

# Le Petit Pois Dérivé

BULLETIN DE LIAISON DU "GROUPE DE BIOLOGIE DES POPULATIONS". JUIN 79

## PRESENTATION

La table ronde organisée les 26, 27 et 28 avril derniers à Seillac a été l'occasion pour les généticiens des populations français de se connaître et de nouer des contacts. L'ensemble des participants a en effet décidé de renouveler cette première expérience lors de congrès annuels du "Groupe de Biologie des Populations" organisés à tour de rôle par chaque laboratoire.

Mais il est apparu à beaucoup que l'intérêt de cette rencontre ne résidait pas seulement dans les communications publiques. Nombre de discussions, sans doute moins "scientifiques", mais néanmoins utiles ont commencé à s'engager : recettes techniques, débats, points de vue sur la génétique des populations, etc...

Trois journées de rencontres entre des gens se connaissant encore à peine n'ont guère épuisé les thèmes de discussion. C'est pourquoi nous avons eu l'idée de ce bulletin informel, peut-être plus à même de favoriser les échanges et mettre certaines informations en commun dans l'"entre-deux-congrès".

En discutant avec les chercheurs d'autres laboratoires, nous avons constaté un besoin similaire d'informations de nature si variée que l'on ne peut que les énumérer :

- comptes rendus de la vie des laboratoires. Annonce des thèses à soutenir et des programmes de séminaires.
- informations sur les programmes informatiques, sur l'électrophorèse, ou autre techniques.
- Liste des souches de laboratoire disponibles.
- Information sur les divers enseignements, leurs débouchés, les TP ou TD réalisables.
- petites annonces (professionnelles, de matériel, de départs en mission, etc...).
- Courrier des lecteurs et débats. Constitution de groupes de réflexion.
- Revues bibliographiques. Résumé des thèses soutenues.
- ... et on en oublie certainement !

Nous ne savons pas si ce bulletin répond à un souhait général , mais il sera aisé de le savoir . Nous le lançons dans la foulée de Seillac . S'il vit , c'est qu'il correspond à un besoin réel . En effet , nous n'avons pas l'intention de l'écrire nous-mêmes , mais de nous limiter à regrouper les textes qui nous seront envoyés pour y figurer .

Afin de le lancer , nous créons une rubrique permanente sur les thèses et les séminaires annoncés , et deux questionnaires , l'un sur les enseignements de génétique des populations de la rentrée 1979-80 , et l'autre pour la constitution d'une bibliothèque de programmes informatiques adaptés à la Génétique des Populations .

Mais ce que nous souhaitons surtout , c'est recevoir du courrier , beaucoup de courrier , qu'il s'agisse de suggestions sur le bulletin , ou de toute chose qu'il vous semblerait utile de communiquer à l'ensemble de vos collègues .

Nous joignons un auto-collant à l'adresse du laboratoire de Gif pour vous enlever toute excuse dans le cas improbable où vous ne nous écririez pas .

Vous pouvez prendre votre plume pour de simples suggestions , mais tapez à la machine les textes à publier dans le bulletin afin de nous faciliter la tâche ( format 21x29,7 ; pour la présentation , guidez vous sur ce numéro ).

Nous avons pu tirer ce bulletin sans frais , et il est distribué à tous les participants de Seillac . Si vous connaissez d'autres personnes intéressées par la Biologie des Populations et ce bulletin , faites le nous savoir .

Enfin , notez bien que le " Petit Pois Dérivé " , comme son nom l'indique , n'est pas une revue et n'a pas l'intention d'en devenir une . D'ailleurs , il ne sera pas indexé aux " Current Contents " ...

F.L.,J.R., M.V.

