

## Génétique de population

### Eucaryotes

Ensemble des organismes unicellulaires ou multicellulaires dont les cellules possèdent un noyau délimité par des membranes.

### La cellule

C'est l'élément de base composant tous les êtres vivants.

Certains organismes vivants sont unicellulaires, c'est-à-dire qu'ils sont composés d'une seule cellule; c'est le cas des levures ou des bactéries. D'autres organismes sont composés de plusieurs milliards de cellules, tel l'être humain.



### La génétique

La génétique est l'étude de la transmission des caractères héréditaires chez les êtres vivants. Elle vise à réaliser l'étude de la fonction des gènes.

### L'hérédité

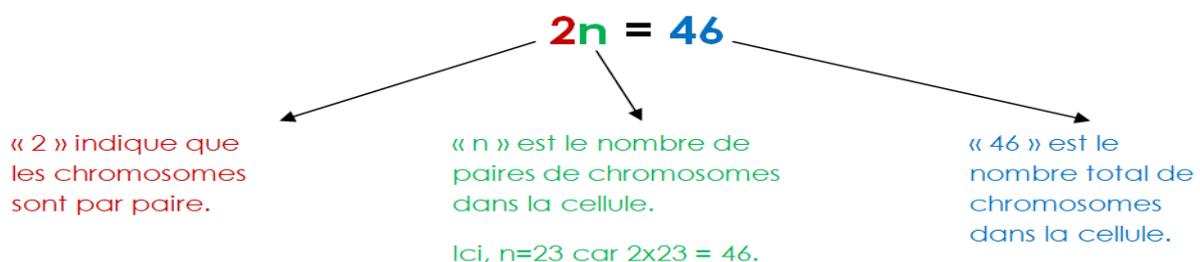
Est la transmission des caractéristiques d'une génération à la suivante. C'est lors de la reproduction que se transmet l'information héréditaire des générations parentales aux descendants.

### Organisme diploïde(2n)

Organisme qui possède des cellules diploïdes avec deux jeux complets de chromosomes homologues (un jeu de chromosomes venant du parent mâle et un du parent femelle).

### Organismes haploïdes(n)

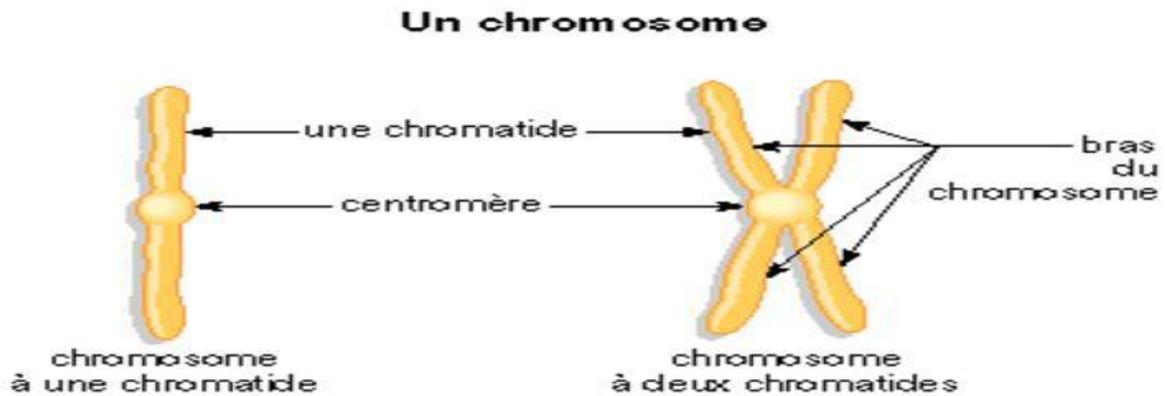
Ils contiennent un seul lot de chromosome. Elle correspond à la formation des gamètes.



### Le chromosome :

Un chromosome est une structure en forme de bâtonnet très colorable visible au niveau des noyaux des cellules en division. Il porte les gènes, qui sont le support de l'information génétique, transmis des cellules mères aux cellules filles lors des divisions cellulaires. Dans les cellules

eucaryotes, les chromosomes se trouvent dans le noyau et sont constitués essentiellement de l'ADN (Acide désoxyribonucléique) qui est le matériel héréditaire.



### ADN

L'ADN (Acide Désoxyribonucléique) est une molécule contenant l'information génétique. L'ADN peut être comparée à un livre qui est unique à chaque personne. Ce livre est écrit dans une langue dont les mots se composent de 4 lettres ;A,T,C,G.

