

Institut royal des Sciences | Koninklijk Belgisch Instituut
naturelles de Belgique | voor Natuurwetenschappen

BULLETIN

Tome XXXIX, n° 10

Bruxelles, février 1963.

MEDEDELINGEN

Deel XXXIX, n° 10

Brussel, februari 1963.

RELATION ENTRE LE COEFFICIENT DE CONSANGUINITE α
ET LE COEFFICIENT DE CORRELATION GAMETIQUE
(CAS DES POPULATIONS D'EFFECTIF CONSTANT
EGAL A DEUX).

par Elisabeth DEFRISE-GUSSENHOVEN (Bruxelles).

INTRODUCTION.

L'interprétation d'un coefficient de consanguinité, (c. de c.), observé dans une population humaine, pose des problèmes délicats. On peut évidemment considérer les unions consanguines comme résultant du jeu de la panmixie dans une population à effectif limité. C'est ce que fait DAHLBERG (1), qui calcule l'effectif total de l'isolat à l'aide de la fréquence observée des unions entre cousins germains, supposées contractées au hasard, au même titre que les mariages entre sujets non apparentés.

Ne faut-il pas, au contraire, considérer que certains groupes humains favorisent délibérément les unions entre proches parents ? Dans ce cas, le nombre de ces dernières serait plus élevé que ne le voudrait le simple hasard. Ou encore, se manifeste-t-il une tendance à éviter ces unions (2) ? Alors les mariages consanguins seraient trop rares et le coefficient de consanguinité observé deviendrait inférieur à celui qui résulterait automatiquement de la limitation de l'effectif de la population.

Ainsi posées, ces questions ne peuvent être résolues, car si l'on peut toujours recenser les unions consanguines de degré inférieur, dans une aire géographique déterminée ou dans un groupe humain défini socialement, on n'a pas réussi, jusqu'à présent, à préciser avec suffisamment de rigueur l'étendue géographique et numérique d'un isolat, c'est-à-dire d'un ensemble dont les sujets se marient exclusivement entre eux.

(1) DAHLBERG, G., 1947, p. 90.

(2) SUTTER, J. et TABAH, L., 1956.

On peut tenter d'aborder ces problèmes à l'aide de deux méthodes différentes. La première méthode consiste à multiplier les observations sur le terrain, à comparer le c. de c. observé à la ville et à la campagne ou dans d'autres régions qui offrent des contrastes, à suivre l'évolution du phénomène pendant plusieurs années et à mettre en parallèle le c. de c. et la densité des unités géographiques utilisées (3).

La deuxième méthode, plus théorique, relève de la génétique des populations et s'attache à concevoir des modèles mathématiques dont la structure serait aussi proche que possible des conditions rencontrées dans les populations humaines. C'est à cette dernière catégorie de recherches que se rattache cette note. Nous cherchons la relation qui unit le c. de c. α qui résulte d'un régime matrimonial donné et le coefficient de corrélation gamétique r qui permet de rectifier la loi de Hardy-Weinberg. Nous étudions ici uniquement le cas d'une population à effectif constant et réduit et nous analysons en détail le cas $N = 2$. Ces effectifs très faibles se rencontrent souvent en laboratoire où l'objectif principal est d'obtenir des individus homozygotes pour tous les loci. Ce problème a été traité par Haldane, Fisher, Li, Kempthorne (4) et d'autres.

Nous nous proposons simplement ici de présenter la question de manière intuitive et de préciser la signification de α et de r .

1. Calcul du c. de c. α dans une population à effectif $N = 2$, composée, à chaque génération, d'un mâle et d'une femelle.

Les 2 enfants de chaque couple s'unissent entre eux. Lorsque, comme ici, il n'y a qu'un couple au départ, ce régime de croisement frère par sœur, répété à chaque génération équivaut à la panmixie.

Soit donc un couple initial $M_0 \times N_0$ composant la génération F_0 . Pour suivre les loci individuellement, nous figurons chaque locus d'un couple d'allèles par une lettre particulière, qui désignera toujours ce même locus dans la descendance.

Soient donc ef les loci homologues de M_0 et gh ceux de N_0 . Chacun de ces loci est le siège de l'un ou l'autre des gènes allèles A ou a .

