

# M1 MABS – parcours BBS

## « Génomique et génétique statistiques »

### TP 2 Chapitre génétique des populations :

#### Diversité génétique : influence de la dérive et de la sélection

- 1) Analysez la diversité génétique de populations de primates au niveau de 16 marqueurs moléculaire microsatellites, à l'aide du logiciel Genetix : diversité allélique, hétérozygotie, test HWE. Comparez les populations et déterminez la-lesquelles ont été plus fortement influencées par la dérive génétique.
- 2) Simulez l'évolution de la fréquence d'un allèle à un locus biallélique (de type SNP) sous dérive uniquement, à l'aide du script « TP2\_drift\_simulations.R ». Simulez 100 à 200 (ou plus) réalisations (= populations indépendantes) et déterminez l'effet du nombre de générations (nbgen=10,50,100), de la taille de la population (n=10,50,100,1000), et de la fréquence initiale de l'allèle (f0=0.1,0.3,0.5,0.9) sur la fréquence moyenne de l'allèle, sa variance, et sur l'hétérozygotie moyenne (au bout de nbgen générations)
- 3) Exemple sur 1000 réalisations

	nbgen=10	nbgen=50	nbgen=100	
n=10	He= He= He= He=	He= He= He= He=	He= He= He= He=	f0=0.1 (He_init = 0.18) f0=0.3 (He_init = 0.42) f0=0.5 (He_init = 0.5) f0=0.9 (He_init = 0.18)
n=50	He= He= He= He=	He= He= He= He=	He= He= He= He=	f0=0.1 (He_init = 0.18) f0=0.3 (He_init = 0.42) f0=0.5 (He_init = 0.5) f0=0.9 (He_init = 0.18)
n=100	He= He= He= He=	He= He= He= He=	He= He= He= He=	f0=0.1 (He_init = 0.18) f0=0.3 (He_init = 0.42) f0=0.5 (He_init = 0.5) f0=0.9 (He_init = 0.18)
n=1000	He= He= He= He=	He= He= He= He=	He= He= He= He=	f0=0.1 (He_init = 0.18) f0=0.3 (He_init = 0.42) f0=0.5 (He_init = 0.5) f0=0.9 (He_init = 0.5)

- 4) Simulez l'évolution de la fréquence d'un allèle à un locus biallélique (de type SNP) sous sélection uniquement, à l'aide du script « TP2\_selection », pour un nombre de générations de sélection.
  - sélection positive sur un génotype homozygote (ou négative sur l'autre)
  - sélection positive sur le génotype hétérozygote (sélection balancée)

Visualisez les fréquences alléliques et génotypiques et comparez.