A:Adénine

T:Thymine

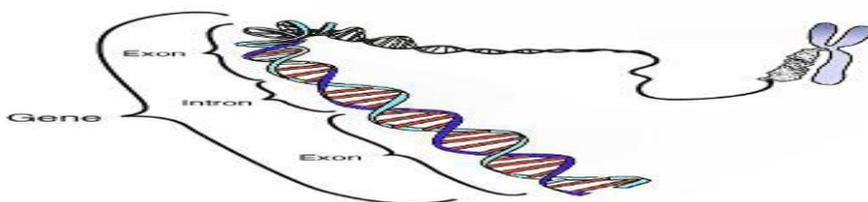
C:Cytosine

G:Guanine



### Gène :

Unité d'hérédité contrôlant la manifestation et la transmission d'un caractère héréditaire. Porté par une séquence de nucléotide transmise telle qu'elle à la génération suivante



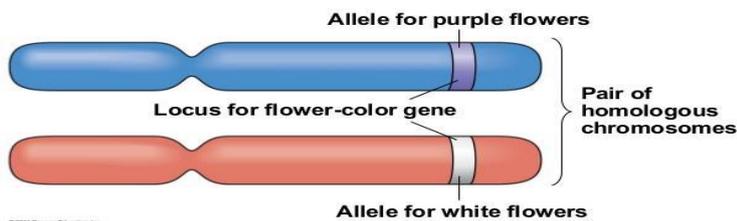
### Allèles :

Différentes formes que peut prendre un même gène. Ils occupent la même position (locus) sur les chromosomes homologues.



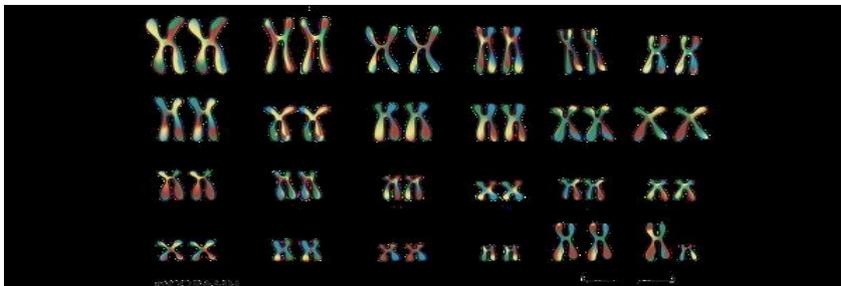
**Locus :**

Emplacement précis et invariant d'un gène sur un chromosome. Son pluriel est « Loci».



**Génome :**

Ensemble du matériel génétique d'un individu ou d'une espèce (séquences codantes et non-codantes).



**Génotype :** Ensemble des caractères génétiques d'un individu dont l'expression différentielle est visible dans le phénotype. Le génotype est donc la composition allélique de tous les gènes d'un individu.

**Homozygote :** Individu d'une lignée pure qui porte en double exemplaire la même forme allélique d'un gène correspondant à un caractère héréditaire. BB ou AA

**Hétérozygote :** Individu hybride qui porte deux formes alléliques différentes d'un gène correspondant à un caractère héréditaire. AB.

**Phénotype :** Ensemble des caractères observables chez un individu, résultants de l'interaction entre son génotype et les effets de son environnement.

**Du phénotype au génotype**

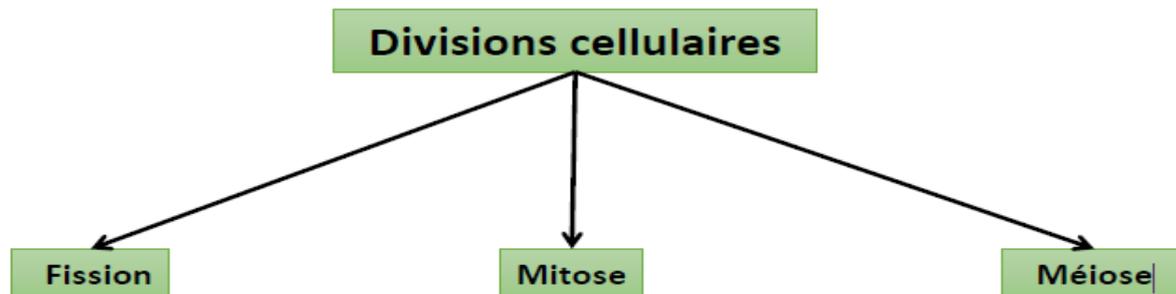
Le phénotype résulte des effets conjoints de 3 composantes :