---

\*  
-----

## POUR NOUS ECRIRE

F.Lemeunier , J.Rouault ou M.Veuille ( au choix ! )  
P.P.D.  
Laboratoire de Biologie et de Génétique  
Evolutives  
C.N.R.S. 91190 Gif-surYvette

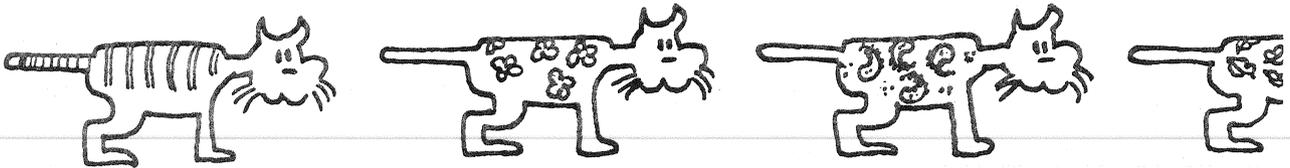
---

Ont contribué à ce bulletin :  
Nicole Feingold (INSERM),Françoise Lemeunier,Jacques Rouault,Michel Veuille  
( CNRS-Gif ) .

## SEMINAIRES

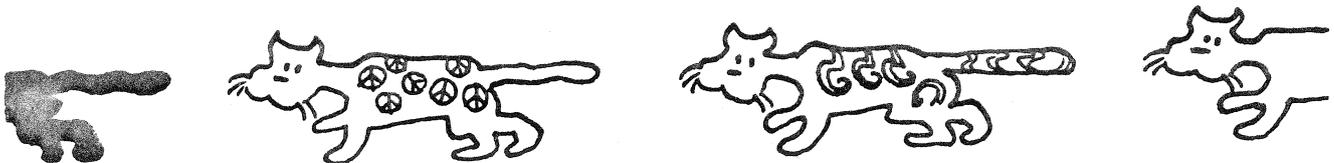
De nombreux séminaires se tiennent dans des laboratoires , des instituts , ou à l'occasion de visites de chercheurs étrangers ( par exemple , le Collège de France a reçu Kimura en 1977 et E.Mayr en 1978 pour une série de conférences ) .

Nous souhaitons connaître , suffisamment tôt pour les retransmettre à temps , la date et le titre des séminaires prévus , et notamment les cycles de séminaires projetés pour l'année universitaire 1979-80.



## ENSEIGNEMENTS 79/80

Nous aimerions constituer pour la rentrée un dossier présentant l'éventail des enseignements de biologie des populations en France, en précisant leurs options dans la mesure du possible. Pour cela, nous souhaiterions que les enseignants nous envoient avant septembre les programmes des différents cours.



## PROGRAMMATHEQUE

Il est de plus en plus fait appel à l'informatique, tant pour élaborer des modèles théoriques que pour interpréter des données expérimentales. La spécificité des problèmes abordés en génétique des populations implique l'élaboration de logiciels adaptés. Plusieurs laboratoires en France ont développé leurs propres programmes. Aussi, il nous paraît utile qu'un généticien des populations ayant un problème à traiter puisse bénéficier des procédures déjà mises au point ou de l'expérience acquise.

Nous proposons à ceux d'entre vous qui ont des programmes qui "tournent" de nous envoyer leurs fiches techniques présentées comme l'exemple ci-joint, s'ils acceptent que nous les fassions connaître.

## PROGRAMMATHEQUE : EXEMPLE

### 1) NOM DU PROGRAMME : POLYDULE

Programmeur : J. Rouault  
Adresse : Laboratoire de Biologie et Génétique Evolutives, CNRS,  
91 190 Gif-sur-Yvette . Tel 907 78 28 poste 386 .  
Langage : PL/1  
Matériel : IBM 370 / 168 + 168 du CIRCE à ORSAY  
Taille du programme source : 2 500 cartes , 1654 instructions  
Temps de compilation : 1 minute environ  
Région demandée à l'exécution : 300 K-octets  
Notice : existe à l'état de manuscrit  
Disponibilité : 1) langage source (cartes)  
2) compilé au CIRCE (disque en set-up)

### 2) OBJET DU PROGRAMME

Le programme POLYDULE permet de visualiser la distribution de plusieurs populations en évitant l'hypothèse simplificatrice et implicite, totalement irréaliste en biologie des populations, de l'égalité des variabilités propres à chaque groupe. Les axes factoriels sont définis à partir des variables de départ, soit telles quelles ( diagrammes de corrélation ), soit après transformation ( combinaisons linéaires, ... ). Ce programme est particulièrement adapté à l'interprétation des analyses de données multidimensionnelles, bien qu'il ne les effectue pas lui-même. Si les données sont structurées en groupes, il est possible de demander le "positionnement" des points moyens et le tracé des ellipses d'équidensité associées à différentes probabilités.

