

# Dépression de consanguinité et diversité des systèmes de reproduction chez les plantes

---

**Emmanuelle Porcher**

Laboratoire Conservation des  
Espèces, Restauration et Suivi des  
Populations

Muséum national d'Histoire naturelle

# Systeme de reproduction

---

- Ensemble des caractéristiques qui influencent le choix du (des) partenaire(s) pour la reproduction sexuée
  - Animaux



*Monogamie*



*Polygamie*

- Le système de reproduction influence :
  - La dynamique et les probabilités d'extinction des populations
  - La structure spatio-temporelle de la diversité génétique
  - La dynamique évolutive des populations

# Chez les plantes à fleurs

---

- Se reproduire avec soi-même ou avec d'autres ?



Autofécondation

vs.



Allofécondation

⇒ **Grande diversité des systèmes de reproduction**

# Co-évolution plantes pollinisateurs ⇒ Diversité des morphologies florales



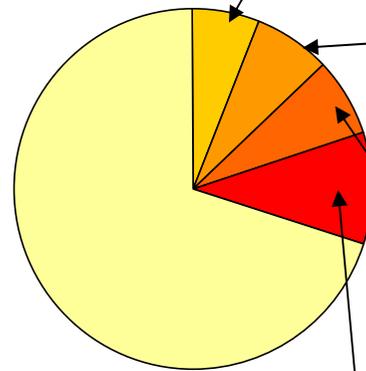
# Diversité des distribution des genres

- Mâle/femelle sur la même plante / entre plantes



