

GÉNOTYPE GÉNÉRALISÉ ET SÉLECTION :
ÉTUDE DE L'APPARIEMENT FRÈRE-SŒUR

C. CHEVALET. — *Station centrale de Génétique animale, C.N.R.Z., 78-Jouy-en-Josas.*

Les limites de l'étude de l'évolution d'une population d'effectif limité et soumise à l'influence de la sélection, tiennent dans l'insuffisance de la description de la population. Un progrès peut être obtenu si l'on tient compte des remarques suivantes : 1° L'identité des gènes et la dépendance des lois de probabilité qui leur sont attachées sont deux notions distinctes (GILLOIS M., 1966, *Ann. Inst. Henri Poincaré*, B, 2, 261-278); 2° La sélection affecte les proportions relatives des génotypes et par là les relations de dépendance entre gènes. Une étude cohérente doit donc utiliser une description qui porte à la fois sur l'action des gènes et sur leur dépendance mutuelle. La notion de « génotype généralisé », définie par GILLOIS (1967, *Ann. Génét.*, 10, 201-202) rend possible une telle description.

L'étude du cas particulier de la population formée à chaque génération d'un frère et d'une sœur, en croisement panmictique et sans mutation, a été abordée à l'aide des notions précédentes. Cette étude fait appel à la technique des chaînes de MARKOV; elle a été conduite dans deux cas : 1° absence de sélection; 2° sélections gamétique et zygotique. Dans le premier cas, la chaîne de MARKOV est homogène, non ergodique; les résultats classiques sont retrouvés (extinction d'un gène, coefficients de parenté et de consanguinité égaux asymptotiquement à 1°). Dans le second cas, la chaîne de MARKOV est non homogène, non ergodique; les résultats de MALECOT, dans le cas de la sélection faible, sont retrouvés (1948, *Les mathématiques de l'hérédité*, Masson et C^{ie}). Les notions utilisées permettent, en outre, de conduire les calculs sans approximation pour toutes intensités de sélection : on peut montrer, en particulier, que l'effet d'une sélection favorable à l'hétérozygote n'est sensible asymptotiquement, en l'absence de sélection gamétique, qu'au delà d'un certain taux, en deçà duquel l'effet de la consanguinité l'emporte.

LA PANMIXIE DANS UNE RACE DE CHEVAUX DOMESTIQUES :
L'EXEMPLE DES TROTTEURS FRANÇAIS

Ph. DREUX. — *Laboratoire de Zoologie de l'École normale supérieure, 24, rue Lhomond, Paris-5^e.*

Les études génétiques quantitatives sur les animaux domestiques sont souvent difficiles et il peut être utile de les appuyer par des méthodes de génétique des populations. Pour cela, il est nécessaire de savoir si la race envisagée peut être assimilée à une population fermée panmictique. L'existence même d'un stud-book permet en général d'admettre qu'elle est à peu près fermée (DREUX, 1966, *Ann. Génét.*, 9, 66).

Dans la race des *trotteurs français*, pour l'étude des caractères de la robe et des marques blanches, on a réuni 384 fratries issues de 768 reproducteurs. Pour tester la panmixie, ceux-ci ont été classés suivant les caractères qui nous intéressent : 1° la couleur de la robe : alezan *bb* (27,7 %), bai *AB* (50,2 %), bai-brun à noir (génotypes probables : *a^ta^tB*, *a^ta^tB*, *aaB* ou rarement *ED*) (22,1 %) (CASTLE, 1954, *Genetics*, 39, 35); 2° la présence de marques (88,7 %) ou leur absence totale (11,3 %); 3° la présence de marques en tête (77,5 %) ou leur absence (22,5 %); 4° la présence d'au moins une balzane (78,3 %) ou l'absence totale (21,7 %).

