

Exercices avec le logiciel 

Épreuve Biologie & Modélisation - Contrôle terminal - 12 décembre 2007

S. Mousset & J.R. Lobry

Durée 1h30

Tous documents autorisés - échanges strictement interdits. Sex-appeal
et longueur de la queue des mâles

1 Répondre directement sur la feuille

Nom :
Prénom :
Numéro carte étudiant :

2 Statistiques : sex-appeal et longueur de la queue des mâles

Anders Pape Møller, zoologiste à l'université d'Uppsala en Suède, s'est intéressé aux critères de choix du partenaire sexuel mâle par les femelles [2, 3, 4]. Il s'est plus particulièrement posé la question de savoir si les femelles avaient tendance à favoriser les mâles ayant une longue queue. Pour ce faire, il a conduit une expérience dans laquelle il a artificiellement allongé ou raccourci la queue des mâles pour voir l'effet de la longueur de la queue sur l'attractivité sexuelle. Comme indicateur de l'attractivité sexuelle, il a observé le succès reproducteur des mâles mesuré par la proportion des mâles ayant eu une seconde couvée. En effet, la probabilité d'avoir une seconde couvée est d'autant plus élevée que le mâle a rapidement trouvé un partenaire. Son matériel d'étude est *Hirundo rustica*, l'hirondelle rustique, une espèce monogame. Les résultats sont donnés dans la figure 1. Ces résultats vont-ils dans le sens attendu ?



Réponse (oui/non) :

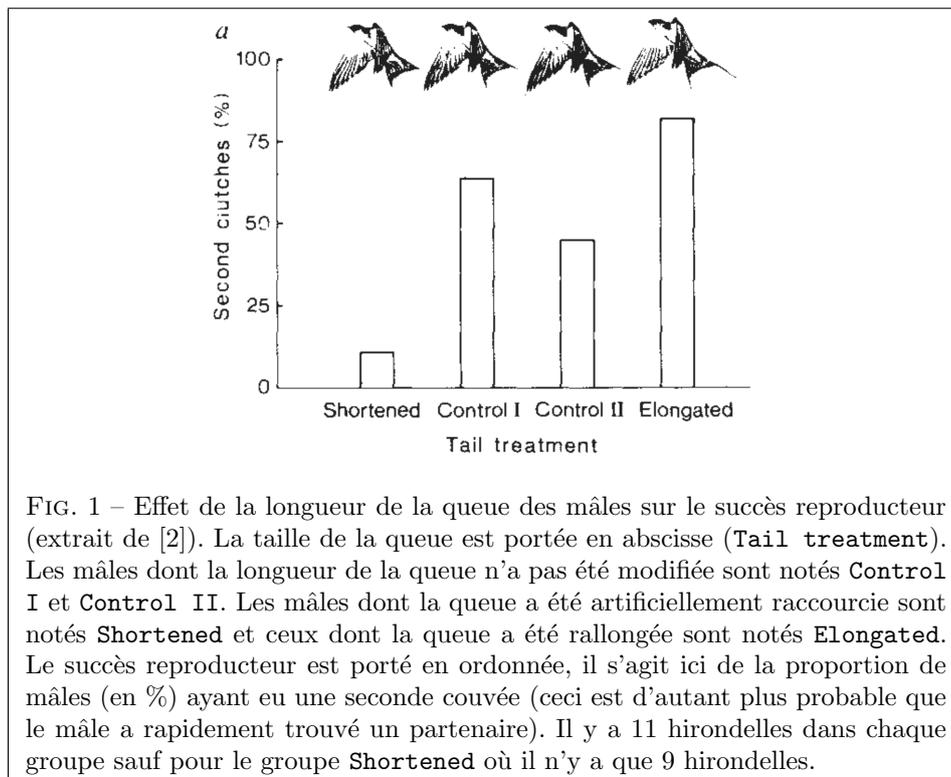


FIG. 1 – Effet de la longueur de la queue des mâles sur le succès reproducteur (extrait de [2]). La taille de la queue est portée en abscisse (**Tail treatment**). Les mâles dont la longueur de la queue n'a pas été modifiée sont notés **Control I** et **Control II**. Les mâles dont la queue a été artificiellement raccourcie sont notés **Shortened** et ceux dont la queue a été rallongée sont notés **Elongated**. Le succès reproducteur est porté en ordonnée, il s'agit ici de la proportion de mâles (en %) ayant eu une seconde couvée (ceci est d'autant plus probable que le mâle a rapidement trouvé un partenaire). Il y a 11 hirondelles dans chaque groupe sauf pour le groupe **Shortened** où il n'y a que 9 hirondelles.

