




Comment utiliser GeneClass2 ?



Limites de responsabilités: Ce logiciel est fourni en l'état. Ni les auteurs et les diffuseurs dénie toute garantie, implicite ou explicite, quant aux performances de ce logiciel. Vous pouvez redistribuer librement ce programme, tant que les conditions suivantes sont remplies : Le programme n'est pas modifié, le fichier d'aide est inclus sans modifications, aucune sorte de contribution ne peut être demandée.

Merci de citer cette référence si vous utilisez GeneClass2:

Piry S, Alapetite A, Cornuet, J.-M., Paetkau D, Baudouin, L., Estoup, A. (2004)
GeneClass2: A Software for Genetic Assignment and First-Generation Migrant
Detection. *Journal of Heredity* **95**:536-539.

 **ATTENTION :** Par souci de compatibilité internationale, le séparateur décimal utilisé par GeneClass2 est le point.

Pour utiliser GeneClass2 vos fichiers de données doivent être dans un format reconnu. Les formats de fichier reconnus sont : [GenePop](#) (codage des allèles par 2 ou 3 chiffres, ou haploïde) ([Raymond &](#)

[Rousset, 1995](#); voir aussi "[Genepop on the web](#)", [FStat](#) ([Goudet, 1995](#)), [Genetix](#) ([Belkhir et al.](#)), plus un format basé sur le XML (eXtended Markup Language) et un format à usage interne (CIRAD-PRN). Consultez les références pour de plus amples informations concernant les formats de fichiers. Notez qu'il est préférable que les fichiers de données contiennent aussi peu de données manquantes que possible (voir [Piry et al., 2004](#) pour la gestion des données manquantes).

La langue (Français ou Anglais) peut être choisie à partir du menu "Langue" de GeneClass2.

Remarquez que pour la plupart des options choisies une référence bibliographique est indiquée dans une fenêtre et il est recommandé de consulter ces références lorsque des informations détaillées sont nécessaires.

Les pages suivantes donnent des instructions plus détaillées quant à l'utilisation de GeneClass2 :

1. [Détection de migrants](#)
2. [Affectation d'individus \(ou de groupes d'individus\)](#)
3. [Conversion de formats de fichiers de données et description de la diversité des populations](#)

Bibliographie

- Baudouin L, Lebrun P (2000) An operational bayesian approach for the identification of sexually reproduced cross-fertilized populations using molecular markers. *Acta Horticulturae* **546**, 81-93.
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (1996-2001) GENETIX 4.02, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations, Laboratoire Génome, Populations, Interactions; CNRS UMR 5000; Université Montpellier II, Montpellier (France).
- Cavalli-Sforza LL, Edwards AWF (1967) Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *American Journal of Human Genetics* **19**, 233-257.
- Cornuet JM, Piry S, Luikart G, Estoup A, Solignac M (1999) New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics* **153**, 1989-2000.
- Goldstein DB, Ruiz Linares A, Cavalli-Sforza LL, Feldman MW (1995) Genetic absolute dating based on microsatellites and the origin of modern humans. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* **92**, 6723-6727.
- Goudet J (1995) Fstat version 1.2: a computer program to calculate Fstatistics. *Journal of Heredity* **86**, 485-486.
- Nei M (1972) Genetic distance between populations. *American Naturalist* **106**, 283-291.
- Nei M (1973) The theory and estimation of genetic distances. In: *Genetic Structure of Populations* (ed. Morton NE). University Press of Hawaii, Honolulu.
- Nei M (1987) *Molecular Evolutionary Genetics* Columbia University Press, New-York.
- Nei M, Tajima F, Tateno Y (1983) Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution* **19**, 153-170.

- Paetkau D, Calvert W, Stirling I, Strobeck C (1995) Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology* **4**, 347-354.
 - Paetkau D, Slade R, Burden M, Estoup A (2004) Direct, real-time estimation of migration rate using assignment methods: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology* **13**:55-65.
 - Paetkau D, Waits LP, Clarkson PL, Craighead L, Strobeck C (1997) An empirical evaluation of genetic distance statistics using microsatellite data from bear (Ursidae) populations. *Genetics* **147**:1943-1957.
 - Piry S, Alapetite A, Cornuet, J.-M., Paetkau D, Baudouin, L., Estoup, A. (2004) GeneClass2: a software for genetic assignment and first generation migrants detection. *Journal of Heredity* **95**:536-539.
 - Rannala B, Mountain JL (1997) Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* **94**, 9197-9201.
 - Raymond M, Rousset F (1995) GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity* **86**, 248-249.
 - Takezaki N, Nei M (1996) Genetic Distances and Reconstruction of Phylogenetic Trees from Microsatellite DNA. *Genetics* **144**, 389-399.
-

