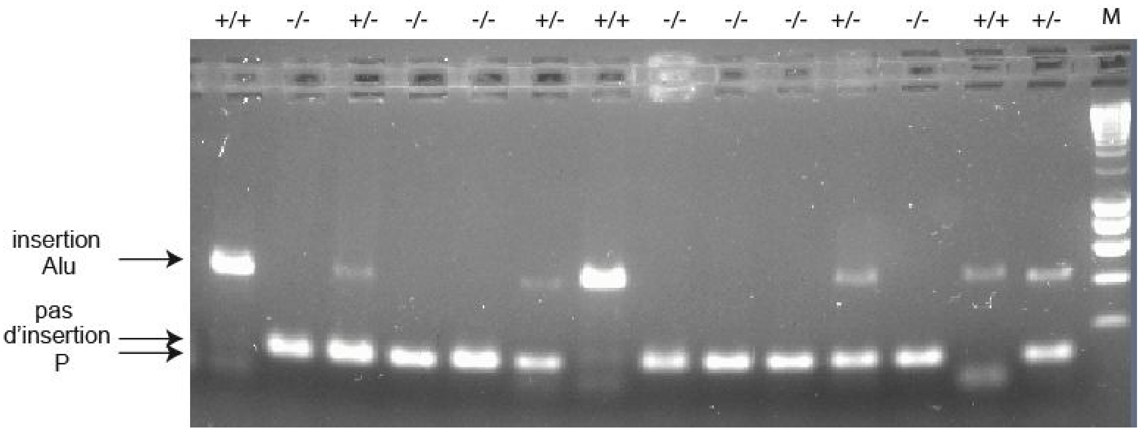
## Exemple d'analyse de résultats :

***Expérience de PCR (PV92) BiOutils***




**Fréquence des génotypes:**

| Génotype | Nombre | Fréquence |
|---|---|---|
| **+ /+** | 3 | 3/14 = **0.214** |
| **+/-** | 4 | 4/14 = **0.286** |
| **-/-** | 7 | 7/14 = **0.500** |
| | Total: 14 | |

**Fréquence allélique:**

| Allèle | Nombre | Fréquence |
|---|---|---|
| **+ (insertion Alu)** | 10 | 10/28 = **0.357** |
| **- (pas d'insertion)** | 18 | 18/28 = **0.643** |
| | Total: 28 | |

**Calcul de l'équilibre Hardy-Weinberg :**

Selon la loi d'Hardy-Weinberg les fréquences alléliques restent stables de génération en génération dans une population diploïde idéale et ne dépendent que des fréquences de la génération initiale.
La population idéale en matière de génétique des populations est une population de **grande taille**, **sans migration**, ne subissant **pas de mutation**, **pas de sélections des allèles**, dont **l'union se fait de manière aléatoire**.

L'équation de Hardy-Weinberg est la suivante : $\mathbf{p^2 + 2pq + q^2 = 1}$

Où p est la fréquence d'un allèle et q la fréquence de l'autre allèle (p + q est toujours égal à 1)

Dans notre cas:

$\mathbf{p^2 = (0.357)^2 = 0.127}$
$\mathbf{2pq = 2 \times 0.357 \times 0.643 = 0.459}$
$\mathbf{q^2 = (0.643)^2 = 0.413}$

Donc à l'équilibre Hardy-Weinberg les valeurs attendues (ou ***Espérées***) sont :

Pour **+/+** 0.127 x 14 = **1.778**, et on en a **observé 3** dans notre groupe
Pour **+/-** 0.459 x 14 = **6.426**, et on en a **observé 4** dans notre groupe
Pour **-/-** 0.413 x 14 = **5.782**, et on en a **observé 7** dans notre groupe

Plus la fréquence des allèles est proche de la valeur calculée, plus la population est stable et n'évolue pas. Plus il y a d'écart, plus cette population évolue. Cette différence est évaluée à l'aide du test $\chi^2$ (« Chi carré ») comme décrit ci-dessous avec **O** et **E** correspondant respectivement aux valeurs **Observées** et **Espérées** :

$$\chi^2 = \sum \frac{(\mathrm{O} - \mathrm{E})^2}{\mathrm{E}}$$

La valeur $\chi^2$ obtenue est comparée à la valeur seuil. Celle-ci est fixée par l'indice de risque (choisi par l'utilisateur, en principe 5%) et par le degré de liberté (différence entre le nombre de génotypes et le nombre d'allèles du système étudié, ici égal à 1). Le risque et le degré de liberté définissent dans notre cas une valeur seuil de **3.841**. Si le $\chi^2$ calculé est inférieur à cette valeur seuil, la population suit la loi de Hardy-Weinberg.

Dans notre cas cela donne :

$$\frac{(3 - 1.778)^2}{1.778} + \frac{(4 - 6.426)^2}{6.426} + \frac{(7 - 5.782)^2}{5.782}$$

$$= \frac{1.493}{1.778} + \frac{5.885}{6.426} + \frac{1.484}{5.782}$$

$$= 0.840 + 0.916 + 0.257$$

$$= 2.013$$

Le $\chi^2$ calculé est donc inférieur à la valeur de 3.841. Le groupe étudié suit la loi de Hardy-Weinberg et est donc à l'équilibre (avec un risque de 5% de se tromper).