Alix Helme-Guizon, lycée Le Fresne Angers

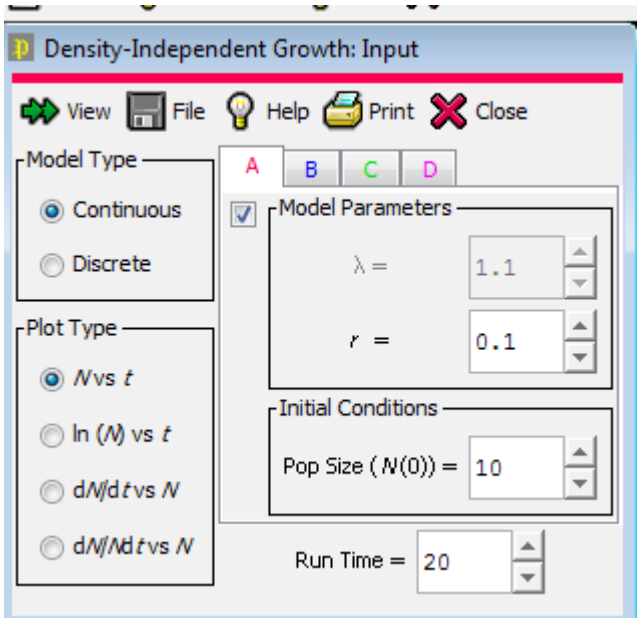
Fiche d'utilisation du logiciel POPULUS

1) Ouvrir le Logiciel

Parcourez le chemin :Ordinateur/Laboratoires/Biologie/BCPST/
Cliquez sur « PopulusAll »

2) Menu « Model »

- vous y choisissez le modèle mathématique voulu. Il y a 2 à 3 subdivisions.
  Une fenêtre apparaît :
- Choisissez le type de modèle dans « Model Type »
- **Vous pouvez tracer jusqu'à courbes de paramètres différents, en précisant ces paramètres dans les onglets A,B,C et D.**
- « Run time » est le nombre de générations étudiées
- Choisissez le type de représentation avec « Plot Type »
- Appuyez sur « **View** » pour obtenir le tracé



3) Sauver : Cliquez sur la disquette à côte de « File »
   - « save inputs to file » sauve les paramètres
   - « save outpouts data to texte file » sauve les valeurs obtenues dans un fichier texte (pour un tracé dans un autre logicile)
   - « save output graph to file » sauve votre graphique sous forme d'image
   - « save inputs as a picture » sauve la fenêtre des paramètres sous forme d'image.

4) **Help** donne les détails des hypothèses ayant servi à construire le modèle mathématique, dont certains sont résumés ici :

   -Multi-species dynamics/ **Lotka Volterra compétition**
   Ce modèle utilise une équation logistique pour chaque espèce.
   « α » est le coefficient de compétition de la population 2 par rapport à la population1, qui définit la part de K1 utilisée par un individu de la population2.
   « β » est le coefficient de compétition de la population 1 par rapport à la population2, qui définit la part de K2 utilisée par un individu de la population1.

$$\frac{dN_1}{dt} = r_1 N_1 \left(\frac{K_1 - (N_1 + \alpha N_2)}{K_1} \right)$$

$$\frac{dN_2}{dt} = r_2 N_2 \left(\frac{K_2 - (N_2 + \beta N_1)}{K_2} \right)$$

- Mendelian Genetics / **Genetic drift/ Monte carlo** modélise la dérive génétique par tirage aléatoire parmi les allèles de la génération précédente.
- Mendelian Genetics /**Inbreeding** calcule le taux de consanguinité F d'une population qui évolue par dérive génétique seule (Monte carlo). F_t est le coefficient de consanguinité dans une génération (voir équation) ci -dessous). En utilisant des tirages aléatoires, on calcule F_a est le degré d'homozygotie d'individus d'une même lignée généalogique, F_f est le degré d'homozygotie de la population entière.

$$F_t = 1 - \left(1 - \frac{1}{2N}\right)^t$$

- Mendelian Genetics **/Drift and selection** calcule les fréquences alléliques en tenant compte de la dérive <u>et</u> de la sélection.
  w_{AA} indique la valeur sélective relative du génotype AA. Cela permet de calculer les fréquences alléliques à la prochaine génération t+1, avec p(t) la fréquence de A et q celle de a à la génération t :

$$p_{t+1} = (p_t)\frac{p_t w_{AA} + q w_{Aa}}{p_t^2 w_{AA} + 2 p_t q_t w_{Aa} + q_t^2 w_{aa}}$$

- Natural selection/**Selection on a Diallelic Autosomal Locus.** Il n'y a pas de dérive génétique dans ce modèle.
  w_{AA} indique la valeur sélective relative du génotype AA.

- Natural selection/**Selection on a Multi-Allelic Locus :** input

colonne1 : cocher les valeurs utilisées pour le calcul
colonne 2 : cocher les valeurs utilisées pour le graphique
Tableau : rentrer les valeurs des génotypes

...	...	I...	...	1	2	3	4	5	6
☑	☑	0.67	1	0.89	1.0	0.89	1.0	1.0	1.0
☑	☑	0.12	2	1.0	0.2	0.7	1.0	1.0	1.0
☑	☑	0.21	3	0.89	0.7	1.31	1.0	1.0	1.0
☐	☐	0.0	4	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0
☐	☐	0.0	5	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0
☐	☐	0.0	6	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0	1.0

	1=A	2=S	3=C
A	Valeur sélective relative de AA	Valeur sélective relative de AS	Valeur sélective relative de AC
S		Valeur sélective relative de SS	Valeur sélective relative de CS
C			Valeur sélective relative de CC

- Natural selection/**Handicap Sexual Selection/ Andersson**
  soit α la fitness de base.
  soit p la fréquence de A, qui confère au mâles des ornements. Ces ornements (comme une très longue queue chez les oiseaux) handicapent le mâle.On note β la fitness supplémentaire pour l'absence de cet ornement (C'est donc l'inverse du handicap). Le génotype *aa* a une fitness de $\alpha+\beta$.

Soit q la fréquence de B, qui confère aux deux sexes une plus forte probabilité de se reproduire. On note ε la fitness supplémentaire pour l'absence de cet ornement. Le génotype *BB* ou *Bb* a une fitness de $\alpha+\varepsilon$. Le mâle ne peut développer des ornements que s'il est en bonne santé, et donc possède l'allèle B.
Soit r la fréquence d'un allèle C qui fait que les femelles choisissent un mâle avec ornement. Si elles ont le génotype cc, le choix du mâle se fait au hasard.

– Natural selection/ **frequency dependance selection**
  En situation de panmixie, on suppose que la fitness des génotypes dépend de leur interaction avec d'autres, selon le tableau :

		Interacting with:		
		AA	*Aa*	*aa*
	AA	w_1	w_2	w_3
Fitness of:	*Aa*	w_4	w_5	w_6
	Aa	w_7	w_8	w_9

-Natural selection/ Density dependent selction w/Genetic variation
Ce modèle repose sur une croissance logistique, mais la fitness des allèles dépend de leur densite.

$$w_{AA} = 1 + r_{AA} - \frac{r_{AA}}{K_{AA}} N$$

– **Interaction engine**
  Vous rentrez vous-mêmes les équations différentielles régissant la croissance d'une ou plusieurs populations.Vous définissez les valeurs des paramètres, et vous pouvez les faire varier.