Les observations n'étant pas très nombreuses (42 mâles en tout), Anders Pape Møller décide d'utiliser un test statistique pour savoir si ses résultats sont significatifs. Il choisit le test exact de Fisher [1]. L'hypothèse nulle, H_0 , et l'hypothèse alternative, H_1 , de ce test sont les suivantes :

H_0 : Il y a indépendance entre le succès reproducteur et l'appartenance à un groupe de taille de queue.

H_1 : Il n'y a pas indépendance entre le succès reproducteur et l'appartenance à un groupe de taille de queue.

La mise en oeuvre de ce test conduit au résultat suivant :

```

observation <- matrix(c(1, 8, 7, 4, 5, 6, 9, 2), nrow = 2)
colnames(observation) <- c("court", "controle I", "controle II",
"long")
rownames(observation) <- c("extra", "pas extra")
observation
      court controle I controle II long
extra      1         7         5     9
pas extra  8         4         6     2

fisher.test(observation)
      Fisher's Exact Test for Count Data
data:  observation
p-value = 0.01399
alternative hypothesis: two.sided

```

Avec un risque de première espèce de 5 %, quelle est votre décision au vu du résultat de ce test ?

Réponse :

Ce test est il probant ?

Réponse (oui/non) :

Ce test suffit-il à affirmer à *lui seul* que les femelles préfèrent les mâles ayant une longue queue ?

Réponse (oui/non) Pourquoi ?

Ces résultats ne suffisent pas à montrer que le comportement des femelles est pertinent d'un point de vue évolutif. En effet, le comportement des femelles vis à vis de la longueur de la queue des mâles pourrait très bien être un trait parfaitement neutre sans signification évolutive particulière. Mais Anders Pape Møller ne s'est pas contenté de l'expérience précédente, il a étudié en plus la longévité de la descendance des mâles en fonction de la longueur de la queue de leur géniteur. Les résultats extraits de [4] sont donnés ci-après. La longueur de la queue des mâles (`queue`) est en mm, la longévité de la descendance (`longevite`) est en années.

```
data <- read.table("http://pbil.univ-lyon1.fr/R/donnees/queue.txt",
  sep = "\t", header = TRUE)
data
  queue longevite
1     97         1
2     98         1
3     98         1
4     99         1
5     99         1
6    100         1
7    100         1
8    101         1
9    101         1
10   101         1
11   101         1
12   102         1
13   102         1
14   102         2
15   104         2
16   105         1
17   105         1
18   105         1
19   106         1
20   106         2
21   106         2
22   107         1
23   107         1
24   107         3
25   108         1
26   108         2
27   114         1
28   114         2
29   114         3
30   115         1
31   115         2
32   115         2
33   115         3
34   116         2
35   124         4
36   125         2
```

À quoi sert la fonction `read.table()` ci-dessus ?

Réponse :

À quoi sert l'option `header = TRUE` de la fonction `read.table()` ci-dessus ?

Réponse :

La variable numérique `longevite` est-elle de nature qualitative ou quantitative ?

