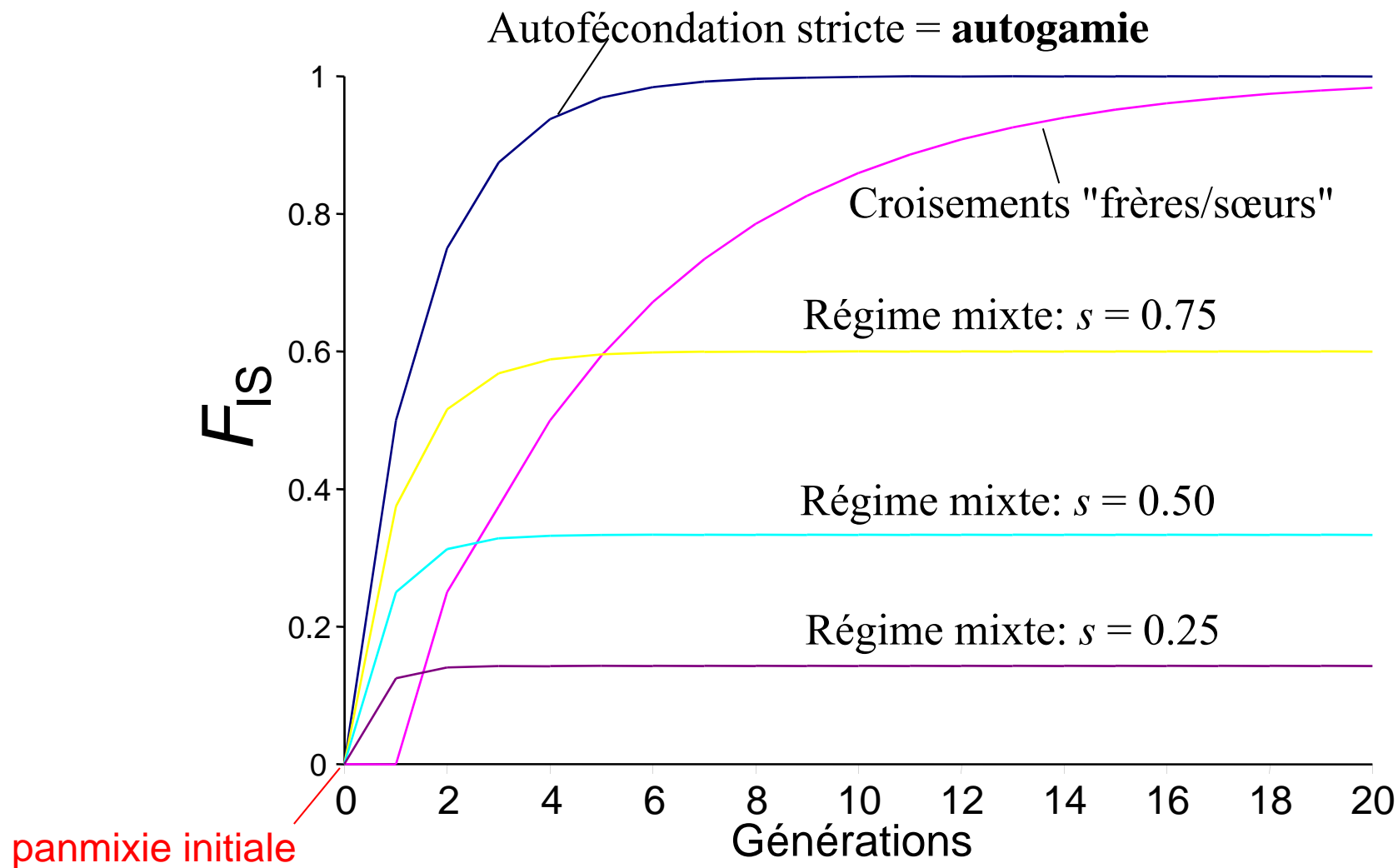
Le coefficient de fixation renseigne sur les **écarts à la**