Désignons par $M_n \times N_n$ le couple de la n ème génération F_n . Les enfants du couple $M_0 \times N_0$ seront caractérisés par la possession des paires de loci :

$$eg, eh, fg \text{ ou } fh,$$

chaque type d'enfant ayant une probabilité égale à $1/4$; ces enfants de la génération F_1 formeront les couples de plusieurs types, dont les descendants respectifs figurent dans les cases du tableau I.

(3) TWIESSLMANN, F. et al., 1962; DEFRISE, E. et al., 1963.

(4) HALDANE, J. B. S., 1937; FISHER, R., 1949; LI, C. C., 1955 (p. 115 et 189); KEMPTHORNE, O., 1957 (p. 81).

TABLEAU I.

Chaque case représente une union possible en F_1 et contient les probabilités des génotypes des enfants issus de cette union.

$N_1 \text{ } \varnothing$	$M_1 \text{ } \delta$			
	eg $P = 1/4$	eh $P = 1/4$	fg $P = 1/4$	fh $P = 1/4$
eg $P = 1/4$	$ee \ 1/4$ $eg \ 1/2$ $gg \ 1/4$	$ee \ 1/4$ $eh \ 1/4$ $eg \ 1/4$ $gh \ 1/4$	$ef \ 1/4$ $eg \ 1/4$ $fg \ 1/4$ $gg \ 1/4$	$ef \ 1/4$ $eh \ 1/4$ $fg \ 1/4$ $gh \ 1/4$
eh $P = 1/4$	$ee \ 1/4$ $eg \ 1/4$ $eh \ 1/4$ $gh \ 1/4$	$ee \ 1/4$ $eh \ 1/2$ $hh \ 1/4$	$ef \ 1/4$ $eg \ 1/4$ $fh \ 1/4$ $gh \ 1/4$	$ef \ 1/4$ $eh \ 1/4$ $fh \ 1/4$ $hh \ 1/4$
fg $P = 1/4$	$ef \ 1/4$ $eg \ 1/4$ $fg \ 1/4$ $gg \ 1/4$	$ef \ 1/4$ $eg \ 1/4$ $fh \ 1/4$ $gh \ 1/4$	$ff \ 1/4$ $fg \ 1/2$ $gg \ 1/4$	$ff \ 1/4$ $fg \ 1/4$ $fh \ 1/4$ $gh \ 1/4$
fh $P = 1/4$	$ef \ 1/4$ $eh \ 1/4$ $fg \ 1/4$ $gh \ 1/4$	$ef \ 1/4$ $eh \ 1/4$ $fh \ 1/4$ $hh \ 1/4$	$ff \ 1/4$ $fh \ 1/4$ $fg \ 1/4$ $gh \ 1/4$	$ff \ 1/4$ $fh \ 1/2$ $hh \ 1/4$

Le couple $eg \times eg$ (prob. = $1/4 \times 1/4$) aura, en génération F_2 , des enfants M_2 et N_2 qui seront respectivement ee , eg , gg avec des probabilités a priori égales à $1/4$, $1/2$, $1/4$.

Il est dès lors facile de calculer la probabilité a priori d'un enfant ee en génération F_2 .

$$P(ee \text{ en } F_2) = P(eg \times eg \text{ en } F_2) \times 1/4 + P(eg \times eh \text{ en } F_1) \times 1/4 + P(eh \times eg \text{ en } F_1) \times 1/4 + P(eh \times eh \text{ en } F_1) \times 1/4 = 1/16.$$

$$P(2 \text{ loci identiques en } F_2) = P(ee) + P(ff) + P(gg) + P(hh) = 1/16 \times 4 = 1/4 = \alpha_2.$$

α_2 est, par définition, le coefficient de consanguinité des enfants de la génération F_2 .

Du tableau I on tire encore :

$$P(ef \text{ en } F_2) = P(gh \text{ en } F_2) = 1/8 = P_2.$$

$$P(eg \text{ en } F_2) = P(eh \text{ en } F_2) = P(fg \text{ en } F_2) = P(fh \text{ en } F_2) = 1/8 = Q_2.$$

Les enfants de la génération F_2 formeront les couples $M_2 \times N_2$, avec des probabilités qui ne sont pas égales au produit des probabilités du type de chacun des conjoints; en effet, les conjoints sont frère et sœur de sorte que les probabilités de leurs génotypes respectifs ne sont pas indépendantes.

