

# FICHE TECHNIQUE « ÉVOLUTION ALLELIQUE »

1<sup>ère</sup> étape : saisir le nom des allèles étudiés

Nom de l'allèle 1 =   
Nom de l'allèle 2 =

2<sup>ème</sup> étape : saisir la fréquence initiale du première allèle


On peut laisser par défaut la valeur 0,5.

3<sup>ème</sup> étape : attribuer une valeur sélective (= valeur adaptative) pour chaque génotype, à l'aide des curseurs, ou en saisissant directement les valeurs

Valeurs sélectives ( $\omega$ ) associées aux génotypes :

HbS//HbS :   
HbS//HbA :   
HbA//HbA :

On attribuera les valeurs sélectives en fonction des phénotypes associés aux génotypes :

	Valeur sélective du génotype	Phénotype
	0 (zéro)	Les individus porteurs de ce génotype n'ont aucune chance de se reproduire (longévité trop réduite, stérilité etc ...)
	0,1	Très peu d'individus parviennent à se reproduire (forte mortalité avant l'âge de la reproduction etc ...)
	0,2 à 0,8	Phénotypes plus ou moins désavantageux
	0,9	Phénotype légèrement désavantagé par rapport au phénotype optimal
	1	Phénotype optimal dans le milieu étudié

Il n'est pas nécessaire de connaître exactement les valeurs sélectives associées à chaque génotype pour que le modèle fonctionne. Ce qui importe c'est d'attribuer 1 au phénotype maximal, et des valeurs inférieures aux phénotypes désavantagés.

4<sup>ème</sup> étape : lancement du modèle (bouton vert)

L'évolution théorique de la fréquence du premier allèle est alors affichée (courbe). Il est possible de superposer plusieurs courbes en modifiant les réglages du modèle et en appuyant à nouveau sur le bouton vert.