### 3) OPTIONS

La fenêtre logique ( valeurs extrêmes des abscisses et ordonnées ) peut être définie par les points extérieurs ou des valeurs imposées. La fenêtre physique peut varier d'une page à 3x3 pages ou plus. Un cadre constitué des numéros de lignes et de colonnes permet de faire un collage ultérieur précis et de repérer sans ambiguïté les individus extérieurs au tracé ou les superpositions. Les individus projetés peuvent être identifiés par leur code individuel, leur code groupe, ou les deux. Les sorties peuvent être publiées telles quelles.

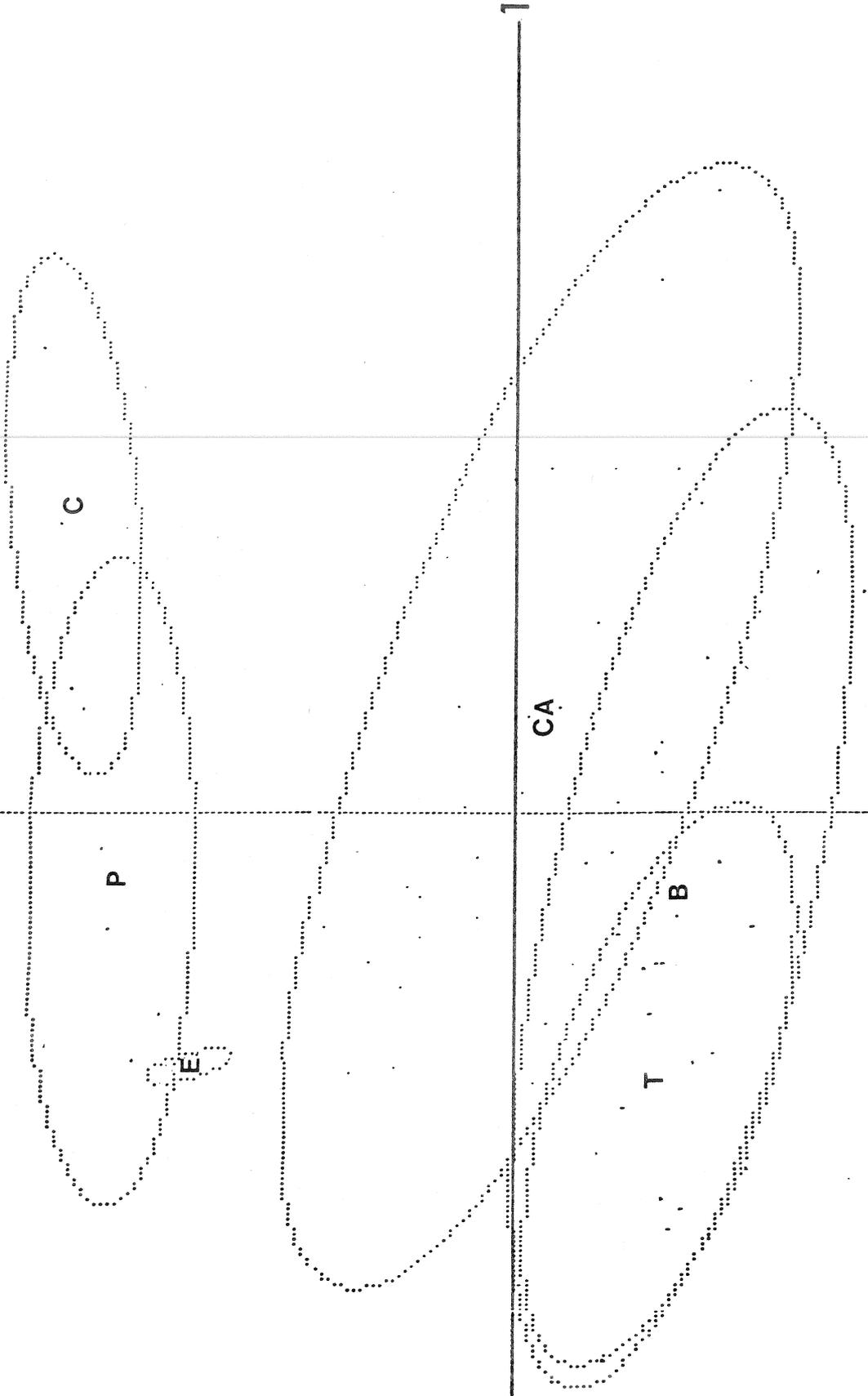
### 4) DEROULEMENT DU PROGRAMME

- 1) Lecture des données avec ou sans format, sur cartes ou fichier
- 2) Transformation des données
- 3) Tri des individus, des groupes et des variables
- 4) Projection des plans factoriels