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

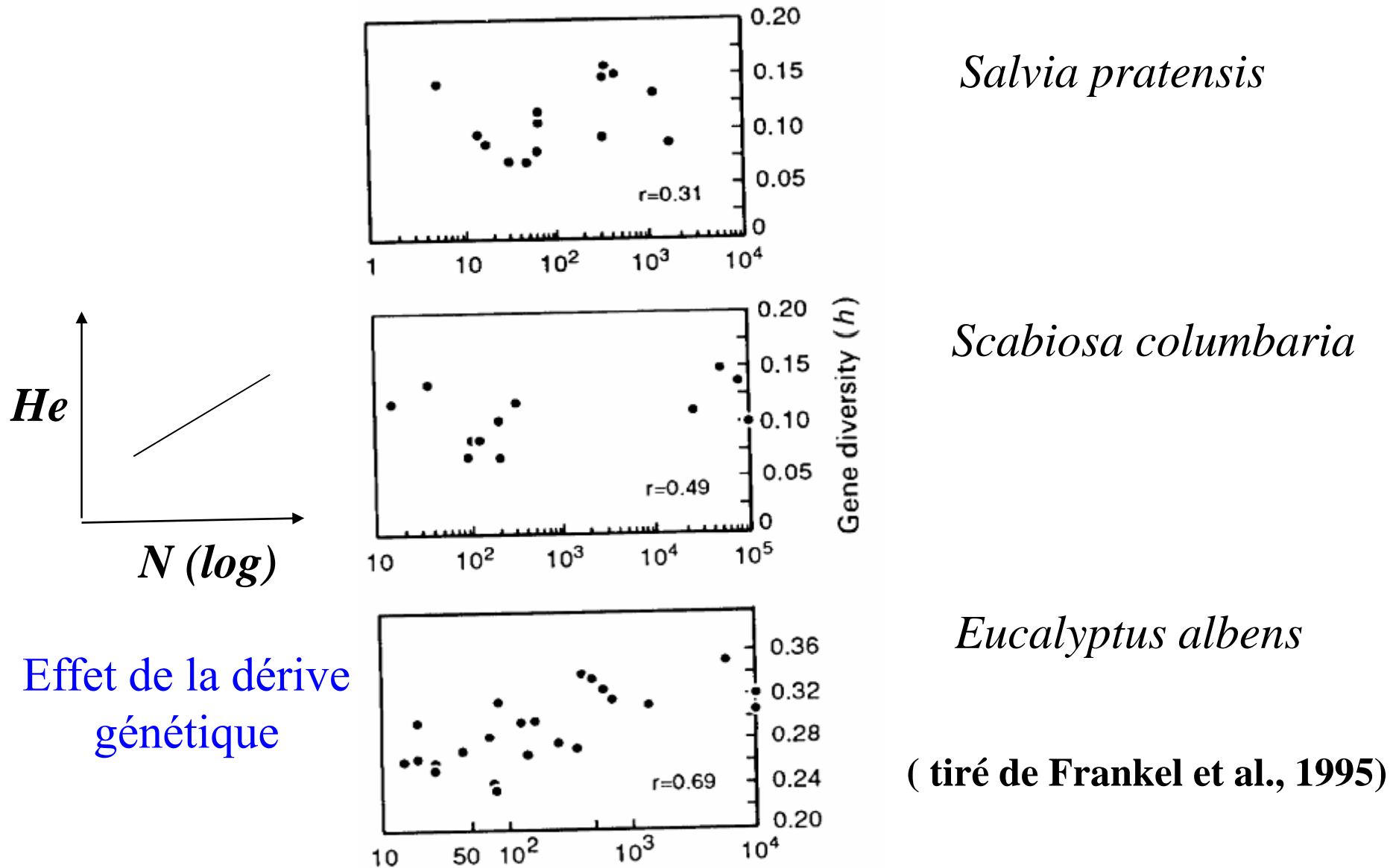
2.2.3. Diversité génétique intra-population : diversité génétique H_e