Le génotype G    L'environnement E    L'interaction génotype-environnement  $I_{G \times E}$

**Espèce** : groupe génétiquement fermé au sein duquel les organismes sont susceptibles de se reproduire

Limites aux croisements entre individus :

- isolement géographique
- isolement écologique
- barrières culturelles, sociales ou ethniques
- **Divisions cellulaires:**
- La division cellulaire est le mode de multiplication de toute cellule. Elle lui permet de se diviser en plusieurs cellules. C'est donc un processus fondamental dans le monde vivant, puisqu'il est nécessaire à la régénération de tout organisme.



**La fécondation:** L'union d'un gamète mâle et d'un gamète femelle produit un oeuf ou zygote

la fécondation permet de rétablir la diploïdie.

**Définition et Objectifs de la Génétique des populations:**

**Qu'est ce que une population:**

Une **population** est un ensemble d'individus appartenant à la même espèce, susceptibles de se reproduire entre eux, occupant une aire géographique commune et jouant un rôle particulier dans un écosystème. groupe d'individus de la même espèce vivant dans une zone géographique suffisamment restreinte pour que tout membre de la population puisse se croiser avec tout autre.

Limites aux croisements entre individus

ni isolement géographique

ni isolement écologique

ni barrières culturelles, sociales ou ethniques

**Mutation** : Apparition aléatoire d'un nouveau caractère La génétique des populations s'intéresse principalement aux mutations qui se produisent dans la lignée germinale donc aux taux de mutations par génération et leurs effets sur les fréquences alléliques des gènes concernés.

**Dispersion** : Echange de gènes /caractères entre populations. **Sélection** : Seuls les caractères les mieux adaptés à l'environnement sont conservés et transmis.

**Dérive** : Disparition aléatoire d'un caractère par absence de transmission à la descendance (pas de reproduction des individus concernés).

**Migration :**

Passage d'individus d'une population à une autre, par exemple sous forme de graines ou de pollen chez les plantes. Elle peut modifier les fréquences alléliques lorsque celles de la population qui fournit les migrants diffèrent de celles de la population qui les reçoit.

**La génétique des populations** est l'étude de la distribution et des changements de la fréquence des versions d'un gène (allèles) dans les populations d'êtres vivants, sous l'influence des « pressions évolutives » (sélection naturelle, dérive génétique, recombinaisons , mutations et migration). Cette étude a 3 principes:

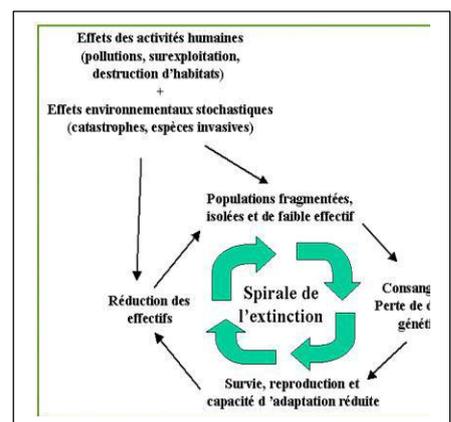
*1-mesurer la variabilité génétique par l'étude de la fréquence des différents allèles d'un même gène.*

*2-comprendre la transmission de la variabilité génétique d'une génération à l'autre.*

*3-comprendre l'évolution de la variabilité génétique au fil des générations.*

**Domaines d'application de la génétique des populations**

- Maladies génétiques
  - o fréquence des allèles responsables des maladies
  - o conseil génétique
  - o maintien des allèles
- Gestion, conservation et biodiversité
- Identification des individus
- Evolution, adaptation et spéciation
- Objectifs de la génétique des populations
  - S'intéresser aux mécanismes permettant la génération, le maintien ou l'évolution du polymorphisme au sein et/ou entre des populations naturelles.
  - S'intéresser aux forces évolutives qui permettent aux populations de se différencier, voire aux espèces de se former et appréhender ainsi les mécanismes générant la biodiversité du vivant.