### 5) EXEMPLE D'APPLICATION

La figure ci-jointe est extraite d'une thèse 3° Cycle et représente le premier plan factoriel évalué par une analyse en composantes principales réalisée sur plusieurs populations de grillons. On remarquera les différences de variabilité entre les groupes.

2



G. campestris : T = souche Toulouse, B = souche Bourgogne  
G. bimaculatus : P = souche Paris, C = souche Constantine  
CA = " campestris algérie " ( à identifier ). Les ellipses d'équidensité sont associées à la probabilité 0.9 .  
Le nuage E visualise l'erreur commise lors de la mesure d'un individu .  
L'axe 1 exprime la taille, l'axe 2 discrimine les deux espèces.

## RESUME DE THESE

Daniel LACHAISE  
Laboratoire de Biologie  
et Génétique Evolutives  
CNRS 91 190 Gif-sur-Yvette

Thèse d'Etat : Spéciation, Coévolution et  
Adaptation des populations de Drosophilides  
en Afrique tropicale.

L'Afrique tropicale a été le théâtre d'une intense spéciation au sein de la famille des Drosophilides. Les différentes espèces de drosophiles étudiées se répartissent en espèces généralistes ou spécialisées selon leur état d'inféodation à une plante hôte. Suivant leur degré de spécialisation et la répartition uniforme ( palmier rônier ) ou agrégative ( figuier sauvage ) de leur plante hôte, les différentes espèces de drosophiles seront caractérisées par des stratégies reproductives opposées.

Les espèces généralistes trouvent rapidement un substrat favorable à la ponte et investissent donc leur budget énergétique dans la production rapide d'un grand nombre de descendants. Le temps d'immaturité sexuel est court, la fécondité élevée, la mortalité embryo-larvo-nymphale importante et la longévité des adultes limitée. Ces espèces sont particulièrement aptes à coloniser des milieux instables, tels les savannes soumises aux feux de brousse. Un environnement peu stable et imprévisible impose un "gachis" énergétique qui est le garant du maintien des populations : il y a recherche de stabilité par excès de production.

A l'opposé, les espèces très spécialisées auront un temps d'immaturité sexuelle plus long qui leur permettra de trouver le substrat favorable à leur reproduction, et cela d'autant plus que la plante hôte a une distribution discontinue dans l'espace ou le temps. Les adultes de ces espèces investissent d'abord leur énergie dans des tâches non productives ( recherche du site ), avant de produire un faible nombre de descendants que la spécificité du substrat ( figes immatures ou postmatures ) protège de la compétition des autres espèces. La longévité s'accroît avec le temps d'immaturité sexuelle et si le nombre d'oeufs pondus est faible, la mortalité embryo-larvo-nymphale demeure négligeable. Ces espèces sont affranchies des fluctuations du milieu au prix d'une étroite association avec la plante hôte.

## RESUME DE THESE

Françoise LEMEUNIER  
Laboratoire de Biologie  
et Génétique Evolutives  
CNRS 91 190 Gif-sur-Yvette

Thèse d'Etat : Phylogénie des  
espèces de *Drosophila* du sous-groupe  
*melanogaster* analysées par des  
méthodes caryologiques et génétiques.

Le sous-groupe *melanogaster* est composé actuellement de 7 espèces affines. *D. melanogaster* et *D. simulans* sont des espèces cosmopolites et connues depuis longtemps, les 5 autres espèces découvertes dans les dix dernières années sont africaines. Leur découverte jette un jour nouveau sur l'évolution du sous-groupe et sur son origine. Morphologiquement les femelles des 7 espèces sont pratiquement identiques, tandis que les males sont reconnaissables au niveau des appareils reproducteurs externes.