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

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

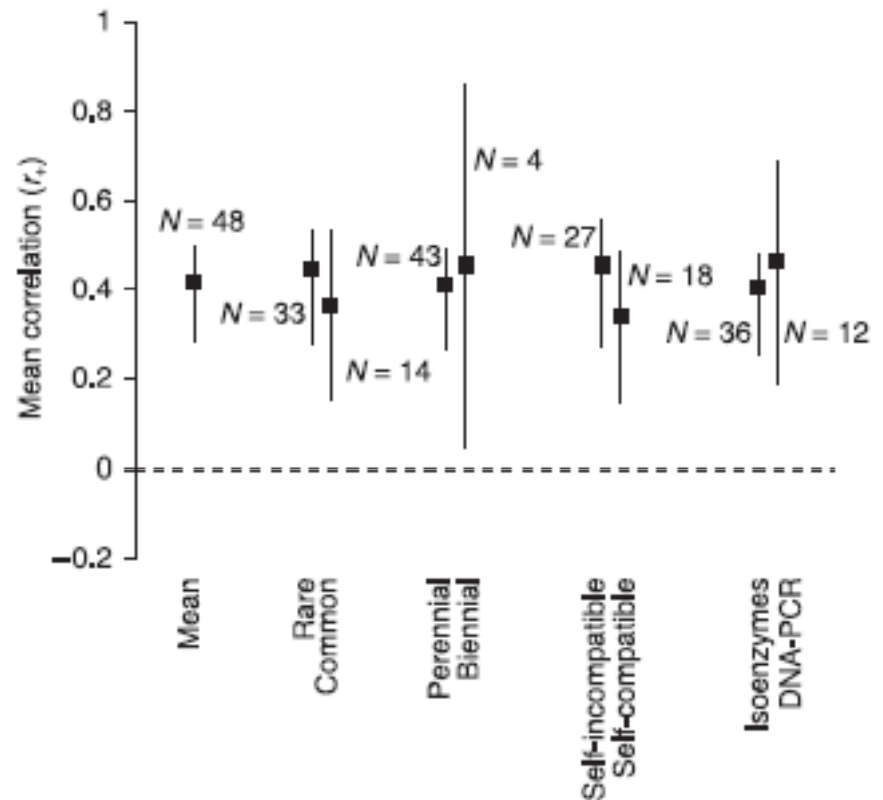
- Valeur limitée entre 0 et 1

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



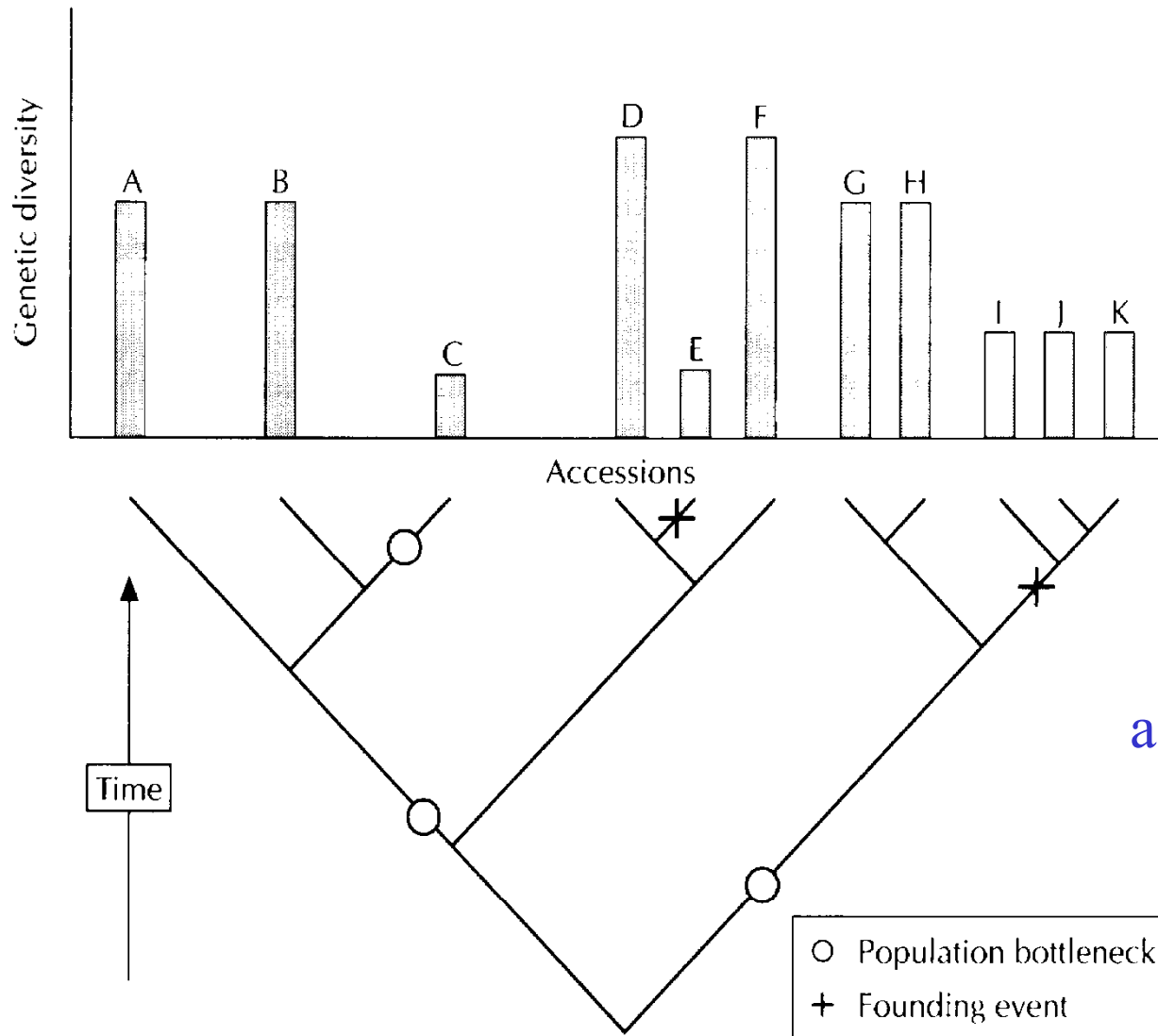
2.2.3. Diversité génétique intra-population: relation entre diversité et taille de la population