- [Site web du CBGP](#)
- [Site des logiciels du CBGP](#)

1) Détection de migrants de première génération

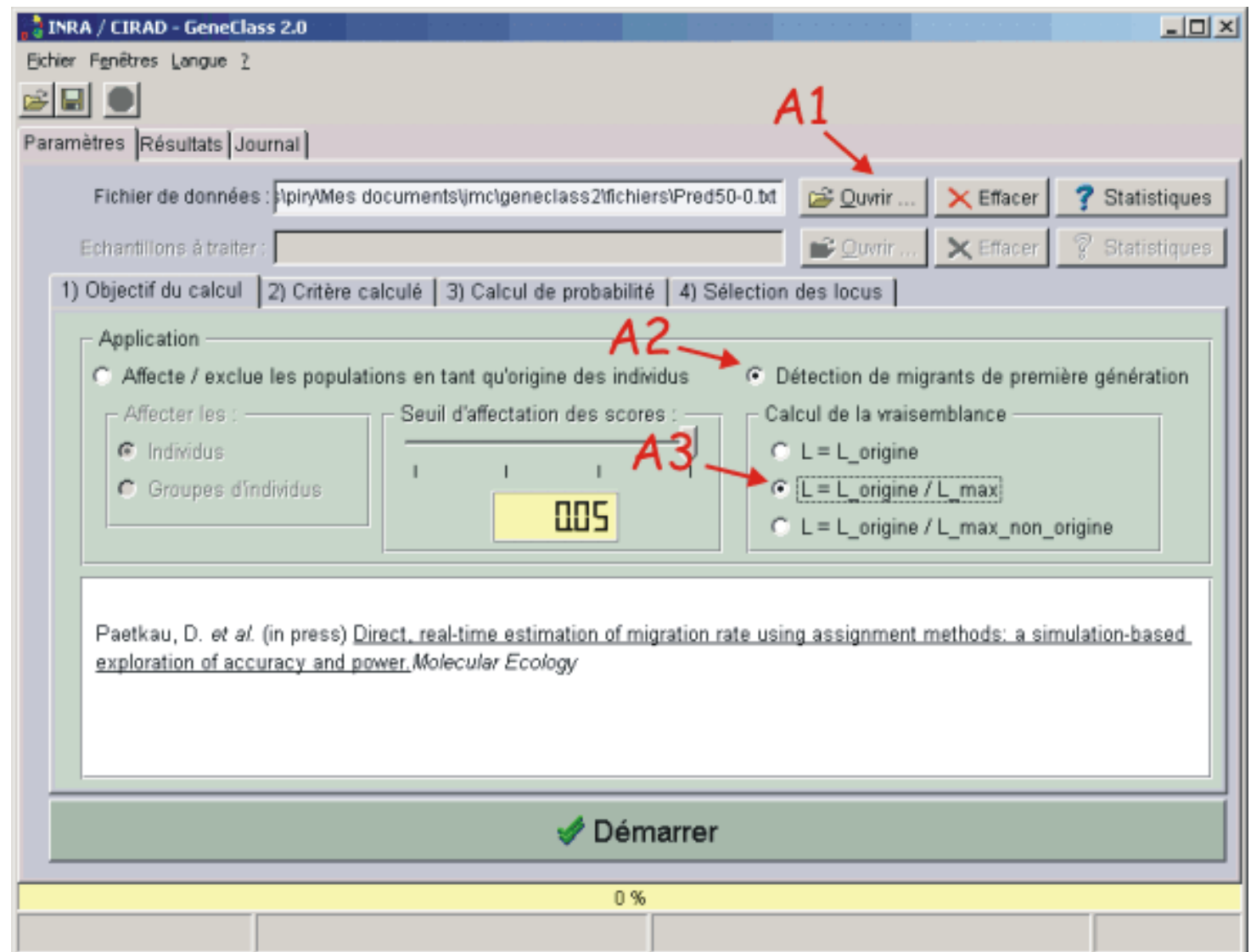
La détection de migrants ne nécessite qu'un seul fichier de données contenant à la fois les populations au sein desquelles les migrants de première génération seront recherchés et les sources potentielles de ces migrants.

Lancez GeneClass2 à partir du menu "Démarrer", dossier "CBGP". L'écran de présentation apparaît, suivi par la fenêtre principale de GeneClass2.