La probabilité d'un couple $ee \times ee$ en F_2 vaut, par exemple, $1/64$, alors que celle d'un enfant ee de la même génération est $1/16$ ($1/64 \neq 1/16^2$).

A la génération F_n , les probabilités a priori respectives des génotypes ee (ou ff , gg , hh), ef (ou gh) et eg (ou eh , fg , fh) sont α_n , P_n , Q_n .

Deux seulement de ces génotypes sont réalisés et c'est d'eux que dépendent les génotypes des enfants de la génération suivante. α_n est la probabilité d'avoir deux loci identiques, $H_n = 2P_n + 4Q_n$ la probabilité d'avoir 2 loci d'origine distincte. On a, naturellement $\alpha_n + 2P_n + 4Q_n = 1$.

Le tableau II donne les probabilités a priori de chaque génotype pour les générations successives.

On remarque que dès la 3^e génération les probabilités a priori des sujets ef (ou gh) sont différentes des probabilités des sujets eg (ou eh , fg , fh). Durant toutes les générations ultérieures le souvenir du couple initial ($ef \times gh$) est donc conservé et les loci de M_0 ou de N_0 se trouvent un peu moins souvent réunis chez un même individu que deux loci dont l'un provient de M_0 et l'autre de N_0 . Bien entendu, la différence, entre les probabilités $P(ef)$ et $P(eg)$ diminue continuellement; elle n'est

déjà plus que de $\frac{3}{128}$ à la 6^e génération.

Les probabilités a priori des individus à loci identiques augmentent rapidement et tendent vers un.

Le tableau II révèle immédiatement que P_n est toujours la moitié de

$$Q_{n-1} \text{ tandis que } Q_n \text{ vaut } P_n + \frac{P_{n-1}}{2}.$$

TABLEAU II.

Probabilités des différents génotypes dans les unions frère-sœur répétées.

Couples	Prob. de 2 loci identiques = (c. de c.) = α	$P(ee) = P(ff) =$ $P(gg) = P(hh) =$ $\frac{\alpha}{4}$	$P(ef) = P(gh)$ $= P$	$P(eg) = P(ch)$ $= P(fg) =$ $P(fh) = Q$
$M_0 \times N_0$	0	0	$\frac{1}{2}$	0
$M_1 \times N_1$	0	0	0	$\frac{1}{4}$
$M_2 \times N_2$	$\frac{1}{4}$	$\frac{1}{16}$	$\frac{1}{8}$	$\frac{1}{8}$
$M_3 \times N_3$	$\frac{3}{8}$	$\frac{3}{32}$	$\frac{1}{16}$	$\frac{1}{8}$
$M_4 \times N_4$	$\frac{8}{16}$	$\frac{8}{64}$	$\frac{1}{16}$	$\frac{3}{32}$
$M_5 \times N_5$	$\frac{19}{32}$	$\frac{19}{128}$	$\frac{3}{64}$	$\frac{5}{64}$
$M_6 \times N_6$	$\frac{43}{64}$	$\frac{43}{256}$	$\frac{5}{128}$	$\frac{8}{128}$
.
.
.
.
$M_n \times N_n$	α_n	$\frac{\alpha n}{4}$	$P_n = \frac{Q_{n-1}}{2}$	$Q_n = P_n + \frac{P_{n-1}}{2}$

Cela permet d'établir les formules de récurrence :

$$Q_n = \frac{Q_{n-1}}{2} + \frac{Q_{n-2}}{4}$$

$$P_n = \frac{P_{n-1}}{2} + \frac{P_{n-2}}{4}$$

et, si l'on appelle $1 - \alpha_n = H_n = 2P_n + 4Q_n$ la probabilité d'avoir des loci non identiques on obtient :

$$H_n = \frac{H_{n-1}}{2} + \frac{H_{n-2}}{4} \text{ et } \alpha_n = \frac{1}{4} + \frac{\alpha_{n-1}}{2} + \frac{\alpha_{n-2}}{2} \text{ formules}$$

bien connues, la première étant celle de la série de Fibonacci.