Hermaphrodisme  
≈ 70 %

**+ Auto-incompatibilité**



Dioécie  
≈ 5 %



Monoécie  
≈ 7 %

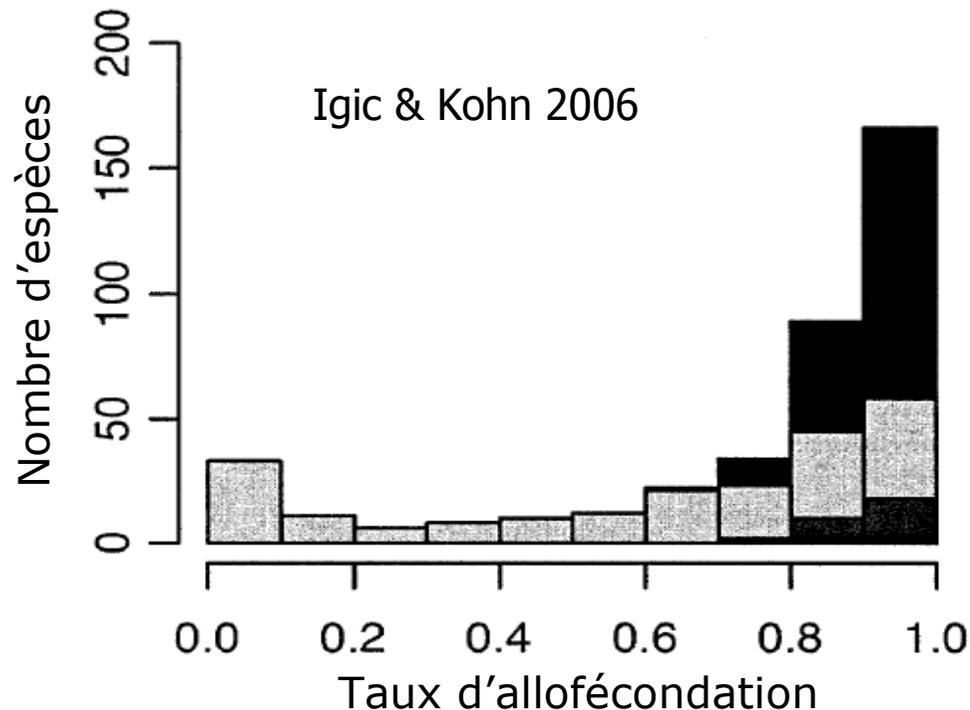


Gyno/Andro-dioécie  
≈ 7 %



Autres  
≈ 10 %

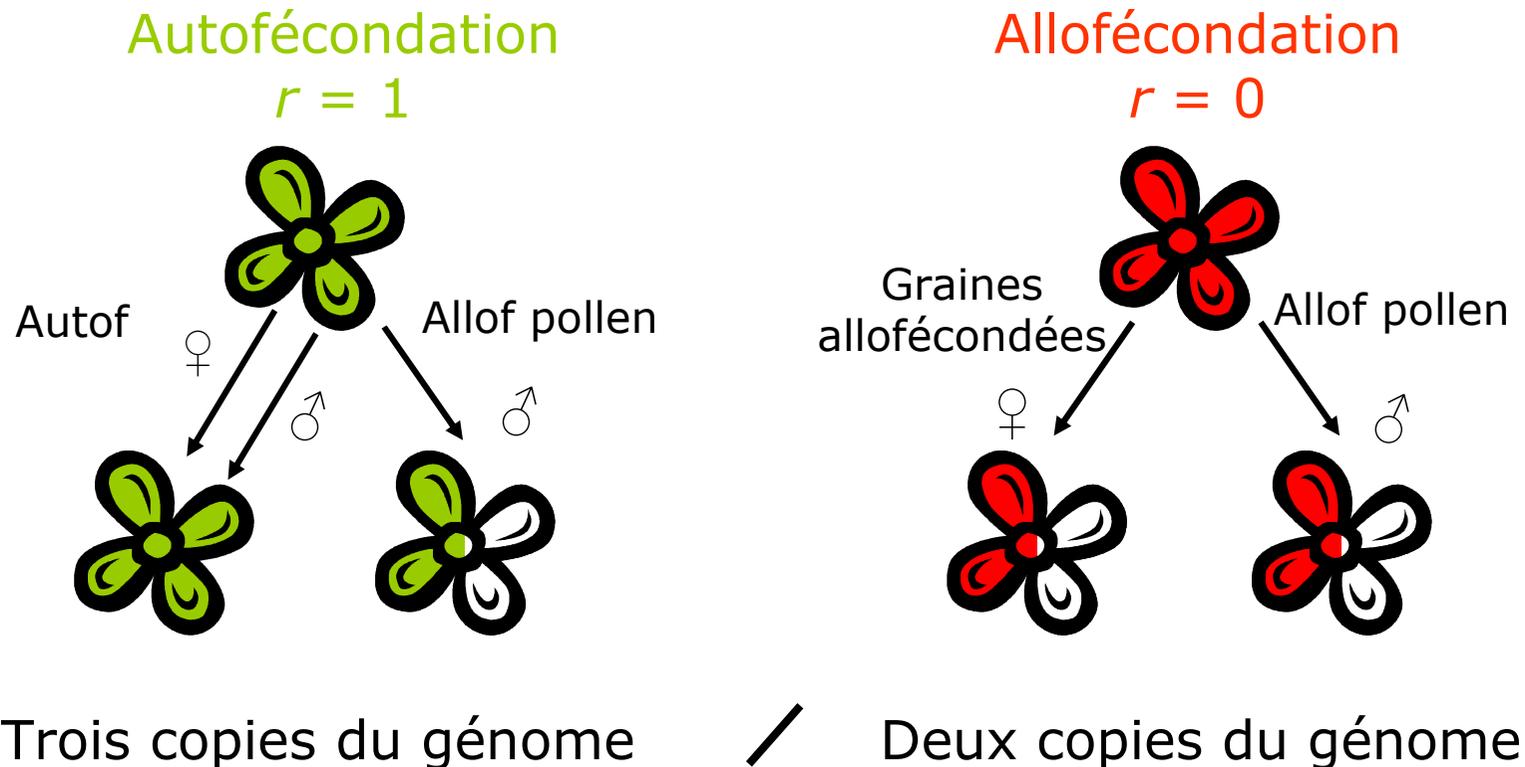
# Distribution des taux d'allofécondation



- Mécanismes d'évolution des systèmes de reproduction ?
  - Évolution de l'auto-incompatibilité
  - Rôle des interactions plantes-pollinisateurs
  - **Évolution des taux d'autofécondation**

# Forces évolutives contrôlant l'évolution du taux d'autofécondation

- L'avantage automatique de l'autofécondation



- Avantage de **50 %** pour les autogames stricts ( $r = 1$ )

# Forces évolutives contrôlant l'évolution du taux d'autofécondation

---

- La dépression de consanguinité
  - Diminution de valeur sélective des individus issus d'autofécondation par rapport aux individus issus de croisement

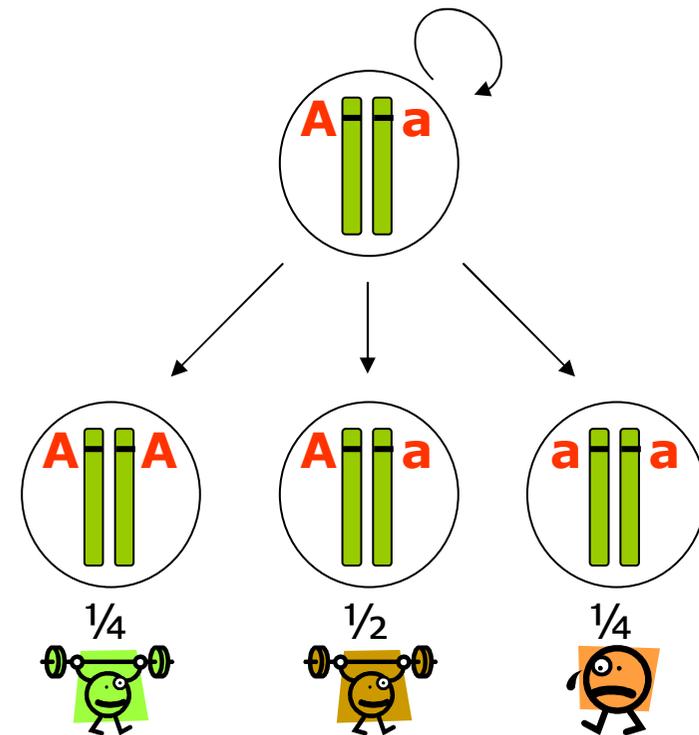
$$\delta = (w_o - w_r) / w_o = 1 - w_r / w_o$$



