

## Résumé pour non-initié·es

Un **trait**, c'est n'importe quelle caractéristique mesurable d'un organisme : taille, vitesse à la course, record de hot-dogs avalés en une heure, etc. Si je mesure un trait dans une population, je dirai que c'est un **trait quantitatif** s'il n'y a pas de grandes catégories de traits (par opposition par exemple au cérumen qui chez les humains est soit sec soit humide, mais jamais entre les deux). En général, un trait quantitatif est **polygénique**, c'est-à-dire qu'il est influencé par beaucoup de gènes. Plus précisément, cela signifie qu'une grande partie des positions du génome (qu'on appelle loci, locus au singulier), si elles mutaient chez un organisme, modifieraient la valeur de son trait.

### Le modèle

On s'intéresse à une grande population où chaque organisme a un trait (la taille) et beaucoup de gènes. Chaque gène est soit un gène « grand » (noté +), soit un gène « petit » (noté -) : la taille de l'organisme est obtenue en comptant le nombre de gènes + qu'il possède. Chaque année, tout le monde se reproduit puis meurt. Les forces évolutives qui nous intéressent sont :

- La **mutation** : quand un organisme mute, un de ses gènes (+ ou -) est remplacé par un nouveau gène (+ ou -) au hasard.
- La **recombinaison** : quand deux organismes se reproduisent, leurs descendants récupèrent certains gènes du père et le reste de la mère. La « recombinaison » désigne ce phénomène de brassage, de mélange des gènes.
- La **sélection** : la probabilité qu'un organisme réussisse à se reproduire dépend de si cet organisme est adapté ou non, ce qui est mesuré par sa **valeur sélective** (*fitness* en anglais). En sélection stabilisante (qui nous intéresse ici), on considère qu'un organisme est adapté s'il a la bonne taille (ni trop grand, ni trop petit).
- La **dérive génétique** (*genetic drift*) : le fait qu'un organisme réussisse à se reproduire dépend de sa valeur sélective, mais aussi du hasard. La dérive génétique désigne le rôle du hasard dans l'évolution.

### Les paramètres

Le taux de mutation  $\mu$  (ou  $\theta$ ), la force de la sélection  $\omega^2$ , la taille de population  $N$ , le nombre de loci  $L$ , l'effet d'un locus sur le trait  $\alpha$ .

### Ce qu'on regarde

On regarde un locus (une position dans le génome), et on compte la fréquence de la population qui a le gène + à cette position. On veut décrire comment cette fréquence  $P_t$  évolue dans le temps.

### Le résultat

En utilisant le fait que la population est grande (beaucoup d'organismes), on peut écrire une équation (dite *de diffusion*) pour l'évolution de  $P_t$ . L'évolution de  $P_t$  (qui décrit ce qui se passe à une position du génome) dépend du reste du génome : s'il y a trop de gènes + dans la population,  $P_t$  a tendance à augmenter, s'il y a trop de gènes - dans la population,  $P_t$  a tendance à baisser. Donc l'évolution de  $P_t$  dépend du **comportement moyen** du reste du génome. Comme le nombre de gènes de chaque organisme est grand, ceci nous permet de faire une approximation dite de **champ moyen**. Grâce à cette approximation, on peut prédire théoriquement l'évolution de la population.

### Le reste de la discussion

Il y aura deux axes à la discussion de ce résultat. Le premier est une preuve mathématique. Pour obtenir celle-ci, nous sommes malheureusement obligés de faire des simplifications qui sont très irréalistes du point de vue biologique (très très grande population, fort taux de mutation, sélection faible). Si l'on ne fait pas ces simplifications, nous pensons que le résultat est toujours valable, mais nous ne parvenons pas encore à le démontrer.

Le second axe est une exploration moins rigoureuse (non mathématiquement exacte) de la validité de notre approximation, basée notamment sur des simulations et des approximations de physiciens.