Réponse (qualitative/quantitative) :

Quelle commande permet-elle de lister les mâles dont la longueur de la queue est de 102 mm ?

```
queue longevite
12 102 1
13 102 1
14 102 2
```

Réponse :

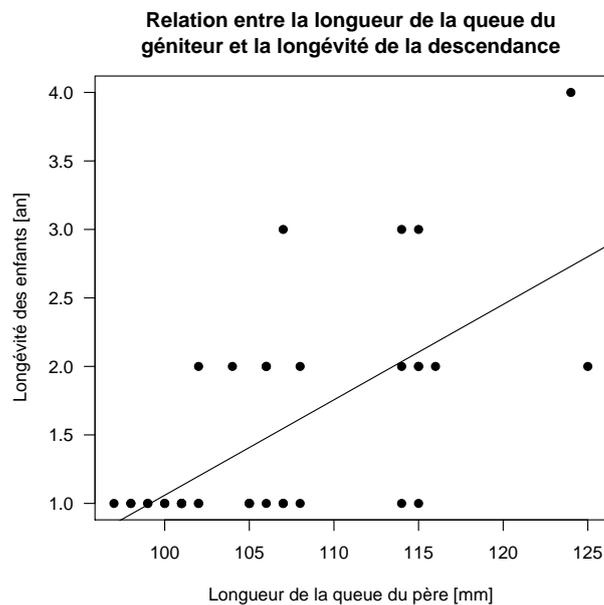
Quelle commande permet-elle de lister les mâles dont la longueur de la queue est de 102 mm **et** la longévité de la descendance de 1 an ?

```
queue longevite
12 102 1
13 102 1
```

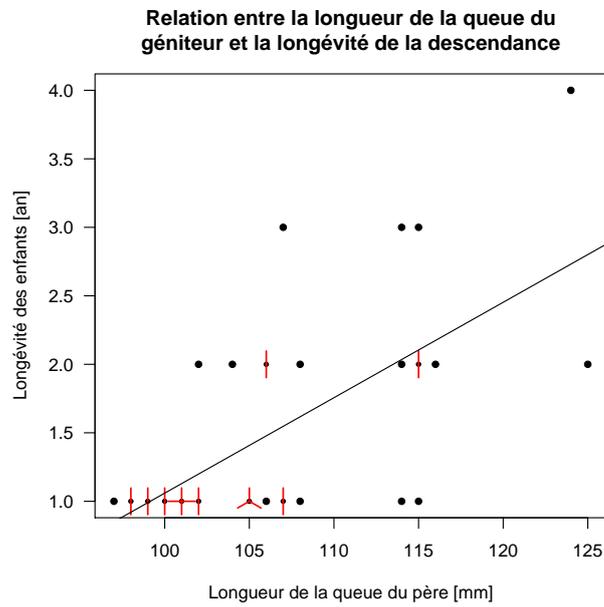
Réponse :

Le graphique suivant n'est pas bon. Pourquoi ?

```
x <- data$queue
y <- data$longevite
plot(x, y, xlab = "Longueur de la queue du père [mm]", ylab = "Longévité des enfants [an]",
      main = "Relation entre la longueur de la queue du\ngéniteur et la longévité de la descendance",
      las = 1, pch = 19)
abline(lm(y ~ x))
```

**Réponse :**

Comment obtenir le graphique suivant ?



Réponse :

Pour tester si ces résultats sont significatifs, on utilise un testé basé sur la valeur du coefficient de corrélation linéaire. L'hypothèse nulle, H_0 , et l'hypothèse alternative, H_1 , de ce test sont les suivantes :

H_0 : Il n'y a pas de relation linéaire entre la longueur de la queue des mâle et la longévité de leurs descendants.

H_1 : Il y a une relation linéaire entre la longueur de la queue des mâle et la longévité de leurs descendants.

La mise en oeuvre de ce test conduit au résultat suivant :

```
cor.test(x, y)
      Pearson's product-moment correlation
data:  x and y
t = 4.9898, df = 34, p-value = 1.771e-05
alternative hypothesis: true correlation is not equal to 0
95 percent confidence interval:
 0.4090146 0.8064527
sample estimates:
      cor
0.6501816
```

Avec un risque de première espèce de 5 %, quelle est votre décision au vu du résultat de ce test ?

Réponse :

Ce test est il probant ?

Réponse (oui/non) :

Ce test suffit-il à affirmer à *lui seul* que la longévité de la descendance des mâles augmente avec la longueur de la queue des géniteurs ?