- Mesurer cette biodiversité non seulement entre les individus d'une même population, mais également entre les populations d'une même espèce.
- Décrire les génotypes, estimer leur fréquence et celle des allèles,
- déterminer leur distribution au sein des individus, des populations, et entre les populations (descriptif).
- Comprendre et prédire l'évolution des fréquences des allèles dans les populations sous l'effet des forces évolutives (explicatif).
- **Mesure de la diversité de population**

- La diversité génétique d'une population est appréhendée par sa constitution génétique. Celle-ci est définie à 3 niveaux :

- Phénotypique (Fréquences phénotypique). Phénotypes codominants : Il est possible d'associer à chaque phénotype le génotype correspondant

Groupes sanguins	M	MN	N
Effectifs observés (total : 1000)	350	500	150
<b>Fréquences phénotypiques</b>	$350/1000 = 0,35$	$500/1000 = 0,50$	$150/1000 = 0,15$

- Génotypes (Fréquences génotypique). Phénotypes codominants : il est possible d'associer à chaque phénotype le génotype correspondant. Les fréquences alléliques s'en déduisent aisément

Groupes sanguins (génotype)	M (MM)	MN (MN)	N (NN)
Effectifs observés (total : 1000)	350	500	150
<b>Fréquences phénotypiques = fréquences génotypiques</b>	$350/1000 = 0,35$	$500/1000 = 0,50$	$150/1000 = 0,15$

- Allèles (Fréquences alléliques). Méthode de comptage : La fréquence d'un allèle dans un échantillon est égale à deux fois le nombre de génotypes homozygotes pour cet allèle plus le nombre de génotypes hétérozygotes comportant cet allèle divisé par deux fois le nombre total d'individus dans l'échantillon.

*Exemple* :  $f(M) = (2 * M + MN) / 2 * 1000 = (350 * 2 + 500) / 2000 = 1200 / 2000 = 0,6$

On peut aussi calculer avec les probabilités

Exemple :  $f(M) = 0,35 + 0,50/2 = 0,6$

- Phénotypes non codominants : il est possible d'estimer les fréquences phénotypiques, mais il n'est pas possible d'en déduire les fréquences génotypiques puisqu'on ne peut distinguer les individus homozygotes et les individus hétérozygotes.

Groupes sanguins	A	B	AB	O
Effectifs observés (total : 500)	213	56	15	216
Fréquences phénotypiques	$213/500 = 0,426$	$56/500 = 0,112$	$15/500 = 0,03$	$216/500 = 0,432$
Génotypiques	AA, AO	BB, BO	AB	OO



Les fréquences alléliques ne sont pas disponibles

Fréquence du génotype AA =  $f(AA) = N1 / Nt$

Fréquence du génotype AB =  $f(AB) = N2 / Nt$

Fréquence du génotype BB =  $f(BB) = N3 / Nt$

Avec:  $f(AA) + f(AB) + f(BB) = 1$

Deux méthodes de calcul des fréquences alléliques sont possibles:

Ø un simple comptage des allèles

**Méthodes des comptages**

Ø une formule probabiliste.

**Méthode probabiliste**

**la méthode de comptage:**

la fréquence d'un allèle correspond au rapport du nombre de cet allèle au nombre total d'allèles occupants un locus donné, soit  $2N$  pour un échantillon de  $N$  individus diploïdes.

\* Dans le cas de couleur des fleurs

**N1** : Nombre d'individu de phénotype A porteurs de deux allèles A.

**N2** : Nombre d'individu de phénotype AB porteurs d'un allèle A et d'un allèle B.

**N3** : Nombre d'individu de phénotype B porteurs de deux allèles B

**Donc :**

**Le nombre de l'allèle A dans la population est de  $2N1 + N2$  Le nombre de l'allèle B dans la population est de  $2N3 + N2$**

**Les fréquences des allèles A et B sont par conséquent les suivantes:**

**Fréquence de l'allèle A =  $f(A) = p = (2N1 + N2) / 2Nt$**

**Fréquence de l'allèle B =  $f(B) = q = (2N3 + N2) / 2Nt$**

**Avec:  $p + q = 1$**

**Méthode probabiliste :**

on peut calculer les fréquences alléliques à partir des fréquences génotypiques en utilisant les rapports suivants :

$$\text{Fréquence de l'allèle A} = \mathbf{f(A)} = \mathbf{p} = f(AA) + \frac{1}{2} f(AB)$$

$$\text{Fréquence de l'allèle B} = \mathbf{f(B)} = \mathbf{q} = f(BB) + \frac{1}{2} f(AB)$$

**Avec:**  $p + q = 1$

La connaissance des fréquences génotypiques et alléliques nécessite une information supplémentaire. Cette information peut provenir soit d'une expérimentation permettant de distinguer les homozygotes des hétérozygotes, soit de la connaissance de l'ascendance ou de la descendance des individus étudiés. Ou par l'application de la loi de **Hardy-Weinberg** en supposant que la population est en équilibre

**Structure génotypique et systèmes de fécondation:**

On peut distinguer différents modes de fécondation selon l'origine ou la nature des individus qui la réalisent les principaux d'entre eux sont définis au tableau ci-dessous.