La seconde formule est obtenue par Malécot (5) par des raisonnements purement probabilistes.

2. Utilisation du tableau II des loci pour déterminer les probabilités a priori des génotypes AA, Aa et aa dans la descendance de la population $N = 2$.

A) Les loci e, f, g, h de la génération F_0 sont le siège de gènes pris au hasard dans une vaste population panmictique où les gènes allèles A et a ont les fréquences respectives p et q . Il s'ensuit que e, f, g et h sont occupés par le gène A avec une probabilité p et a avec une probabilité q . Un génotype sera AA, soit parce qu'il a 2 loci identiques et que l'un est occupé par le gène A, soit parce qu'il a 2 loci différents mais occupés tous deux par le gène A.

La probabilité a priori d'avoir un individu AA à la génération F_n est donc :

$$P(\text{AA en } F_n) = \alpha_n \cdot p + (1 - \alpha_n) p^2 = p^2 + \alpha_n pq$$

$$P(\text{Aa en } F_n) = (1 - \alpha_n) 2pq$$

$$P(\text{aa en } F_n) = \alpha_n q + (1 - \alpha_n) q^2 = q^2 + \alpha_n pq$$

La forme même de ces formules prouve que le coefficient de corrélation gamétique r_n , évalué a priori, est égal à α_n .

En effet, si D, H et R sont les fréquences relatives des génotypes AA,

$$\text{Aa et aa dans une population quelconque, alors } p = D + \frac{H}{2}, q = R + \frac{H}{2}$$

$$\text{et, par définition, } r = \frac{D - p^2}{pq} = \frac{DR - H^2 \cdot \frac{1}{4}}{pq}$$

En remplaçant D par sa valeur $p^2 + \alpha_n pq$, on obtient $r_n = \alpha_n$.

(5) MALÉCOT, G., 1948, p. 29.

Lorsque les loci de F_0 sont tirés au hasard d'une population panmictique nombreuse et que $N = 2$, on a :

$$\alpha_n = r_n.$$

B) La nature des gènes qui occupent les loci de la génération F_0 est donnée au départ.

1^{er} cas. Le couple initial $M_0 \times N_0$ a les génotypes $AA \times aa$. Les génotypes des générations ultérieures se déduisent du tableau II en y

TABLEAU III.

$M_0 \times N_0 : AA \times aa; e = f = A, g = h = a.$

Génération	Prob. a priori des génotypes AA	Prob. a priori des AA à loci identiques	Prob. a priori des AA à loci non identiques	α (a priori)	r (a priori)
F_0	$\frac{1}{2}$	= 0	+ $\frac{1}{2}$	0	1
F_1	0	= 0	+ 0	0	-1
F_2	$\frac{1}{4}$	= $\frac{1}{8}$	+ $\frac{1}{8}$	$\frac{1}{4}$	0
F_3	$\frac{1}{4}$	= $\frac{3}{16}$	+ $\frac{1}{16}$	$\frac{3}{8}$	0
F_4	$\frac{5}{16}$	= $\frac{4}{16}$	+ $\frac{1}{16}$	$\frac{8}{16}$	$\frac{1}{4}$
F_5	$\frac{11}{32}$	= $\frac{19}{64}$	+ $\frac{3}{64}$	$\frac{19}{32}$	$\frac{3}{8}$
F_6	$\frac{24}{64}$	= $\frac{43}{128}$	+ $\frac{5}{128}$	$\frac{43}{64}$	$\frac{8}{16}$
.
.
.
.
F_n	$P(AA)$	= $\frac{\alpha_n}{2}$	+ P_n	α_n	$r_n = \alpha_n - 2$

remplaçant les lettres e, f et g, h respectivement par les lettres A et a . Le tableau III résume la situation.

Commentaires du tableau III.

