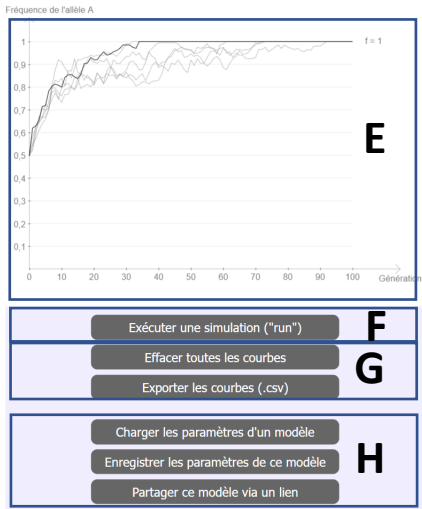


Génétique des populations avec « Gene'pop »

Présentation de l'interface

<p>A : paramètres de base du modèle Pour travailler sur un modèle d'effectif infini, saisir 0 dans le champ correspondant. Les noms des allèles peuvent être choisis librement.</p> <p>B : valeurs sélectives (« fitness ») de chaque génotype Permet de prendre en compte les effets de la sélection naturelle en saisissant les valeurs sélectives relatives (comprises entre 0 et 1) de chaque génotype.</p> <p>C : fréquences des mutations Permet de prendre en compte les effets des mutations. A → B : probabilité qu'une mutation transforme l'allèle A en allèle B. B → A : probabilité qu'une mutation transforme l'allèle B en allèle A.</p> <p>D : autres paramètres Permet notamment de définir le nombre de générations de la modélisation.</p>	<div style="border: 1px solid black; padding: 5px;"> <p style="text-align: center; margin: 0;">Géné'pop !</p> <p style="font-size: small; margin: 0;"><i>Une application pour étudier l'évolution des fréquences alléliques de populations soumises à mutations, dérive génétique et sélection.</i></p> <p style="font-size: x-small; margin: 5px 0 0 0;">Paramètres du modèle :</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; font-size: x-small;"> <tr><td>Effectif de la population (0 signifie infini) :</td><td><input type="text" value="100"/></td><td rowspan="2" style="text-align: center; vertical-align: middle;">A</td></tr> <tr><td>Nom de l'allèle 1 :</td><td><input type="text" value="A"/></td></tr> <tr><td>Nom de l'allèle 2 :</td><td><input type="text" value="B"/></td><td rowspan="2" style="text-align: center; vertical-align: middle;">B</td></tr> <tr><td>Fréquence initiale de l'allèle 1 :</td><td><input type="text" value="0,5"/></td></tr> <tr><td>Valeur sélective du génotype A/A :</td><td><input type="text" value="1"/></td><td rowspan="2" style="text-align: center; vertical-align: middle;">C</td></tr> <tr><td>Valeur sélective du génotype A/B :</td><td><input type="text" value="1"/></td></tr> <tr><td>Valeur sélective du génotype B/B :</td><td><input type="text" value="0,5"/></td></tr> <tr><td>Fréquence mutation A → B :</td><td><input type="text" value="0"/></td><td rowspan="2" style="text-align: center; vertical-align: middle;">D</td></tr> <tr><td>Fréquence mutation B → A :</td><td><input type="text" value="0"/></td></tr> </table> <p style="font-size: x-small; margin: 5px 0 0 0;">Autres paramètres :</p> <table border="1" style="width: 100%; border-collapse: collapse; font-size: x-small;"> <tr><td>Nombre de courbes simultanément à l'écran :</td><td><input type="text" value="10"/></td><td rowspan="2" style="text-align: center; vertical-align: middle;">E</td></tr> <tr><td>Nombre de générations :</td><td><input type="text" value="100"/></td></tr> </table> <p style="text-align: center; font-size: x-small; margin-top: 10px;"> <input type="button" value="Réinitialiser (valeurs par défaut)"/> CC BY-NC Philippe Cosentino </p> </div> <div style="margin-top: 10px;">  <p>E : graphique</p> <p>F : Exécuter une simulation ("run")</p> <p>G : Effacer toutes les courbes</p> <p>H : Partager ce modèle via un lien</p> </div>	Effectif de la population (0 signifie infini) :	<input type="text" value="100"/>	A	Nom de l'allèle 1 :	<input type="text" value="A"/>	Nom de l'allèle 2 :	<input type="text" value="B"/>	B	Fréquence initiale de l'allèle 1 :	<input type="text" value="0,5"/>	Valeur sélective du génotype A/A :	<input type="text" value="1"/>	C	Valeur sélective du génotype A/B :	<input type="text" value="1"/>	Valeur sélective du génotype B/B :	<input type="text" value="0,5"/>	Fréquence mutation A → B :	<input type="text" value="0"/>	D	Fréquence mutation B → A :	<input type="text" value="0"/>	Nombre de courbes simultanément à l'écran :	<input type="text" value="10"/>	E	Nombre de générations :	<input type="text" value="100"/>	<p>E : graphique Permet de suivre l'évolution de la fréquence de l'allèle n°1. Il est possible d'avoir des valeurs précises en survolant le graphique avec la souris.</p> <p>F : contrôle de la simulation Permet de lancer une simulation (ou run).</p> <p>G : gestion des courbes Permet d'effacer ou d'enregistrer les courbes obtenues (pour les ouvrir dans un tableur).</p> <p>H : opérations de fichier et de partage Permet d'enregistrer, charger ou partager le modèle créé.</p>
Effectif de la population (0 signifie infini) :	<input type="text" value="100"/>	A																											
Nom de l'allèle 1 :	<input type="text" value="A"/>																												
Nom de l'allèle 2 :	<input type="text" value="B"/>	B																											
Fréquence initiale de l'allèle 1 :	<input type="text" value="0,5"/>																												
Valeur sélective du génotype A/A :	<input type="text" value="1"/>	C																											
Valeur sélective du génotype A/B :	<input type="text" value="1"/>																												
Valeur sélective du génotype B/B :	<input type="text" value="0,5"/>																												
Fréquence mutation A → B :	<input type="text" value="0"/>	D																											
Fréquence mutation B → A :	<input type="text" value="0"/>																												
Nombre de courbes simultanément à l'écran :	<input type="text" value="10"/>	E																											
Nombre de générations :	<input type="text" value="100"/>																												

