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) |

1. 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.