Réponse (oui/non) Pourquoi ?

Pourquoi les femelles ont-elles intérêt à choisir un partenaire sexuel doté d'une longue queue ?

Réponse :

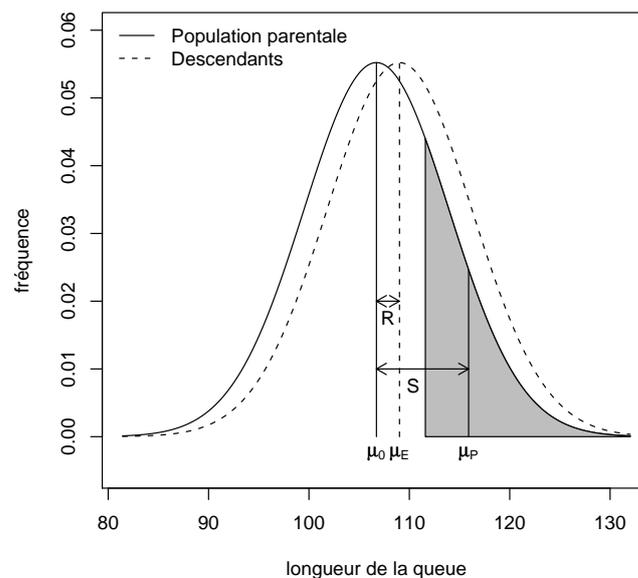
3 Modélisation

En conséquence du choix des femelles, la sélection naturelle opère sur la longueur de la queue des mâles. Pour modéliser l'évolution de la taille de la queue, nous allons nous intéresser à l'évolution des caractères quantitatifs.

3.1 L'héritabilité d'un caractère quantitatif

L'héritabilité h^2 d'un caractère quantitatif est définie par les sélectionneur (généticiens spécialisés dans l'amélioration des caractères) comme le rapport de la *réponse* à la sélection R à l'*écart* à la sélection S . On peut illustrer le concept d'héritabilité par le schéma de la figure 2.

FIG. 2 – L'héritabilité (h^2) en génétique quantitative



μ_0 est la longueur moyenne de la queue dans la population d'origine des parents

μ_P est la longueur moyenne de la queue chez les parents sélectionnés (qui se reproduisent effectivement, en grisé sur le graphique)

μ_E est la longueur moyenne de la queue chez les descendants des parents sélectionnés.

$S = \mu_P - \mu_0$ est l'*écart* à la sélection

$R = \mu_E - \mu_0$ est la *réponse* à la sélection

$h^2 = \frac{R}{S}$ est l'*héritabilité* du caractère quantitatif

3.2 Un modèle simpliste

On propose que la longueur de la queue des mâles à une génération n est distribuée normalement autour d'une moyenne μ_n avec un écart-type $\sigma > 0$ constant. L'héritabilité $h^2 > 0$ de ce caractère quantitatif est supposée constante. On propose que seuls les mâles dotés d'une queue plus longue que la médiane se reproduisent. Dans ces conditions, l'écart à la sélection est $S = 0.80\sigma$, et longueur moyenne des queues des mâles qui se reproduisent à la génération n est

$$\mu_{P,n} = \mu_n + S = \mu_n + 0.80\sigma \tag{1}$$

La longueur moyenne des queues des mâles à la génération $n + 1$ est alors

$$\mu_{n+1} = \mu_n + R = \mu_n + \frac{h^2}{2}S = \mu_n + \frac{0.80\sigma}{2}h^2$$

soit

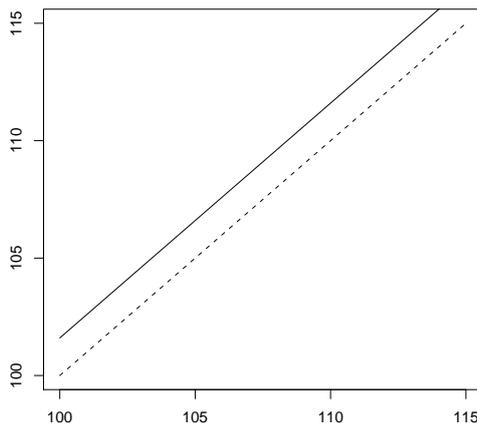
$$\mu_{n+1} = \mu_n + \frac{0.80\sigma}{2}h^2 \tag{2}$$

Remarque : Dans l'équation 2, on a $R = \frac{h^2}{2}S$ plutôt que $R = h^2S$ car la sélection sur la taille de la queue n'opère que sur les mâles.