Préparer le modèle

- Saisir l'effectif du modèle (0 = modèle d'effectif infini).
- Saisir le nom des 2 allèles étudiés.
- Saisir la fréquence initiale de l'allèle 1.
- (facultatif) Saisir le nombre de générations souhaitées.

Lancer une simulation (run)

- Cliquer le bouton « Exécuter une simulation » pour simuler l'évolution de la fréquence allélique en fonction des paramètres choisis pour le modèle.
- Chaque appui sur ce bouton lancera une nouvelle simulation ; les courbes obtenues se superposent à l'écran.
- Cliquer sur « Effacer toutes les courbes » pour repartir sur un graphique vierge.

Mise en évidence des effets de la dérive génétique

- Préparer le modèle.
- Lancer plusieurs simulations en faisant varier la valeur de l'effectif.
- Rappel : saisir la valeur 0 pour un effectif infini.

Remarque : le modèle considère que la population est panmictique, hermaphrodite (il n'y a pas de mâles et de femelles) et que l'autofécondation est possible.

Mise en évidence des effets des mutations

- Préparer le modèle.
- Saisir la probabilité qu'une mutation transforme l'allèle A en allèle B.
- Saisir la probabilité qu'une mutation transforme l'allèle B en allèle A.
- Lancer une simulation.

Remarque : seules les mutations A → B et B → A sont envisagées. Il s'agit d'une des limites de cette modélisation.

Mise en évidence des effets de la sélection naturelle

- Préparer le modèle.
- Choisir de préférence un effectif infini (sauf si l'on souhaite combiner les effets de la dérive génétique) en saisissant la valeur 0.
- Saisir les valeurs sélectives relatives (ou valeurs adaptatives ou « fitness ») correspondant à chaque génotype :
 - La valeur 1 sera toujours attribuée au(x) génotype(s) le(s) plus avantageux.
 - La valeur 0 sera attribuée à un génotype léthal ou ne permettant pas la reproduction.
 - Une valeur intermédiaire (par exemple 0,5) sera attribuée pour les autres génotypes.
- Lancer une simulation

Remarque : ces valeurs correspondent aux valeurs sélectives relatives, et sont donc comprises entre 0 et 1. Elles représentent le rapport entre la valeur sélective absolue ($N_{descendants} / N_{parents}$) et la valeur sélective moyenne de la population.