# Les modèles classiques de dépression de consanguinité

- La dépression de consanguinité est due à des mutations délétères partiellement récessives, apparaissant au taux  $u$

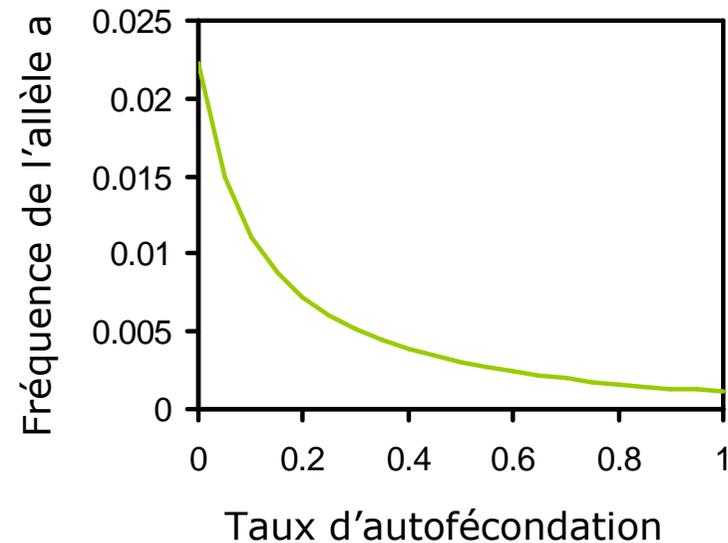
Génotype	AA	Aa	aa
Valeur sélective	1	$1-hs$	$1-s$



# Modèle à un locus

- A l'équilibre, dans une population de taille infinie avec un taux d'autofécondation  $r$

$$f(a) \approx \frac{u(2-r)}{s[r+2h(1-r)]}$$

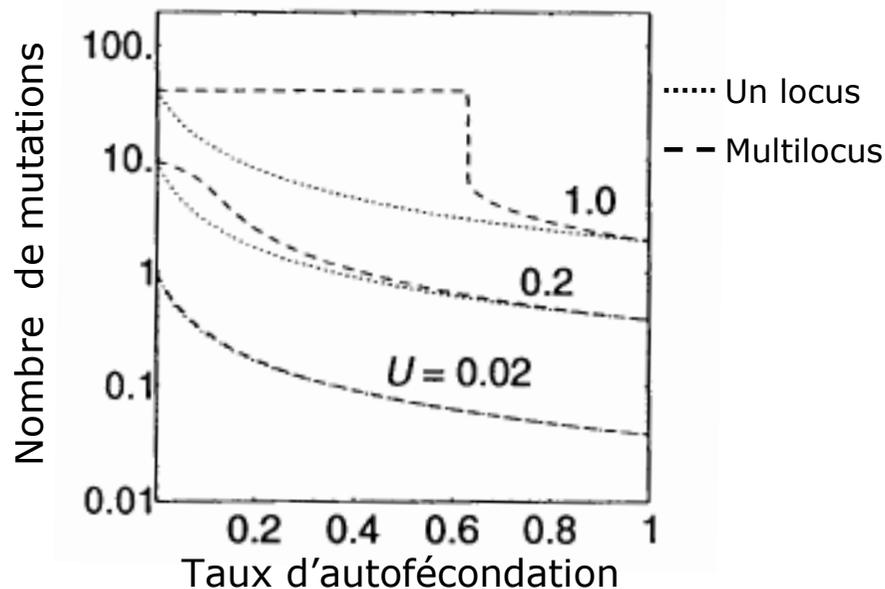


⇒ **Purge des allèles délétères par l'autofécondation**

# Modèle multilocus (Kondrashov 1985)

- Population de taille infinie
  - Mutation à un nombre infini de locus
  - Chaque allèle délétère est infiniment rare
- } ⇒ Allèles délétères homozygotes seulement par autofécondation