<b>allofécondation</b>	<b>Caractères biologiques</b>
panmixie	Croisement au hasard
homogamie	Croisement privilégiés entre individus ayant le même phénotype
Hétérogamie	Croisement privilégiés entre individus de phénotype différents
apparentement	Croisement privilégiés entre individus apparentés
exogamie	Croisement privilégiés entre individus non apparentés
autofécondation	Fécondation d'un individu par lui-même.

**Modèle de Hardy-Weinberg :**

Qu'est-ce qu'un modèle mathématique ?

Un modèle mathématique est une simplification volontaire qui permet de tester les écarts à une théorie et d'en apprécier le sens.

Le modèle de Hardy-Weinberg énonce que de génération en génération et dans des conditions stables, les fréquences des allèles à un locus donné restent constantes, de la même manière que les fréquences génotypiques qui y sont liées.

Conditions du modèle :

- Espèce à reproduction sexuée,
- diploïde,
- générations non chevauchantes (croisement d'individus de même génération),

- population de grande taille (il n'y a pas de fluctuations des fréquences alléliques au cours du temps sous l'effet de la dérive),
- croisements au hasard (panmixie),
- pas de mutations,
- pas de sélection,
- pas de migration.

Hypothèses :

Trois génotypes possibles. Que se passe-t-il à la génération suivante ? s'il y a panmixie, il y a union aléatoire des gamètes

**Tableau d'union aléatoire des gamètes dans la population.**

Fréquence du génotype **AA : p<sup>2</sup>**

Fréquence du génotype **aa : q<sup>2</sup>**

Fréquence du génotype **Aa : 2pq**

$f(A) = p^2 + pq = p(p + q) = p$

$f(a) = q^2 + pq = q(p + q) = q$

	Gamètes mâles A (p)      a (q)	
Gamètes A (p)	AA (p <sup>2</sup> )	Aa (pq)
Gamètes a (q)	Aa (pq)	aa (q <sup>2</sup> )

Dans une population telle que définie précédemment, nous allons voir comment évolue la fréquence des gènes d'une génération à l'autre:

Unions possibles	AA	Aa	aa
AA	p <sup>4</sup>	2p <sup>3</sup> q	p <sup>2</sup> q <sup>2</sup>
Aa	2p <sup>3</sup> q	4p <sup>2</sup> q <sup>2</sup>	2pq <sup>3</sup>
aa	p <sup>2</sup> q <sup>2</sup>	2pq <sup>3</sup>	q <sup>4</sup>

Fréquence des mariages aa x Aa = 2pq<sup>3</sup> + 2pq<sup>3</sup> = 4pq<sup>3</sup>

Type d'union	fréquence	Génotypes des enfants		
		AA	Aa	aa
AA X AA	p <sup>4</sup>	p <sup>4</sup>		
AA X Aa	4p <sup>3</sup> q	2p <sup>3</sup> q	2p <sup>3</sup> q	
Aa X Aa	4p <sup>2</sup> q <sup>2</sup>	p <sup>2</sup> q <sup>2</sup>	2p <sup>2</sup> q <sup>2</sup>	p <sup>2</sup> q <sup>2</sup>
aa X aa	q <sup>4</sup>			q <sup>4</sup>
aa X Aa	4pq <sup>3</sup>		2pq <sup>3</sup>	2pq <sup>3</sup>
AA x aa	2p <sup>2</sup> q <sup>2</sup>		2p <sup>2</sup> q <sup>2</sup>	

Total :

AA : p<sup>2</sup> (p<sup>4</sup> + 2p<sup>3</sup>q + p<sup>2</sup>q<sup>2</sup>) = p<sup>2</sup> (p<sup>2</sup> + 2pq + q<sup>2</sup>) = p<sup>2</sup>

Aa : 2pq (p<sup>4</sup> + 2p<sup>3</sup>q + p<sup>2</sup>q<sup>2</sup>) = 2pq(p<sup>2</sup> + 2pq + q<sup>2</sup>) = 2pq

aa : q<sup>2</sup> (p<sup>4</sup> + 2p<sup>3</sup>q + p<sup>2</sup>q<sup>2</sup>) = q<sup>2</sup> (p<sup>2</sup> + 2pq + q<sup>2</sup>) = q<sup>2</sup>

La proportion des génotypes reste donc inchangée à la deuxième génération, c'est l'équilibre de Hardy-Weinberg.

