

Reproductive strategies, demography and mutational meltdown

Diala Abu Awad (1), Sophie Gallina(2), Cyrille Bonamy(3), Sylvain Billiard(4)

(1) diala.abu-awad@ed.univ-lille1.fr, UMR-CNRS 8198 & Chaire de Modélisation Mathématique et Biodiversité

(2) sophie.gallina@univ-lille1.fr, UMR-CNRS 8198

(3) cyrille.bonamy@univ-lille1.fr, CRI – Université Lille 1

(4) sylvain.billiard@univ-lille1.fr, UMR-CNRS 8198

Overview:

In spite of frequent transitions from strict outcrossing to self-fertilizing in plant populations [1, 2, 3] and the stringent conditions for the maintenance of strictly outcrossing reproductive systems [4, 5], there is a prevalence of outcrossing reproductive strategies in natural populations [6, 7]. It has been proposed that strictly outcrossing species have lower rates of extinction (as observed in phylogenies [1, 2]), due to differences in the accumulation of deleterious mutations leading to population extinction (mutational meltdown [8, 9]). Here we propose a theoretical model to study the joint effects of demography and genetics (the accumulation of deleterious mutations) on population viability for different rates of self-fertilization.

Enjeux scientifiques et besoin en calcul :

Dans le cadre de l'étude de l'évolution et du maintien des populations végétales, la compréhension de l'effet du système de reproduction sur la viabilité des populations est indispensable. La diversité des taux d'autofécondation observée, et la prévalence des systèmes de reproduction favorisant l'allo-fécondation, sont-elles dues à des différences dans les taux d'extinction des populations en fonction de leur système de reproduction ?

Pour répondre à cette question nous utilisons une approche théorique en développant un modèle individu-centré, génétiquement et démographiquement explicite. On considère une population isolée d'individus diploïdes, composés de 2 chromosomes, chaque chromosome a un nombre potentiellement infini de locus. Les générations sont discrètes et non-chevauchantes. On explore l'effet de plusieurs paramètres génétiques, tels que le taux de mutation (U) par chromosome par génération, l'effet des mutations délétères (leur coefficient de sélection s et leur dominance h), ainsi que le taux de recombinaison (L). Pour chaque simulation, ces paramètres sont considérés comme étant fixes, et on définit un taux d'autofécondation (α) qui lui aussi reste fixe.

Afin que le modèle explore une large gamme de paramètres, le programme est exécuté avec plus de 1500 jeux de paramètres, et utilise une approche stochastique nécessitant la génération de 1000 répétitions pour chaque jeu de paramètres. Le besoin de calcul est donc de l'ordre de 1,5 millions d'exécutions indépendantes du même programme. Le programme lui-même est assez rapide (quelques minutes à quelques heures), n'utilise pas de gros fichiers de données et ne nécessite pas de parallélisation.

Développements, utilisation des infrastructures :

Dans un premier temps, nous avons utilisé le cluster du CRI de Lille 1 [10], ce qui nous a permis d'explorer une partie des paramètres : 1,5 million d'analyses (environ 600 000 heures de calcul) ont tournées au cours l'année 2011. Nous avons développé des scripts Perl pour la soumission des jobs, le contrôle de qualité et l'analyse des résultats. En 2012, pour la suite du projet, nous avons exploré d'autres questions scientifiques, pour lesquelles nous avons réalisé un premier essai sur la grille, via le logiciel Dirac [11] et la Vo biomed [12]. Pour l'ensemble des 160.000 nouvelles analyses, représentant environ 6 ans de calcul, les résultats ont été disponibles en 5 jours.

Outils, le cas échéant complémentarité des ressources, difficultés rencontrées :

Les besoins informatiques pour notre projet concernant principalement des calculs paramétriques, le mesocentre régional nous a suggéré de commencer sur le cluster pour la phase de mise au point du modèle et des scripts de soumission, puis de passer sur la grille dans un second temps. Le rôle du mesocentre a été crucial pour le choix des infrastructures (HPC ou grille), le choix de la VO, l'accompagnement administratif pour les demandes d'entrée dans la grille, le choix des outils (gLite [13] puis Dirac) et l'aide technique pour l'utilisation des ressources. Les difficultés techniques liées à l'utilisation de gLite ont été dépassées grâce à l'utilisation de Dirac.

Résultats scientifiques :

Les résultats de cette étude théorique soutiennent l'hypothèse que le système de reproduction a bien un effet sur la viabilité des populations dans le cadre de l'accumulation des mutations délétères. Malgré une purge des mutations délétères plus efficace pour des taux d'autofécondation élevés, les populations allo-fécondantes sont favorisées quand les mutations ont un effet faible sur la viabilité des individus, probablement dû à l'évitement de la dépression de consanguinité [4].