## □ Interférences entre locus



⇒ Effet sur la purge des allèles délétères

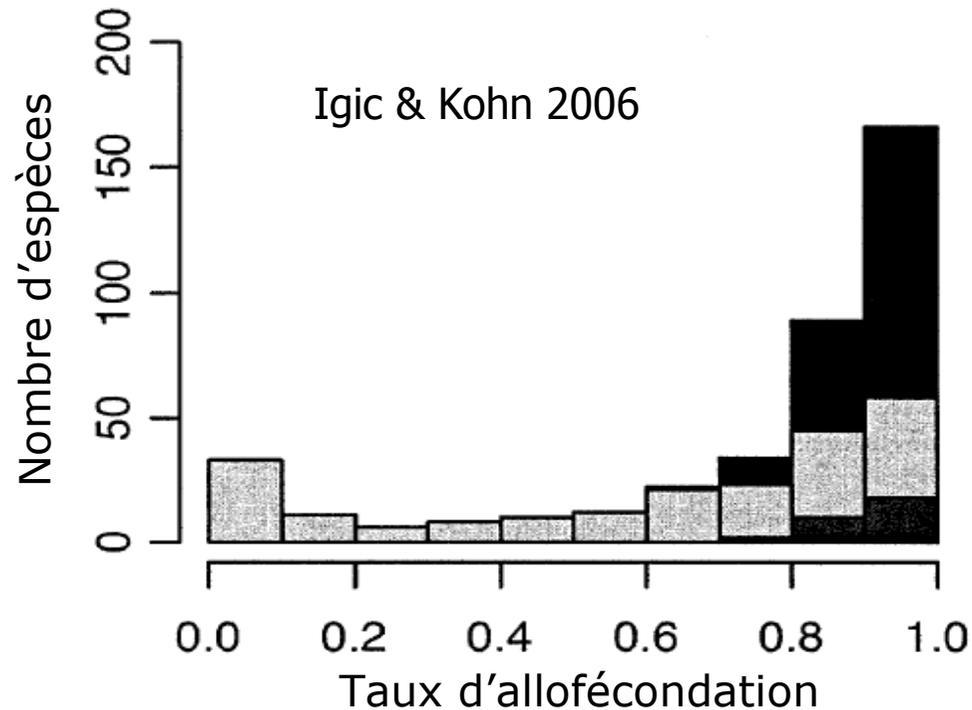
## □ Systèmes de reproduction évolutivement stables

- Dichotomie
- Si  $\delta > 0.5$ , l'allofécondation complète est favorisée
- Si  $\delta < 0.5$ , l'autofécondation complète est favorisée

⇒ Pas de systèmes de reproduction « mixtes »

# Pour aller plus loin...

---



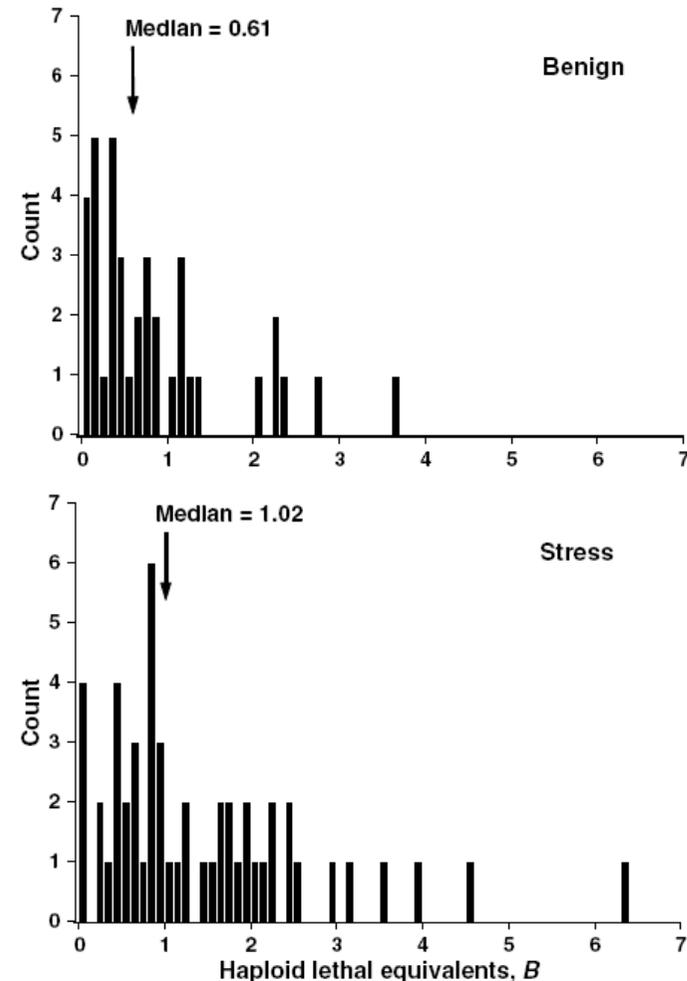
- Variabilité environnementale
- Effet des croisements entre apparentés

# Variabilité environnementale de la dépression de consanguinité



# Dépression de consanguinité en environnement variable

- Les effets des mutations dépendent de l'environnement (interactions GxE)
- La dépression de consanguinité dépend de l'environnement
- Variabilité temporelle de l'environnement  $\Rightarrow$  variabilité temporelle de la dépression de consanguinité