## APPLICATION DE LA LOI DE HARDY-WEINBERG A L'ESTIMATION DES FREQUENCES DES GENES AUTOSOMIQUES

Si les hétérozygote ne sont pas reconnaissables (dominance complète d'un allèle), dans l'hypothèse où les génotypes sont en équilibre, les fréquences géniques et les fréquences de génotypes peuvent être estimées si la fréquence de l'homozygote rare est connue.

Supposons une maladie récessive liée à des mutations homozygote d'un gène bi allélique, A représentant l'allele normal et a l'allele mute.

Le phénotype des individus présentant les génotypes AA et Aa est identique.

Par contre, la proportion d'individus aa correspond à  $q^2$ .

On peut donc en déduire  $q = \sqrt{q^2}$  ;  $p = 1 - q$

La fréquence des hétérozygotes Aa correspond à  $2pq$  et peut être calculée

$$2pq = 2 \times \sqrt{q^2} \times (1 - \sqrt{q^2})$$

Si  $q$  est très petit,  $1 - \sqrt{q^2}$  est très proche de 1, donc  $2pq \sim \sqrt{q^2}$

Exemple: la phénylcétonurie est une maladie récessive autosomique qui atteint un enfant sur 10 000.

$$q = \sqrt{1 / 10\,000} = 1 / 100$$

$$2pq = 2 \times 1/100 \times (1 - 1/100)$$

$$1 - 1/100 = 99/100 : \text{très peu différent de } 1 ; \text{ donc } 2pq \sim 2 \times 1/100 \sim 1/50$$

### POUR LES MALADIES LIEES AU CHROMOSOME X

La situation est plus simple. Les hommes ne possédant qu'un seul chromosome X, la fréquence de l'allele morbide est égale à la proportion de garçons qui sont atteints.

Maladie récessive liée au chromosome X

Maladie récessive liée au chromosome X					
	Garçon		Filles		
Phénotype	Sain	Malade	Sain	Saine	(Malade)
Génotype	A	A (I)	AA	Aa (H)	aa
Fréquence	p	q	$p^2$	$2pq$	$q^2$

On connaît I, l'incidence de la maladie dans la population masculine =  $q$

La fréquence des filles hétérozygotes, H est donc égale à :

$$2 \times q \times (1 - q)$$

Si  $q$  est très petit :  $H = 2I$  (il y a deux fois plus de femmes hétérozygotes que de garçon atteints).



Type de croisement	Fréquence de croisement	Fréquence des descendants A/A	Fréquence des descendants A/a	Fréquence des descendants a/a
AA x AA	D <sup>2</sup>	1	0	0
aa x aa	R <sup>2</sup>	0	0	1
AA x aa	2DR	0	1	0
AA x Aa	2DH	1/2	1/2	0
Aa x aa	2RH	0	1/2	1/2
Aa x Aa	H <sup>2</sup>	1/4	1/2	1/4
Total	1	D <sup>2</sup> + DH + H <sup>2</sup> /4	2DR + DH + RH + H <sup>2</sup> /2	R <sup>2</sup> + RH + H <sup>2</sup> /4
si f(A) = p = D + H/2 et f(a) = q = R + H/2		p <sup>2</sup>	2pq	q <sup>2</sup>

Génotype  
Fréquence génotypique

A/A	A/a	a/a	
p <sup>2</sup>	2pq	q <sup>2</sup>	avec p + q = 1

- La relation établie entre les fréquences alléliques p et q et les fréquences génotypiques p<sup>2</sup>, 2pq et q<sup>2</sup> est appelée **relation de H-W**.
- Les fréquences alléliques p et q à la génération i ne varient pas à la génération suivante; en effet, selon la formule de calcul des fréquences alléliques à partir des fréquences génotypiques :
 
$$f(A) = p^2 + 2pq/2 = p^2 + pq = p(p + q) = p$$

$$f(a) = q^2 + 2pq/2 = q^2 + pq = q(p + q) = q$$
- La diversité en terme de fréquence allélique est donc stable. Cette stabilité est appelée **équilibre de H-W**. Elle est atteinte en une **génération pour un gène autosomique**.
- Les fréquences génotypiques, D, H et R varient pour prendre les valeurs p<sup>2</sup>, 2pq et q<sup>2</sup> à la génération i+1. Elles restent inchangées dans les générations ultérieures tant que les conditions de H-W sont maintenues.