Il est alors facile de calculer le nombre de croisements de chaque type (6 pour la couleur, 3 pour les autres caractères) que l'on obtiendrait s'ils n'étaient déterminés que par le hasard et de les comparer aux nombres de fratries correspondants observés effectivement. On obtient les nombres suivants pour les 4 caractères étudiés : (1) 27-97-17-107-53-83 fratries observées

pour 29,4-96,8-18,8-106,8-47,0-85,2 calculées; (2) 304-73-7 pour 302,1-77,0-4,9; (3) 231-133-20 pour 230,6-133,9-19,5; (4) 233-135-16 pour 235,4-130,5-18,1. On voit que dans tous les cas, la concordance est très remarquable. La race des *trotteurs français* est donc assimilable à une population panmictique pour tous les facteurs pris en considération dans cette étude.

UN EFFET APPARENT DU RANG DE NAISSANCE SUR L'INCIDENCE D'UN CARACTÈRE QUALITATIF DANS L'ANALYSE DE DONNÉES FAMILIALES

J.-M. GOUX. — *Laboratoire de Génétique, École nationale supérieure agronomique, 35-Rennes.*

Dans les études familiales de caractères qualitatifs, les données sont souvent obtenues par recensement des individus manifestant le caractère. On dispose donc d'une statistique des familles dont au moins un enfant est du type recherché. Par ce mode d'échantillonnage, il n'est pas possible de détecter toutes les familles dont les parents, sans manifester le caractère, sont capables de le transmettre. On n'atteindra pas celles dont aucun enfant ne présente le caractère sous le simple effet du hasard. Pour une dimension n déterminée des familles, et si la probabilité p d'apparition du caractère chez un enfant est la même dans toutes les familles étudiées, le nombre d'enfants qui le manifestent est distribué en loi binômiale tronquée. L'importance relative de la classe non-détectée varie en fonction inverse de la dimension de la famille. La probabilité de cette classe est $P_0 = (1 - p)^n$ et si n augmente, P_0 diminue. En étudiant l'incidence du caractère en fonction du rang de naissance sur de telles données familiales, on constate que le biais ci-dessus, s'il n'est pas pris en considération, entraîne un effet apparent du rang de naissance sur l'incidence du caractère. En effet, la contribution de chaque dimension de famille n'est pas la même aux divers rangs, ce qui entraîne une diminution de l'incidence du caractère lorsque le rang de naissance augmente. Cette diminution est évidemment dépourvue de signification biologique.

Nous avons observé un tel biais dans une statistique familiale relative à la luxation congénitale de la hanche dans une population humaine. Pour cette affection, la situation est encore compliquée du fait que la probabilité d'atteinte n'est pas la même dans les deux sexes, par suite d'une différence de pénétrance. Il faut alors faire appel à un modèle multinomial tronqué. La prise en compte du biais d'échantillonnage fait disparaître l'effet apparent du rang.

NON LINÉARITÉ DE LA RELATION ENTRE MORTALITÉ PÉRINATALE ET CONSANGUINITÉ DANS LA POPULATION FRANÇAISE

F. REYNES. — *Laboratoire de Génétique, E.N.S.A., 35-Rennes.*

L'objectif initial de la recherche était de répondre à la question : « les équilibres génétiques des populations humaines résultent-ils principalement des mécanismes mutationnel ou ségrégationnel? ». A travers des raisonnements très dispersés, on constate le recours à un même procédé de mesure basé sur l'effet de la consanguinité. Jusqu'à présent, les essais de mesure de l'effet de la consanguinité sur le « fardeau génétique » d'une population ont consisté à comparer un groupe de couples consanguins à l'ensemble de la population dont ils faisaient partie, en admettant en particulier l'hypothèse d'additivité des effets des divers loci portant des gènes défavorables. Par des techniques démographiques spécifiques, nous avons pu montrer que la mortalité périnatale — somme de la mortinatalité et de la mortalité infantile endogène — n'est pas une fonction linéaire de la consanguinité : les hypothèses de base ne sont par conséquent pas valables, notamment celle concernant l'action indépendante des divers loci porteurs de gènes défavorables. Il n'est donc pas possible, sous ces hypothèses simplificatives, d'avoir une indication sur l'importance relative des