# Évolution du taux d'autofécondation $r$ en environnement variable

## □ Dynamique adaptative

- Valeur sélective d'un mutant sur une génération

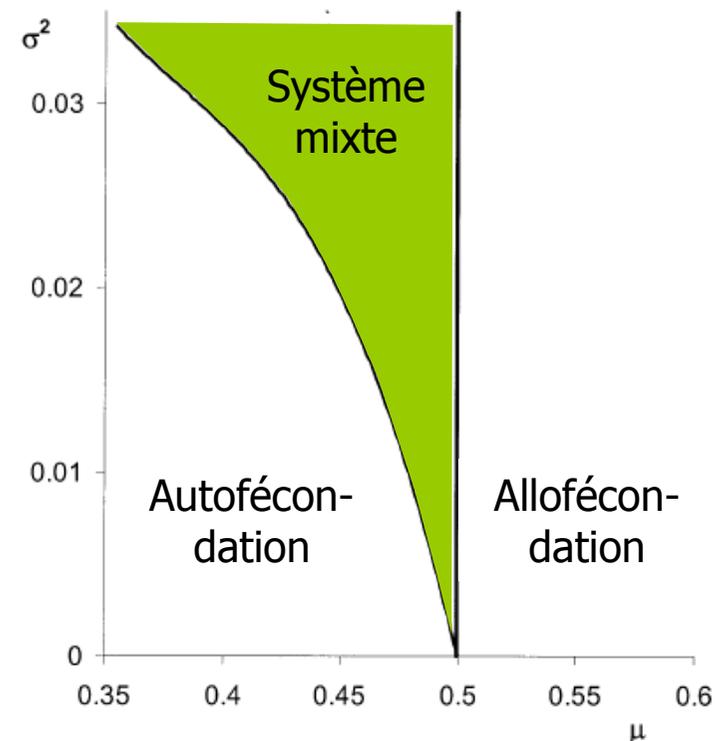
$$w_t(r^*, r) \propto r^* (1 - \delta_t) + \frac{1 - r^*}{2} + \frac{1 - r}{2}$$

- Valeur sélective sur le long terme

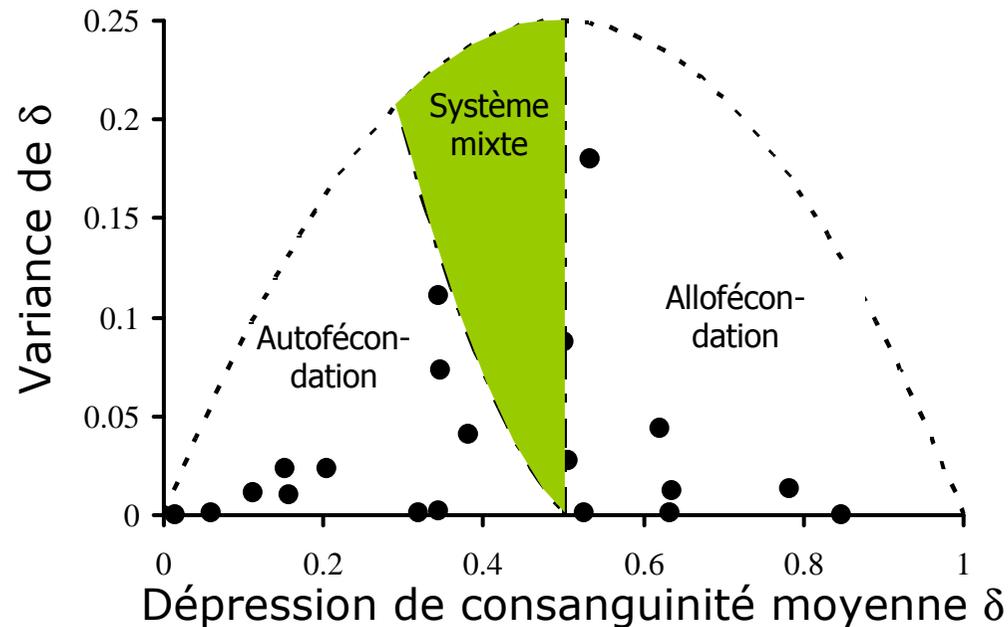
$$w(r^*, r) = E \left[ \text{Ln} \left( w_t(r^*, r) \right) \right]$$

- Gradient de sélection

$$\left. \frac{\partial w}{\partial r^*} \right|_{r^*=r} \approx \frac{0.5 - \mu}{1 - \mu r} - \frac{(1 - r/2)r}{(1 - \mu r)^3} \sigma^2$$