1. La proportion des AA à loci identiques augmente rapidement.
2. La probabilité α de 2 loci identiques ne dépend pas de la nature des gènes qui occupent les loci.
3. La signification exacte du coefficient de corrélation r évalué a priori figurant dans la dernière colonne du tableau III est la suivante : r_n est le coefficient de corrélation gamétique que l'on obtiendrait dans la génération F_n si l'on était parti de nombreux couples de génotype $AA \times aa$ et si l'on avait continuellement pratiqué les unions frère-sœur. Il est bien entendu que si la population ne contient qu'un seul couple, dans chaque situation ultérieure effectivement obtenue, on observera un coefficient de corrélation gamétique différent, en général, de celui du tableau III.
4. A la 2^e génération, les génotypes AA, Aa et aa ont des probabilités a priori conformes à la loi de Hardy-Weinberg ($p^2, 2pq, q^2$). Il en résulte que si l'on considère cette génération F_2 comme génération initiale, on est ramené à la situation décrite dans A) où les loci sont occupés par des gènes tirés d'une population panmictique nombreuse. Il n'est donc pas étonnant que, dans le tableau III, r_4 de la génération F_4 ait la valeur de α_2 . De même r_5 vaut α_3 , etc.

5. L'HÉRITIER donne (6) une règle pour calculer le coefficient de corrélation gamétique dans une situation déterminée, c'est-à-dire dans une population telle qu'elle existe réellement à une génération donnée : r vaut la différence entre le coefficient de consanguinité observé, résultant des unions consanguines effectivement contractées, et le $c. de c.$ évalué a priori dans une population panmictique, et qui résulte automatiquement de la limitation de l'effectif.

Or, dans notre exemple, pour $N = 2$, les deux régimes — panmixie et unions frère-sœur répétées — sont identiques, car le hasard de la panmixie se réduit ici à une certitude. Il faudrait donc que le coefficient de corrélation gamétique s'annule puisque les deux $c. de c.$, l'un observé, l'autre évalué a priori, sont égaux.

Or, grâce au tableau III, on peut constater d'abord que r , évalué a priori, ne s'annule pas. r , effectivement observé, ne s'annule pas davantage. Il faudrait, en effet, d'après L'HÉRITIER, que dans chaque situation génétique effectivement réalisée, l'on ait :

$$r = \frac{D' - p'^2}{p'q'} = 0, \text{ c'est-à-dire } D' = p'^2 = \left(D' + \frac{H'}{2}\right)^2,$$

(6) L'HÉRITIER, PH., 1954, p. 389.

p' et q' étant les fréquences géniques effectivement observées, D' celle des génotypes AA , H' celle des génotypes Aa . Si l'on aboutit, en F_n à un couple quelconque $M_n \times N_n$, par exemple de génotype : $AA \times Aa$, on a $p' = 3/4$; $q' = 1/4$ mais $D' = 1/2 \neq p'^2 = 9/16$.

Même si l'on prend le couple génotypiquement le plus probable à une certaine génération, on n'obtient pas systématiquement $r = 0$, comme il est facile de le vérifier.

TABLEAU IV.

$M_0 \times N_0 : Aa \times Aa; e = g = A, f = h = a$

Génération	Prob. a priori des génotypes AA	Prob. a priori des AA à loci identiques	Prob. a priori des AA à loci non identiques	α (a priori)	r (a priori)
F_0	0	= 0	+ 0	0	- 1
F_1	$\frac{1}{4}$	= 0	+ $\frac{1}{4}$	0	0
F_2	$\frac{1}{4}$	= $\frac{1}{8}$	+ $\frac{1}{8}$	$\frac{1}{4}$	0
F_3	$\frac{5}{16}$	= $\frac{3}{16}$	+ $\frac{1}{8}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{1}{4}$
F_4	$\frac{11}{32}$	= $\frac{8}{32}$	+ $\frac{3}{32}$	$\frac{8}{16}$	$\frac{3}{8}$
F_5	$\frac{24}{64}$	= $\frac{19}{64}$	+ $\frac{5}{64}$	$\frac{19}{32}$	$\frac{8}{16}$
F_6	$\frac{51}{128}$	= $\frac{43}{128}$	+ $\frac{8}{128}$	$\frac{43}{64}$	$\frac{19}{32}$
.
.
.
.
F_n	$P(AA)$	= $\frac{\alpha_n}{2}$	+ Q_n	α_n	$r_n = \alpha_n - 1$

LHÉRITIER a, implicitement, envisagé les seuls cas où l'effectif est suffisamment grand. C'est notamment le cas des expériences poursuivies sur des races animales (chevaux, bétail) où le nombre de sujets est considérable. Si le raisonnement n'est pas totalement convaincant, il a cependant le mérite d'avoir mis en évidence que les notions de coefficient de corrélation gamétique et de coefficient de consanguinité ne sont pas absolument superposables.