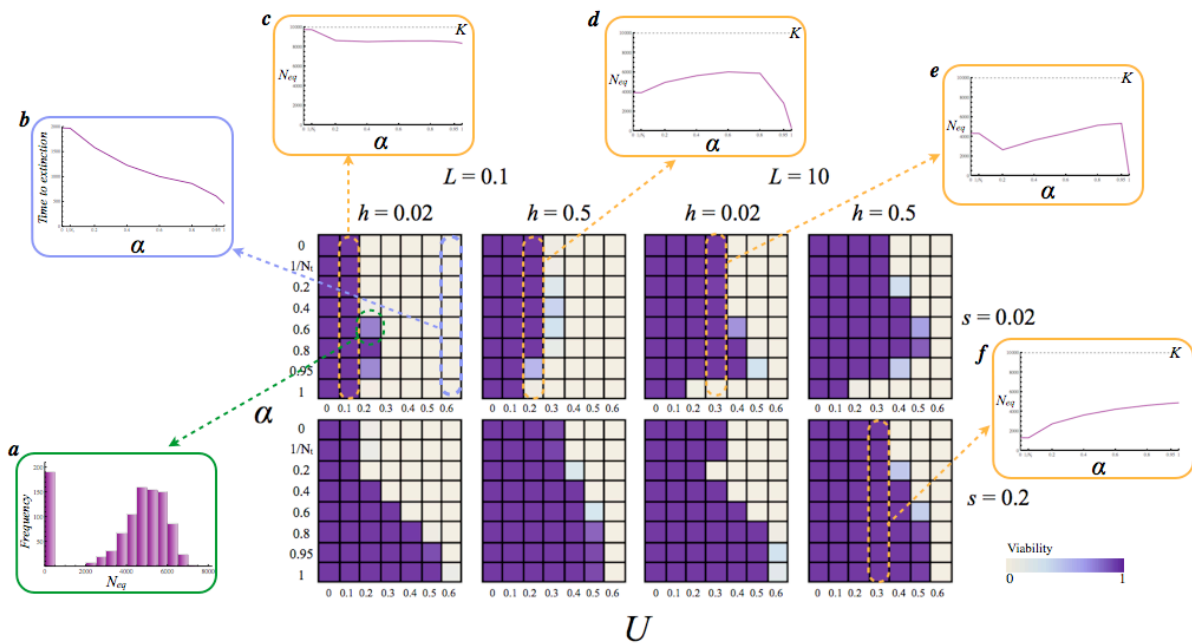


Figure 1 Résumé des résultats principaux. Viabilité des populations calculée à partir de 1000 simulations indépendantes pour différents taux d'autofécondation (α), de mutation (U) et recombinaison (L), ainsi que différents coefficients de sélection (s) et de dominance (h). a) Distribution des tailles de population à l'équilibre pour un jeu de paramètres. b) Temps pour l'extinction en fonction du taux d'autofécondation pour un jeu de paramètres. c), d), e) Moyenne conditionnelle de la taille de la population à l'équilibre en fonction du taux d'autofécondation.

Perspectives : Effet d'un perturbation démographique sur la viabilité

Afin d'établir si c'est la taille de la population à l'équilibre ou bien sa fitness qui détermine sa résistance face à une perturbation démographique, les simulations comprendront un goulot d'étranglement (une baisse soudaine dans la taille de la population) et l'évolution de ces populations sera suivie jusqu'à l'équilibre (extinction ou survie). Au vu du gain de performance avec l'utilisation de la grille, ces nouvelles analyses seront réalisées avec la VO biomed et l'outil Dirac.

Références : (police Arial Narrow 12 points Gras)

- [1] E. E. Goldberg, J. R. Kohn, R. Lande, K. A. Robertson, S. A. Smith, and B. Igic. Species Selection Maintains Self-Incompatibility. *Science*, vol. 330, pp. 493-495, OCT 22 2010.
- [2] D. Schoen, M. Johnston, A. LHeureux, and J. Marsolais. Evolutionary history of the mating system in *Amsinckia* (Boraginaceae). *Evolution*, vol. 51, pp. 1090-1099, AUG 1997.
- [3] G. Stebbins, *Flowering plants: evolution above the species level*. Belknap Press, Belknap Press of Harvard University Press, 1974.
- [4] D. Charlesworth and B. Charlesworth. Inbreeding depression and its evolutionary consequences. *Annual Review of Ecology and Systematics*, vol. 18, pp. 237-268, 1987.
- [5] E. Porcher and R. Lande, Loss of gametophytic self-incompatibility with evolution of inbreeding depression. *Evolution*, vol. 59, pp. 46-60, JAN 2005.
- [6] J. Thomson and S. C. H. Barrett. Selection for outcrossing, sexual selection, and the evolution of dioecy in plants. *American Naturalist*, vol. 118, no. 3, pp. 443-449, 1981.
- [7] P. Jarne and J. R. Auld. Animals mix it up too: The distribution of self-fertilization among hermaphroditic animals. *Evolution*, vol. 60, pp. 1816-1824, SEP 2006.
- [8] R. LANDE. Risk of population extinction from _xation of new deleterious mutations. *Evolution*, vol. 48, pp. 1460-1469, OCT 1994.
- [9] M. Lynch, J. Conery, and R. Burger. Mutational meltdowns in sexual populations. *Evolution*, vol. 49, pp. 1067-1080, DEC 1995.
- [10] <http://calcul-wiki.univ-lille1.fr>
- [11] A. Tsaregorodtsev, V. Hamar, M. Sapunov, T. Glatard, S. Camarasu-Pop, R. Ferreira da Silva, P. Girard, P. Gay. Infrastructure DIRAC pour les Communautés Pluridisciplinaires. Rencontres Scientifiques France Grilles 2011, Lyon, France
- [12] <http://lsgc.org/en/Biomed:home>
- [13] <http://glite.cern.ch/>