# Environnement variable et bases génétiques de la dépression

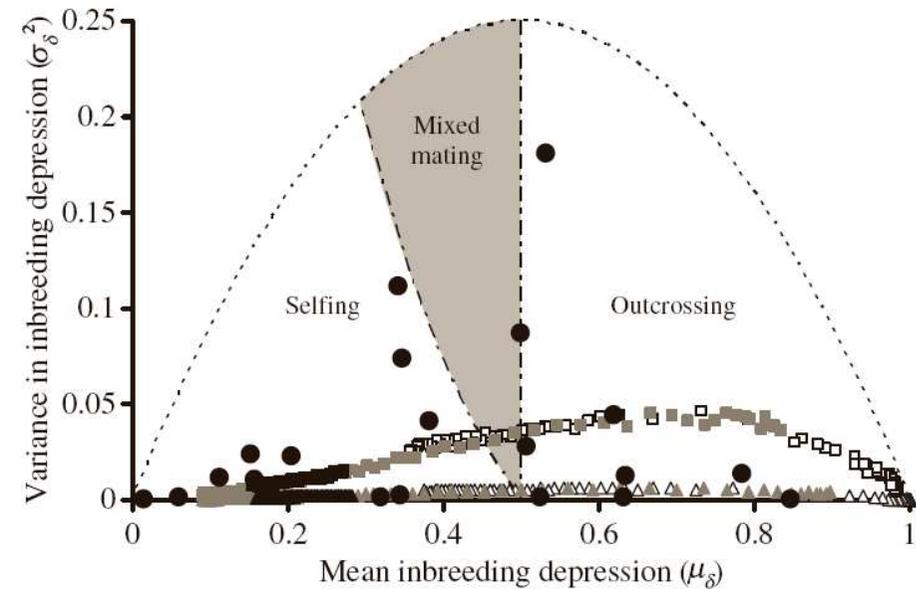
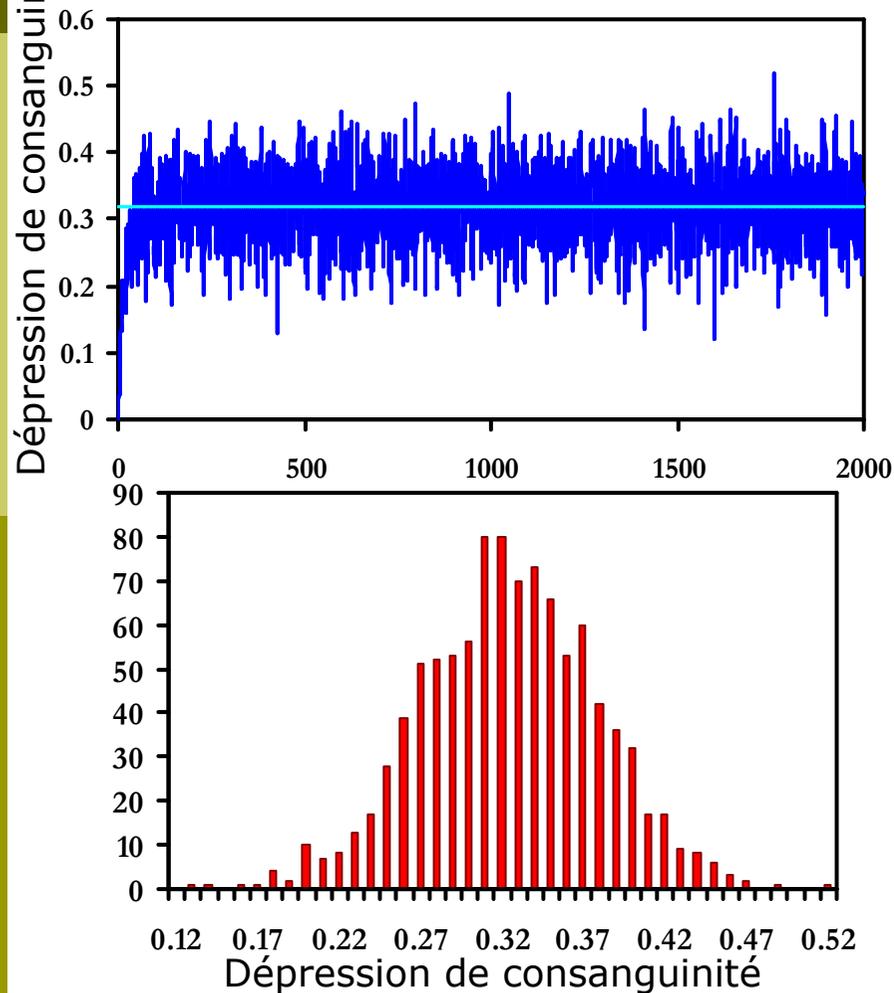


- Avec de la purge de la dépression de consanguinité
  - Modèle de Kondrashov avec une infinité de locus
  - Toutes les mutations ont le même effet sur la fitness,  $s$
  - L'effet des mutations est variable d'une génération à l'autre