2^{me} cas. Le couple initial $M_0 \times N_0$ a les génotypes $Aa \times Aa$. Le tableau IV résume la situation.

Commentaires du tableau IV.

1. A la première génération, les génotypes AA , Aa et aa ont les probabilités a priori respectives $\frac{1}{4}$, $\frac{1}{2}$ et $\frac{1}{4}$, conformes à la loi de Hardy-Weinberg. Si l'on part de cette génération F_1 , on est ramené au cas A), de sorte que $r_3 = \alpha_2$, $r_4 = \alpha_3$, etc. (voir aussi commentaire 4 du tableau III).

2. En comparant les tableaux III et IV, où les couples de départ sont respectivement $AA \times aa$ et $Aa \times Aa$, on constate que, dans le premier cas, on a, en F_n :

$$P(AA) = \frac{\alpha_n}{2} + P_n$$

et pour le second :

$$P(AA) = \frac{\alpha_n}{2} + Q_n.$$

Ces deux formules conduisent pour les premières générations à des valeurs différentes; mais lorsque n croît, la différence entre P_n et Q_n diminue, ces deux probabilités devenant elles-mêmes insignifiantes par rapport à α_n . Pour un nombre de générations suffisamment grand, on aura pratiquement dans les deux cas des probabilités a priori égales pour le nombre d'homozygotes.

3. Chaque gène ayant une chance non négligeable d'être éliminé, on aboutit fatalement, après un nombre suffisant de générations, à une lignée purement homozygote, qui a la probabilité a priori $\frac{1}{2}$ d'être AA et la probabilité a priori $\frac{1}{2}$ d'être aa .

Cette remarque s'applique aussi au tableau III.

3^{me} cas. Le couple initial $M_0 \times N_0$ a les génotypes $AA \times Aa$. Le tableau V résume la situation.

TABLEAU V

 $M_0 \times N_0 : AA \times Aa; e = f = g = A, h = a$

Génération	Prob. a priori des génotypes AA	Prob. a priori des AA à loci identiques	Prob. a priori des AA à loci non identiques	α (a priori)	r (a priori)
F_0	$\frac{1}{2}$	= 0	+ $\frac{1}{2}$	0	$-\frac{1}{3}$
F_1	$\frac{1}{2}$	= 0	+ $\frac{1}{2}$	0	$-\frac{1}{3}$
F_2	$\frac{9}{16}$	= $\frac{3}{16}$	+ $\frac{3}{8}$	$\frac{1}{4}$	0
F_3	$\frac{19}{32}$	= $\frac{9}{32}$	+ $\frac{10}{32}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{1}{6}$
F_4	$\frac{40}{64}$	= $\frac{24}{64}$	+ $\frac{8}{32}$	$\frac{8}{16}$	$\frac{11}{12}$
F_5	$\frac{83}{128}$	= $\frac{57}{128}$	+ $\frac{13}{64}$	$\frac{19}{32}$	$\frac{11}{24}$
F_6	$\frac{171}{256}$	= $\frac{129}{256}$	+ $\frac{21}{128}$	$\frac{43}{64}$	$\frac{27}{48}$
.
.
.
.
F_n	$P(AA)$	= $\frac{3\alpha_n}{4}$	+ $(P_n + 2Q_n)$	α_n	r_n

Commentaires du tableau V.

1. Il n'y a plus entre α et r une relation aussi simple que dans les 2 cas précédents : le numérateur de r_n est la somme des numérateurs de α_{n-2} et α_{n-1} , le dénominateur de r_n est également la somme des dénominateurs de α_{n-2} et α_{n-1} .

2. Dans les 3 cas, que le couple initial soit $AA \times aa$, $Aa \times Aa$ ou $AA \times Aa$, on trouve, en 2^me génération $r_2 = 0$. Rappelons que ce r_2 est le coefficient de corrélation gamétique calculé a priori que l'on obtiendrait en F_2 si, en F_0 , on était parti d'un grand nombre de couples de génotypes identiques.