Le schéma suivant est l'ébauche d'un diagramme en *cobweb* obtenu pour le modèle de l'équation 2 avec $\sigma = 8\text{mm}$ et $h^2 = 0.5$. Complétez le en donnant l'équation des deux droites, les noms des axes, et la représentation en *cobweb* (on partira de $\mu_0 = 105$).

Réponse :

Évolution de la longueur moyenne des queues des mâles



Équation de la droite pleine :

Équation de la droite en tiretés :

Le modèle de l'équation 2 admet-il des points d'équilibre? Les prédictions de ce modèle pour l'évolution de la taille moyenne des queues des mâles vous semblent-elles réalistes?

Réponse :

Points d'équilibre (oui/non) :

Caractère réaliste des prédictions du modèle (justifiez) :

3.3 Un modèle génétique

Pour remédier aux problèmes du modèle précédent, on propose un nouveau modèle simple où la longueur de la queue des mâles est déterminée par un seul gène **A** avec deux allèles **A** et **a**. Les génotypes présents dans la population sont **AA**, **Aa** et **aa** (par ordre décroissant de la taille de la queue). On propose que seuls les mâles de génotype **AA** dont la queue est plus longue se reproduisent. Dans un tel modèle la fréquence p_n de l'allèle **A** à la génération n est liée à la fréquence p_{n-1} par l'équation

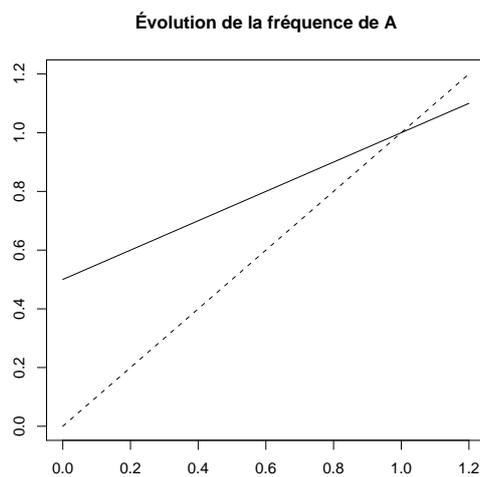
$$p_n = \frac{1 + p_{n-1}}{2} \quad (3)$$

Recherchez le(s) point(s) d'équilibre du modèle de l'équation 3 et déterminez sa (leur) stabilité.

Réponse :

Le schéma suivant est l'ébauche d'un diagramme en *cobweb* obtenu pour le modèle de l'équation 3. Complétez le en donnant l'équation des deux droites, les noms des axes, et la représentation en *cobweb* (on partira de $p_0 = 0.2$).

Réponse :



Équation de la droite pleine :

Équation de la droite en tiretés :

Selon ce modèle, que pouvez-vous dire de l'évolution à long terme de la taille des queues des mâles ?

Réponse :

Références

- [1] R.A. Fisher. The logic of inductive inference. *Journal of the Royal Statistical Society Series A*, 98 :39–54, 1935.
- [2] A.P. Møller. Female choice selects for male sexual tail ornaments in the monogamous swallow. *Nature*, 332 :640–642, 1988.
- [3] A.P. Møller. Male tail length and female mate choice in the monogamous swallow *Hirundo rustica*. *Animal Behaviour*, 39 :458–465, 1990.
- [4] A.P. Møller. Male ornament size as a reliable cue to enhanced offspring viability in the barn swallow. *Proceedings of the national academy of sciences of the United States of America*, 91 :6929–6932, 1994.