## Généralisation de la loi de Hardy-Weinberg

### 1-Gènes autosomiques

Soit un gène autosomique représenté par deux allèles A et B avec les fréquences respectives p et q. Supposons que les fréquences des deux allèles sont les **mêmes chez les deux sexes**.

a-Codominance : A = B

Les fréquences phénotypiques égales les fréquences génotypique avec un Equilibre de Hardy-Weinberg de

$$p^2 + 2pq + q^2 = (p + q)^2 = 1$$

Phénotypes	A	AB	B
Génotypes	AA	AB	BB
fq géno = fq phéno	$f_q(AA) = p^2$	$f_q(AB) = 2pq$	$f_q(BB) = q^2$

Dominance et récessivité :  $A > B$

Les fréquences génotypiques sont déterminées par les fréquences alléliques, pour un gène à deux allèles, si A ( $f_q=p$ ) et a ( $f_q=q$ ) on aura : **AA =  $p^2$**

$$Aa = 2pq$$

$$aa = q^2$$

Phénotypes	A		B
Génotypes	AA	AB	BB
fq génotypiques	$f_q(AA) = p^2$	$f_q(AB) = 2pq$	$f_q(BB) = q^2$
fq phénotypiques	$f_q[A] = f_q(AA) + f_q(AB)$ $f_q[A] = p^2 + 2pq$		$f_q[B] = f_q(BB) = q^2$
Effectifs ( $N_t = N_1 + N_2$ )	N1		N2

Dans les cas de dominance (contrairement à un système codominant) pas possible de calculer les fréquences alléliques à partir des fréquences phénotypiques (proportions respectives des génotypes AA et Aa ne sont pas connues.)

Gènes autosomiques

b-Dominance et récessivité :  $A > B$

Sous l'hypothèse du modèle de Hardy-Weinberg on peut obtenir une estimation de ces fréquences à partir de la fréquence du phénotype **homozygote récessif qui est égale à  $q^2$** . **C'est alors que le modèle de Hardy-Weinberg présente la grande utilité de fournir le moyen indirect d'une telle estimation.**

**Les fréquences génotypiques sont déterminées par les fréquences alléliques**

En effet, on a :  $f_q[B] = q^2$  d'où  $q = \sqrt{f_q[B]} = \sqrt{N_2 / N_t}$

On en tire évidemment p à partir de la formule  $p + q = 1$ .

Connaissant p et q, on peut en déduire, par le calcul, les valeurs des fréquences génotypiques.

$$F_q \text{ génotypiques} \quad f_q(AA) = p^2 \quad f_q(AB) = 2pq \quad f_q(BB) = q^2$$

Gènes liés au sexe gonosomique

Dans le cas des espèces dont les femelles sont XX et les mâles sont XY, prenant l'exemple d'un gène porté par X et présentant deux allèles A et B de fréquences respectives p et q.

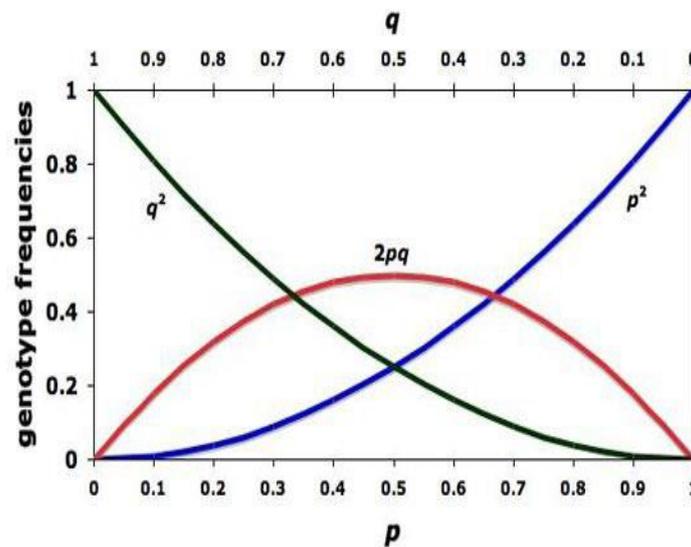
Supposons que les fréquences des deux allèles sont les mêmes chez les deux sexes.