Le coefficient de corrélation gamétique a priori est nul parce que tout individu en génération F_2 contient en fait 2 gènes allèles pris au hasard dans la génération F_0 ; en somme, pour prévoir la fréquence des génotypes en F_{n+2} , connaissant la situation réelle en F_n , on applique simplement aux fréquences géniques de la population F_n les règles de la panmixie, de sorte que l'on obtient $r_{n+2} = 0$; en effet, la population de F_{n+2} est formée de rebrassage des gènes présents en F_n . Mais on ne peut passer de la même façon de F_n à F_{n+3} . Dans ce cas, les unions frère-sœur répétées bouleversent les résultats.

CONCLUSION.

La difficulté, lorsqu'on part d'une situation réelle, est qu'on ne peut calculer à partir de celle-ci, que des probabilités a priori, mais non des valeurs probables autour desquelles se grouperaient les résultats tous également possibles. Rappelons que, dans les tableaux III et IV, la

probabilité a priori d'un sujet AA est $\frac{\alpha_n}{2}$, c'est-à-dire $\frac{1}{2}$ puisque α_n

tend vers 1. Mais en réalité, ce que nous trouverons après de nombreuses générations ce seront des sujets AA (ou aa) avec une fréquence 1. La probabilité a priori ne donne donc pas une idée de la fréquence que l'on observera réellement.

2. Les notions de r et de α ne sont pas superposables, sauf si l'on tire les loci du couple initial d'une vaste population panmictique.

ABSTRACT.

An attempt is made to present in a simple form the successive generations under sib-mating in a population with only two specimens. The individual loci can be followed up easily. It is shown that gametic correlation coefficient r and coefficient of inbreeding α are different concepts. The formula $r = \alpha - \alpha'$ given by L'HÉRITIER, in which α stands for observed and α' for a priori calculated panmictic inbreeding coefficient is disproved by examples.

RÉSUMÉ.

Certains résultats connus d'une population d'effectif 2 pratiquant des unions frère-sœur répétées, sont présentés sous une forme simple qui permet de suivre aisément le sort d'un locus individuel dans les générations successives. On montre : 1° que le coefficient de corrélation gamétique r et le coefficient de consanguinité α ne sont pas des notions superposables; 2° que, dans plusieurs exemples, la formule $r = \alpha - \alpha'$ de L'HÉRITIER n'est pas vérifiée, α étant le coefficient de consanguinité observé et α' celui qu'on calcule a priori dans une population supposée constamment panmictique.

INDEX BIBLIOGRAPHIQUE.

DAHLBERG, G.

1947. *Mathematical methods for population genetics*. (S. Karger, Basle, 182 pp.)

DEFRISE-GUSSENHOVEN, E., TWIESSLMANN, F., LEGUEBE A.

1963. *Contribution des divers types d'union à l'évolution du taux de consanguinité de la population belge 1918-1959. Influence de la densité*. (à paraître dans « Population », présenté par M. J. Sutter.)

FISHER, R. A.

1949. *The theory of Inbreeding* (Oliver and Boyd, London, 120 pp.)

HALDANE, J. B. S.

1937. *Some theoretical results of continued brother-sister mating*. (J. Genetics, 34, 265-74).

KEMPTHORNE, O.

1957. *An introduction to genetic Statistics*. (J. Wiley and Sons, New-York, 544 pp.)

L'HÉRITIER, PH.

1954. *Traité de Génétique II. Génétique des populations*. (Presses Universitaires de France, Paris, 345-518).

LI, C. C.

1955. *Population genetics*. (University Chicago Press, 364 pp.)

MALÉCOT, G.

1948. *Les mathématiques de l'hérédité*. (Masson et Cie, Paris, 63 p.)

SUTTER, J. & TABAH, L.

1956. *Méthode mécanographique pour établir la généalogie d'une population. Application à l'étude des Esquimaux polaires*. (« Population », T. 11, fasc. 3, 507-520.)

TWIESSLMANN, F., MOUREAU, P. & FRANÇOIS, J.

1962. *Evolution du taux de consanguinité en Belgique de 1918 à 1959* (« Population », T. 17, fasc. 2, 241-266.)





