~~« Génomique et génétique statistiques »~~

~~TP 2 Chapitre génétique des populations :~~

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

**Nombre de paires de bases :**

**120 120 => Si on obtient seulement 120 : Homozygote**

**116 120 => Si on obtient 116 et 120 : Hétérozygote**

**000 => Données manquantes**

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.~~

~~LOCUS POPULATION~~

~~1 2 3 4 5~~

~~--------------------------------------------------------------~~

~~D1S548~~

~~(N) 81 38 65 70 50 => Nombre observé~~

~~191 0.0185 0.0789 0.0154 0.0357 0.1800~~

~~195 0.0062 0.1579 0.0615 0.1429 0.2100~~

~~199 0.2469 0.2763 0.5538 0.5571 0.4900~~

~~203 0.1605 0.2368 0.3692 0.2643 0.1100~~

~~207 0.5556 0.2368 0.0000 0.0000 0.0100~~

~~211 0.0062 0.0132 0.0000 0.0000 0.0000~~

~~215 0.0062 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000~~

~~Taille de l'allèle~~

~~H exp. 0.6042 0.7801 0.5529 0.5981 0.6712 => hétérozygotie attendue~~

~~H n.b. 0.6079 0.7905 0.5572 0.6024 0.6780 => hétérozygotie attendue non biaisée~~

~~H obs. 0.5185 0.7368 0.4923 0.5857 0.5800 => hétérozygotie observée~~

~~HETEROZYGOTIE MOY. SUR LES LOCUS~~

~~----------------------------------~~

~~Hexp. H n.b. Hobs. P(0.95) P(0.99) Nbre Moyen d'allèles/locus~~

~~-----------------------------------------------------------------------------------~~

~~1 0.6590 0.6632 0.5965 1.0000 1.0000 6.6875~~

~~Ecart-type : 0.1318 0.1326 0.1672~~

~~2 0.7911 0.8016 0.7582 1.0000 1.0000 8.7500~~

~~Ecart-type : 0.0625 0.0633 0.0892~~

~~3 0.7329 0.7385 0.6692 1.0000 1.0000 8.4375~~

~~Ecart-type : 0.1064 0.1072 0.1377~~

~~4 0.7929 0.7986 0.7161 1.0000 1.0000 11.0625~~

~~Ecart-type : 0.0878 0.0885 0.1403~~

~~5 0.7908 0.7987 0.7446 1.0000 1.0000 9.7692~~

~~Ecart-type : 0.2506 0.0848 0.3906~~

~~test HWE :~~

~~Fis = (Hexp-Hobs)/Hexp~~

~~Si Hexp >> Hobs => Fis=1 heterozygotie très forte~~

~~Si Hexp > Hobs => Fis suffisament supérieur à 0 heterozygotie => faire un test~~

~~Si Hexp << Hobs => Fis=0 heterozygotie très faible => consanguinité~~

~~Données de Fis après permutation des allèles à l'intérieur de chaque population~~

~~Résultats sur la totalité des locus :~~

~~-------------------------------------~~

~~Population Réel % val. > % val. < % val. =~~

~~1 0.10107 0.0000 100.0000 0.0000 => Valeur très proche de zéro~~

~~2 0.05486 0.3000 99.6000 0.1000~~

~~3 0.09451 0.0000 100.0000 0.0000~~

~~4 0.10406 0.0000 100.0000 0.0000~~

~~5 0.06841 0.0000 100.0000 0.0000~~

~~% val. > Pourcentage de Fis supérieur à ma valeur. Équivalent p-value => <5% pas significatif~~

~~% val. < Pourcentage de Fis inférieur à ma valeur.~~

~~% val. = Pourcentage de Fis égale à ma valeur.~~

~~Réel : résultat du Fis, moyenne sur les locus dans chaque génération.~~

~~La plus fortement influencées par la dérive génétique est la première car elle à la plus petite hétérozygotie attendue et un très grand nombre d'allèles.~~

~~Plus la population est grande plus l'hétérozygotie et possible.~~

~~Le niveau de consanguinité est affecté par la taille d'origine de population. (10 chimpanzés île Maurice).~~

1. ~~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)~~ |

**En violet coef de consanguinité, homozygotie.**

**En vert hétérozygotie.**

**Les allèles se fixent ou s’effacent très rapidement.**

**Et l'hétérozygotie chute rapidement.**

**points(gen,AA,lty=3,lwd=2,col="red") # fréq génotype AA**

**points(gen,Aa,lty=2,lwd=2,col="blue") # fréq génotype Aa**

**points(gen,aa,lty=3,lwd=2,col="green") # fréq génotype aa**

**w1=1**

**w2=1**

**w3=0.5**

**Fréquence à l'équilibre.**

**> freq\_equ = (w3-w2)/(w1-2\*w2+w3); freq\_equ**

**[1] 1**

**> A[ngen]**

**[1] 0.9788003**

**w1=0,5**

**w2=1**

**w3=0.5**

**> freq\_equ = (w3-w2)/(w1-2\*w2+w3); freq\_equ**

**[1] 0.5**

**> A[ngen]**

**[1] 0.5**