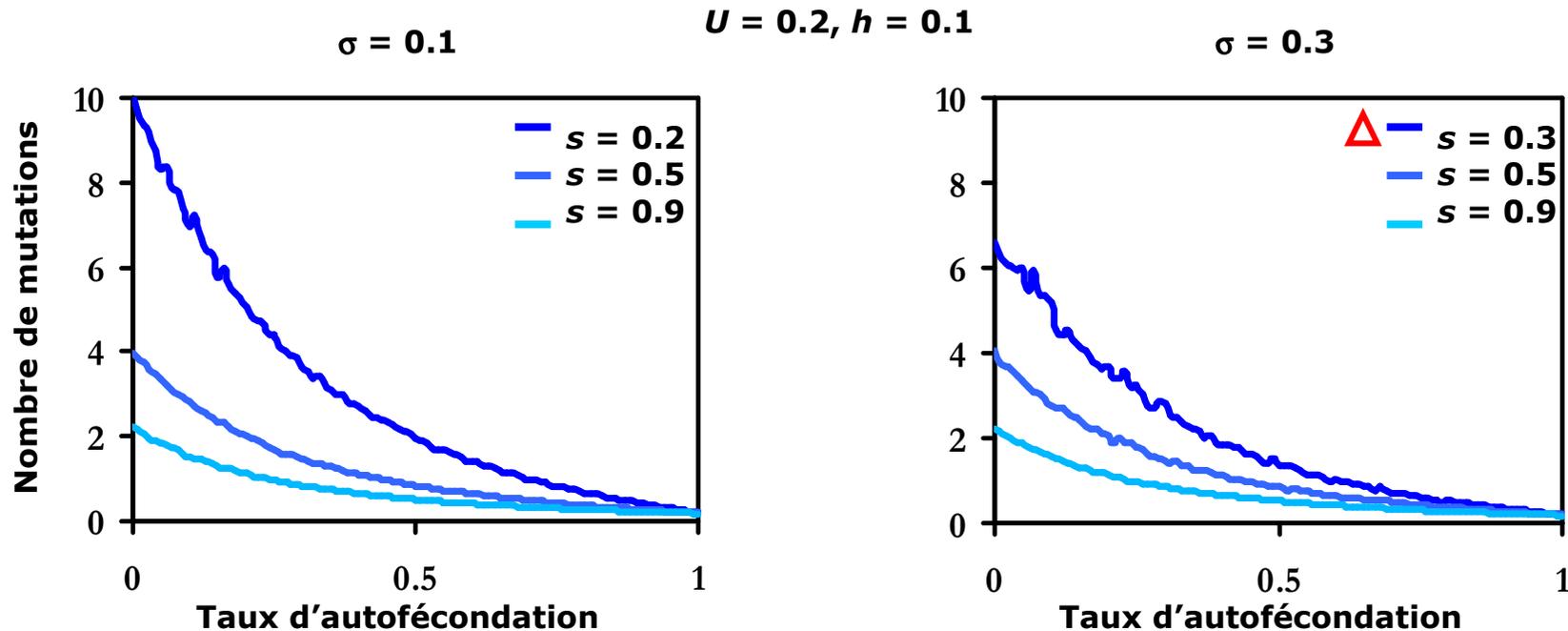
$$N(\mu_s, \sigma_s^2)$$

# Dépression de consanguinité observée

## □ Variabilité temporelle



# Purge de la dépression de consanguinité en environnement variable



- Purge efficace même en environnement variable
- Fort feedback positif
- $\Rightarrow$  Les seuls systèmes de reproduction évolutivement stables sont :
  - L'autofécondation
  - L'allofécondation

# Perspective : que se passe-t-il dans les petites populations ?



# Dans les populations de taille finie

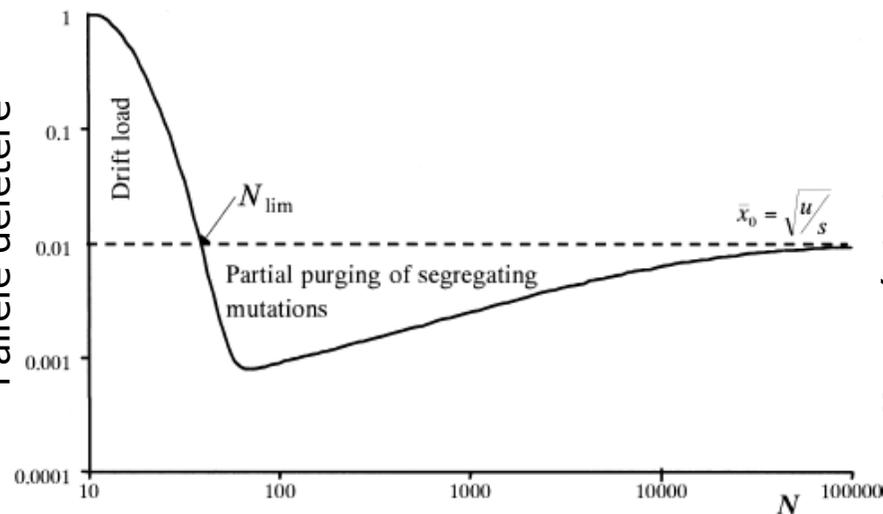
- Les mutations délétères récessives peuvent être exposées à la sélection (homozygotes) même en l'absence d'autofécondation
  - Panmixie  $F(aa) = f(a)^2$