L'analyse des chromosomes mitotiques révèle que toutes les espèces étudiées possèdent un caryotype ayant le même nombre de chromosomes que *D. melanogaster*. Les différences majeures entre les espèces portent sur la morphologie du chromosome sexuel Y qui est soit submetacentrique soit acrocentrique, le chromosome X étant toujours acrocentrique. Pour la dernière espèce, *D. orena*, les chromosomes X et Y sont tous deux metacentriques et de grande taille. Les 7 espèces sont individualisées après marquage de l'hétérochromatine en bandes Q et en bandes C. Le marquage de l'hétérochromatine montre que chez *D. orena* le gain de taille des chromosomes sexuels résulte de l'adjonction d'un bras totalement hétérochromatique au chromosome X (acrocentrique chez les autres espèces, et ici metacentrique).

L'analyse des chromosomes polytènes de chacune des 7 espèces indique qu'elles possèdent toutes le même nombre de bras chromosomiques. Les extrémités de ces bras sont identifiables par leurs analogies avec ceux de *D. melanogaster*. Pour chacune des espèces, chaque chromosome a pu être défini en fonction des séquences de *D. melanogaster*. L'étude séparée de chaque chromosome a été finalement intégrée dans une comparaison globale. Une phylogénie du sous-groupe est proposée et sépare les espèces étudiées en deux groupes.

La dernière partie de la thèse décrit les tentatives d'hybridations expérimentales entre les espèces. Trois espèces, les plus proches morphologiquement et cytogénétiquement se croisent facilement et donnent même dans un cas des femelles fertiles et des males stériles. Les autres espèces ne donnent aucun hybride.

La discussion générale développe l'intérêt de la variabilité spécifique précédant toute spéciation analysée sous l'angle du polymorphisme d'inversions. Elle s'achève par une synthèse des données obtenues sur le sous-groupe *melanogaster*.

## BIBLIOGRAPHIE

La diffusion d'informations bibliographiques par ce bulletin est une éventualité sur laquelle nous aimerions avoir l'avis du plus grand nombre de personnes. L'idée est séduisante mais délicate à réaliser. Dans les discussions que nous avons pu avoir, plusieurs formules ont été évoquées :

- Pré-prints ou résumés d'articles en cours de publication
- Résumés ou analyses d'articles fondamentaux parus dans la presse internationale
- Critiques de livres; annonces d'ouvrages récemment parus
- " petit current contents " de biologie des populations envoyé à chaque équipe. Il serait possible de photocopier les sommaires et de les diffuser. Par exemple, le Laboratoire de Biologie et Génétique Evolutive reçoit encore les revues suivantes :

Biochemical Genetics, Biochemical Systematics, Chromosoma, Ecology, Evolution, Genetics, Genetical Research, Hereditas, Heredity, Journal of Molecular Evolution, Population, Systematic Zoology, The American Naturalist, The Journal of Heredity, ...

Il existe une cohérence évidente entre une bonne retransmission de la vie de la biologie des populations dans le monde et ce que nous voulons développer par ailleurs dans ce bulletin ( vie des laboratoires en France et discussions sur la discipline ).

Mais qui le fera ? Qui prétendrait suivre tout ce qui paraît en matière de biologie des populations ? Qui aurait le temps de rédiger les listes bibliographiques ? C'est pourquoi nous attendons votre avis sur la question :

- La publication d'informations bibliographiques vous intéresse-t-elle ?  
Sous quelle forme la verriez-vous ?
- Comment pourriez-vous y contribuer, en admettant un minimum de réciprocité ? Par exemple, seriez-vous prêt à écrire une critique des livres que vous lisez, ou une revue des articles parus dans l'année dans un domaine que vous suivez  
( exemples : sélection densité-dépendante, système HLA, hybridation interspécifique , évolution moléculaire, etc, ... ) ?

## TITRE

Le titre que nous avons commis pour ce bulletin est le meilleur que nous ayons trouvé...

Et vous n'avez même pas idée de ceux auxquels vous avez échappé ...

Mais si vous en imaginez de moins lamentables , vous pouvez nous les suggérer ( anonymat garanti à la demande ) .

