
Modélisation stochastique et analyse statistique de l'évolution de la diversité génétique en population partiellement clonales

Solenn Stoeckel*¹

¹INRA – Institut national de la recherche agronomique (INRA), Institut National de la Recherche Agronomique - INRA – France

Résumé

”Que nul n'entre s'il n'est géomètre”: cet exposé illustre comment une formalisation mathématique nourrie d'un dialogue avec les données et les savoirs naturalistes nous a permis des avancées significatives sur la compréhension des trajectoires évolutives des populations partiellement clonales.

Les méta-analyses de données de diversité génétique désignent les systèmes de reproduction comme les facteurs les plus influents de l'évolution de la diversité génomique des espèces eucaryotes. En effet, ils conditionnent la transition de la diversité génétique des individus et des populations dans le temps. De nombreux Eucaryotes se reproduisent par clonalité partielle. Ce mode de reproduction implique qu'à l'échelle d'une population, certains descendants sont produits par voie sexuée pendant que d'autres sont formés par voie clonale. C'est notamment le cas de la majorité des espèces structurant les écosystèmes et de celles importantes pour les activités humaines. Pourtant, ce système de reproduction n'a été pris en compte explicitement que récemment dans un modèle formel de génétique des populations. Les modèles développés précédemment considéraient soit des populations purement sexuées, soit des populations purement clonales. Les attendus des effets évolutifs de la clonalité partielle étaient alors imaginés comme une proportion des attendus de chacun de ces deux modèles.

Dans un aller-retour d'identifications d'anomalies typiquement kuhniennes entre données et développement algorithmique et mathématiques, je tenterai de montrer comment l'adaptation d'un modèle de Wright-Fisher dans les espaces génotypiques, intégrant les mécanismes génétiques de la clonalité partielle a permis de mieux comprendre, prédire et expliquer les dynamiques évolutives de nombreuses populations partiellement clonales dont l'étude évolutive était jusqu'à présent uniquement abordée par des expertises empiriques. Ce modèle montre que l'évolution de ces populations est différente des populations purement clonales ou sexuées, et ne peut se prédire à l'aide d'une règle simple combinant modèles pour organismes purement clonaux et purement sexués.

Enfin, si le temps le permet, je montrerai comment l'utilisation de ce modèle mécaniste utilisé pour calculer des vraisemblances dans une approche statistique nous permet désormais d'inférer quantitativement les taux de reproduction clonale en populations de terrain échantillonnées deux fois dans le temps.

*Intervenant