- Dérive génétique (Glémin 2003, un locus)

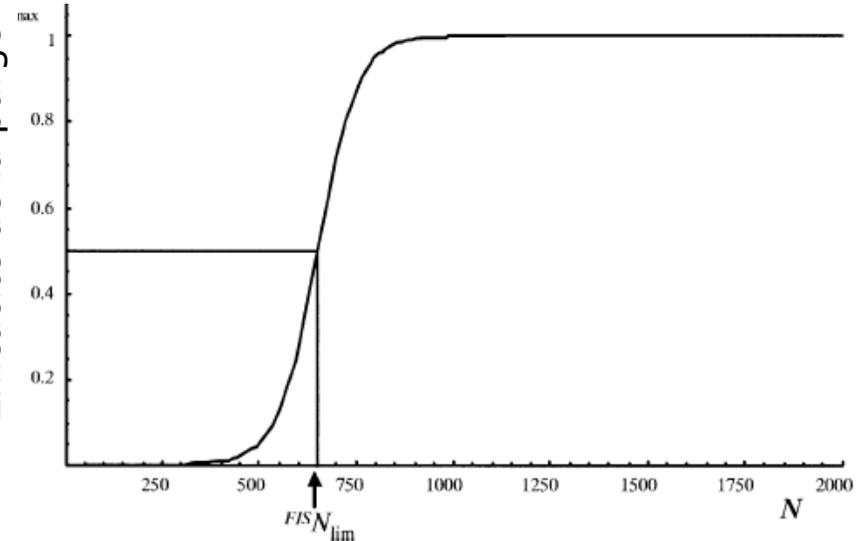
- Purge des allèles délétères

- Interaction avec le système de reproduction

Fréquence moyenne de l'allèle délétère



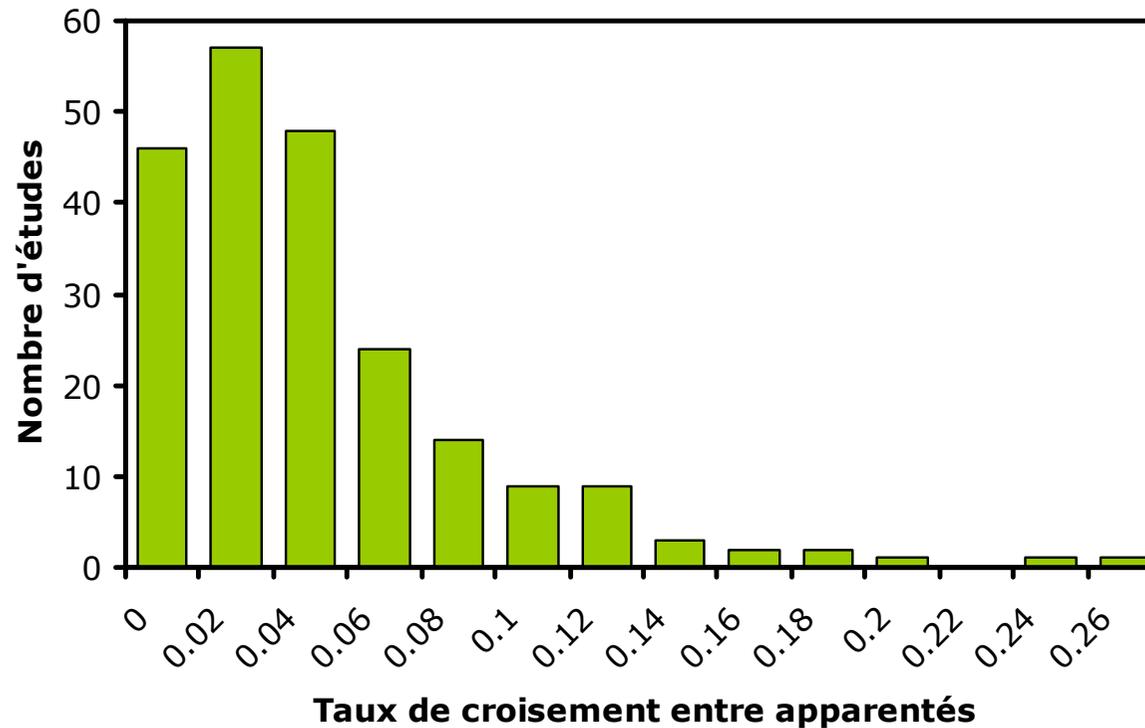
Efficacité de la purge



- Croisements entre apparentés

# Croisements entre apparentés

- Dans les populations naturelles
  - 3.5% des croisements en moyenne



# Modélisation des croisements entre apparentés

- Modèle de Kondrashov sur deux générations
  - Population de taille infinie, mutation à un nombre infini de locus
  - Taux de croisement entre plein frères (ou demi-frères)