La loi de Hardy-Weinberg s'applique uniquement au sexe homogamétique (XX) :

	Femelles ♀		Males ♂
	XA (p)	XB (q)	Y
XA (p)	XAXA (p <sup>2</sup> )	XAXB (pq)	XAY (p)
XB (q)	XAXB (pq)	XBXB (q <sup>2</sup> )	XBY (q)

Les fréquences génotypiques à l'équilibre sont donc

Femelles	AA (p <sup>2</sup> )	AB (2pq)	BB (q <sup>2</sup> )
Mâles	A (p)	/	B (q)



Système multi-allélique : Trois allèles

Dans une population soumise aux conditions du modèle de Hardy-Weinberg, l'équilibre correspond alors à l'association aléatoire des différents allèles pour former les génotypes dont la fréquence reste stable de génération en génération.

Considérons trois allèles autosomiques A, B, C de fréquences respectives p, q, r ; identiques chez les deux sexes. On obtient après croisement des gamètes portant ces allèles :

♂	A (p)	B (q)	C (r)
♀			
A (p)	AA (p <sup>2</sup> )	AB (pq)	AC (pr)
B (q)	AB (pq)	BB (q <sup>2</sup> )	BC (qr)
C (r)	AC (pr)	BC (qr)	CC (r <sup>2</sup> )

A l'équilibre de Hardy-Weinberg  
 $p^2 + 2pq + q^2 + 2pr + 2qr + r^2 = (p + q + r)^2 = 1$

Pour calculer les fréquences, il faut tenir compte des différents rapports de force qui peuvent exister entre ces trois allèles.

Codominance : A = B = C

Phénotypes	A	AB	AC	B	BC	C
Génotypes	AA	AB	AC	BB	BC	CC
f <sub>q</sub> géno = f <sub>q</sub> phéno	p <sup>2</sup>	2pq	2pr	q <sup>2</sup>	2qr	r <sup>2</sup>

Ces fréquences sont celles de l'état d'équilibre, elles ne changent pas au cours des générations.

Par ailleurs, les fréquences alléliques peuvent être calculées selon la **méthode de comptage** (effectifs) ou la **méthode probabiliste** (fréquence génotypique).

**Dominance partielle : A = B > C (groupes sanguins A=B > O)**

Phénotypes	A		AB	B		C
Génotypes	AA	AC	AB	BB	BC	CC
f <sub>q</sub> génotypiques	p <sup>2</sup>	2pr	2pq	q <sup>2</sup>	2qr	r <sup>2</sup>
f <sub>q</sub> phénotypiques	p <sup>2</sup> + 2pr		2pq	q <sup>2</sup> + 2qr		r <sup>2</sup>

L'allèle C ne peut s'exprimer qu'en absence des deux autres allèles, au niveau du génotype homozygote CC

On sait que : f<sub>q</sub>[C] = r<sup>2</sup> Donc **f<sub>q</sub>(C) = r = √ f<sub>q</sub>[C]**

Par ailleurs : f<sub>q</sub>[A] + f<sub>q</sub>[C] = p<sup>2</sup> + 2pr + r<sup>2</sup> = (p + r)<sup>2</sup>

Donc : p + r = √ (f<sub>q</sub>[A] + f<sub>q</sub>[C] )

d'où **f<sub>q</sub>(A) = p = √ (f<sub>q</sub>[A] + f<sub>q</sub>[C]) - r**

Connaissant p et r, on peut en déduire la valeur de q à partir de la formule p + q + r = 1

donc : **f<sub>q</sub>(B) = q = 1 - (p + r).**

Dominance totale : A > B > C

Phénotypes	A			B		C
Génotypes	AA	AB	AC	BB	BC	CC
f <sub>q</sub> génotypiques	p <sup>2</sup>	2pq	2pr	q <sup>2</sup>	2qr	r <sup>2</sup>
f <sub>q</sub> phénotypiques	p <sup>2</sup> + 2pq + 2pr			q <sup>2</sup> + 2qr		r <sup>2</sup>

L'allèle C ne peut s'exprimer qu'en absence des deux autres allèles, au niveau du génotype homozygote CC.

On sait que :  $f_q[C] = r^2$  donc  $f_q(C) = r = \sqrt{f_q[C]}$

Par ailleurs :  $f_q[B] + f_q[C] = q^2 + 2qr + r^2 = (q + r)^2$  Donc :  $q + r = \sqrt{f_q[B] + f_q[C]}$

d'où  $f_q(B) = q = \sqrt{(f_q[B] + f_q[C])} - r$

Connaissant q et r, on peut en déduire la valeur de p à partir de la formule  $p + q + r = 1$  donc :

$f_q(A) = p = 1 - (q + r)$ .