- 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)

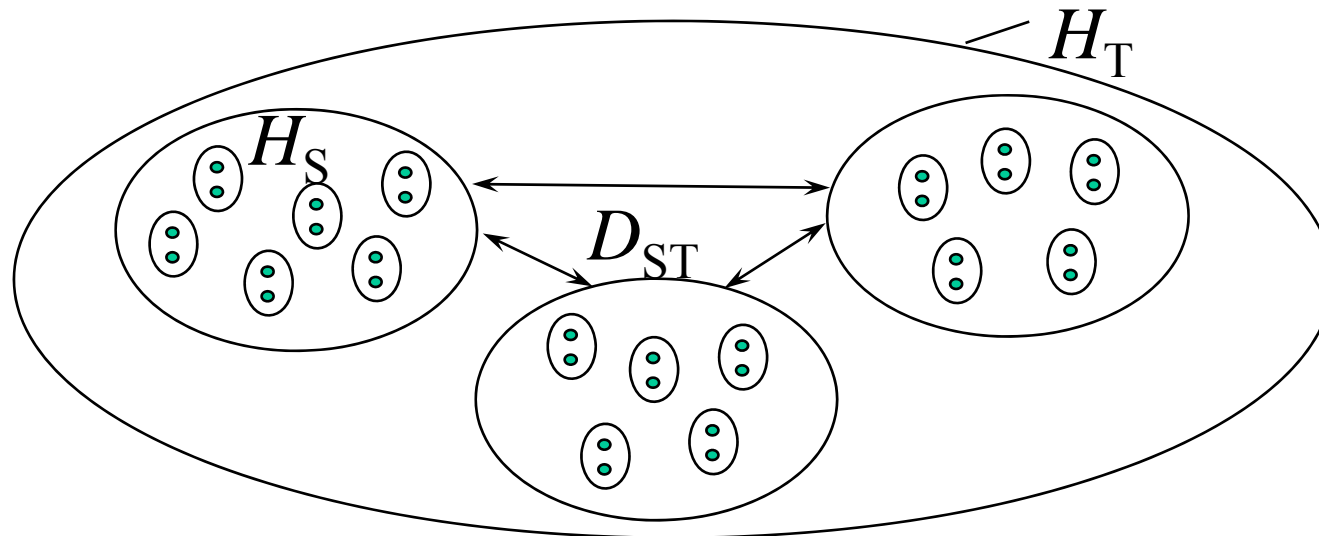
2.2.3. Diversité génétique intra-population:locus isoenzymatiques chez les végétaux (Hamrick & Godt, 1989)

| 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 ($H_S = \text{moy. } H_e$)



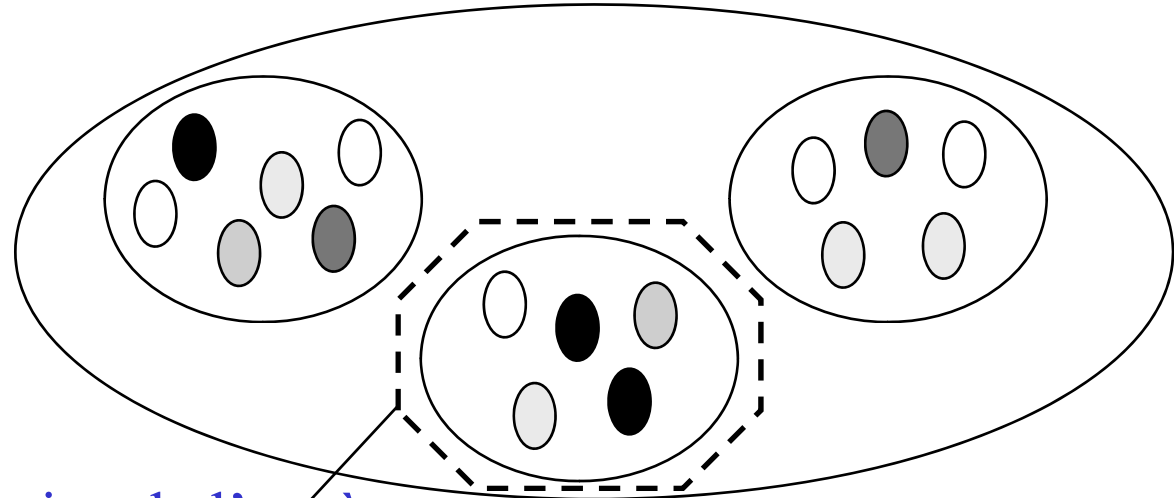
- $D_{ST} = H_T - H_S$
- $G_{ST} = D_{ST} / H_T = \text{proportion diversité génét. inter-population} \approx (F_{ST})$
- $G_{ST} \leftarrow$ équilibre **dérive génétique** \leftrightarrow **migration**

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

2.2.4. Structuration génétique inter-population

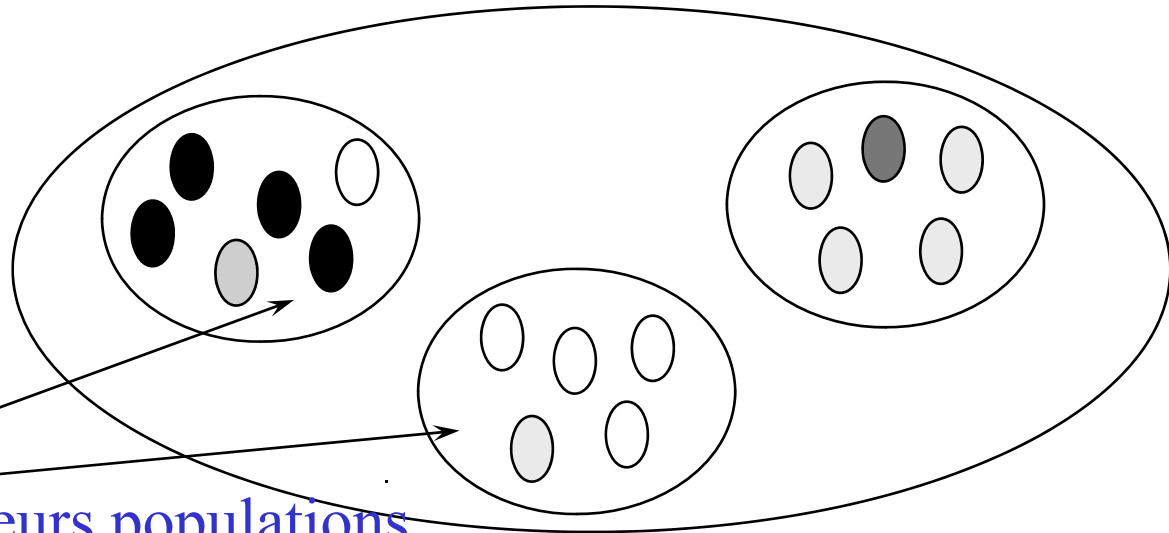
$$G_{ST} = D_{ST} / H_T$$

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 | N | A | H_e | G_{ST} |
|----------------------------------|-----|------|-------|----------|
| 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 |