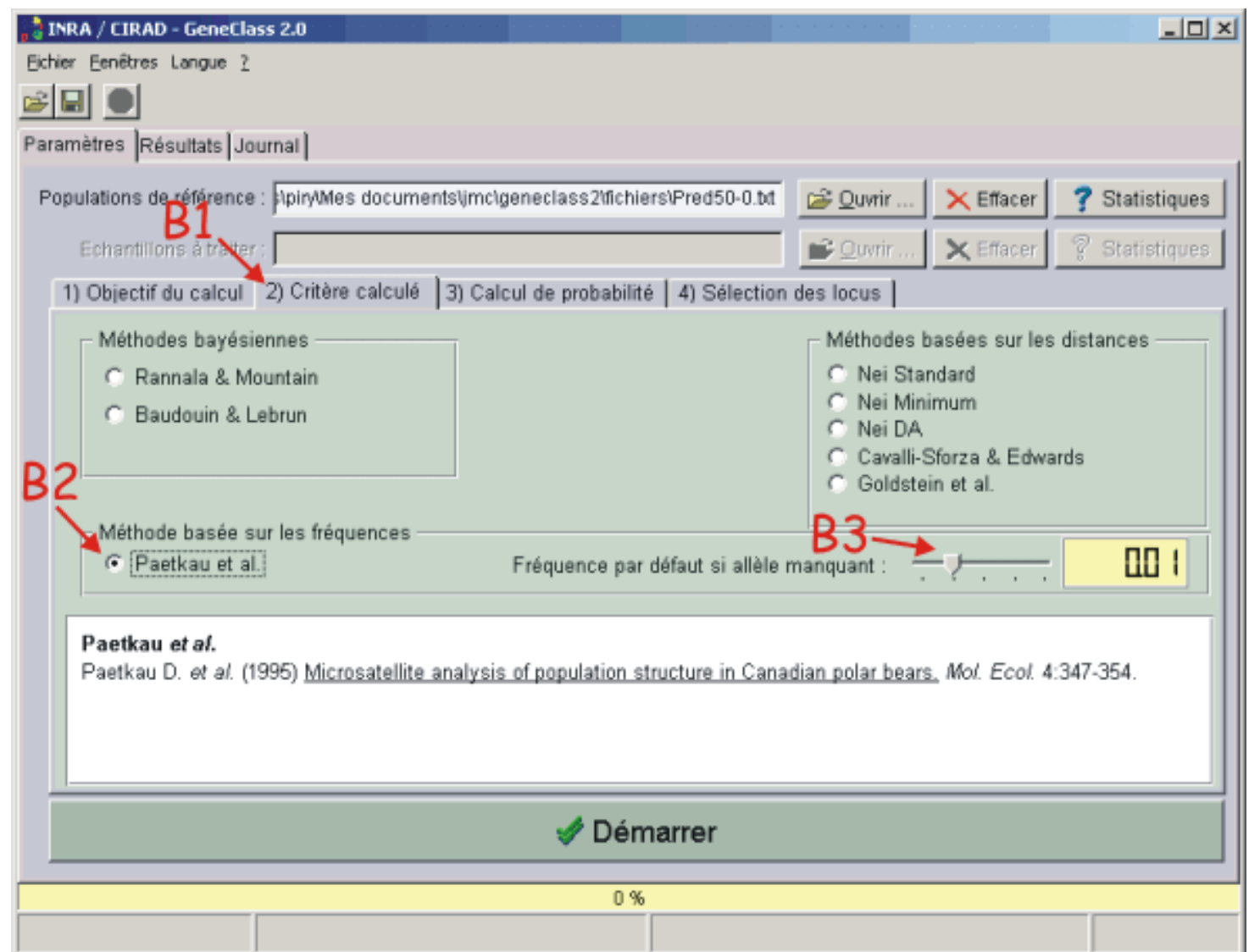
Chargez un fichier de données en cliquant sur le bouton "Ouvrir", et choisissez un fichier dans le sélecteur [A1].

Choisissez l'option "Détection de migrants de première génération" dans le premier onglet de la fenêtre principale [A2].

Choisissez le type de calcul de vraisemblance à appliquer pour la détection de migrants. Par exemple, sélectionnez " $L = L_{\text{origine}} / L_{\text{max}}$ " qui est le rapport de vraisemblance calculé entre la population dans laquelle l'individu a été échantillonné (L_{origine}) et la plus forte vraisemblance parmi toutes les populations dont la population d'origine (L_{max}) [A3] (voir [Paetkau et al. 2004](#)).

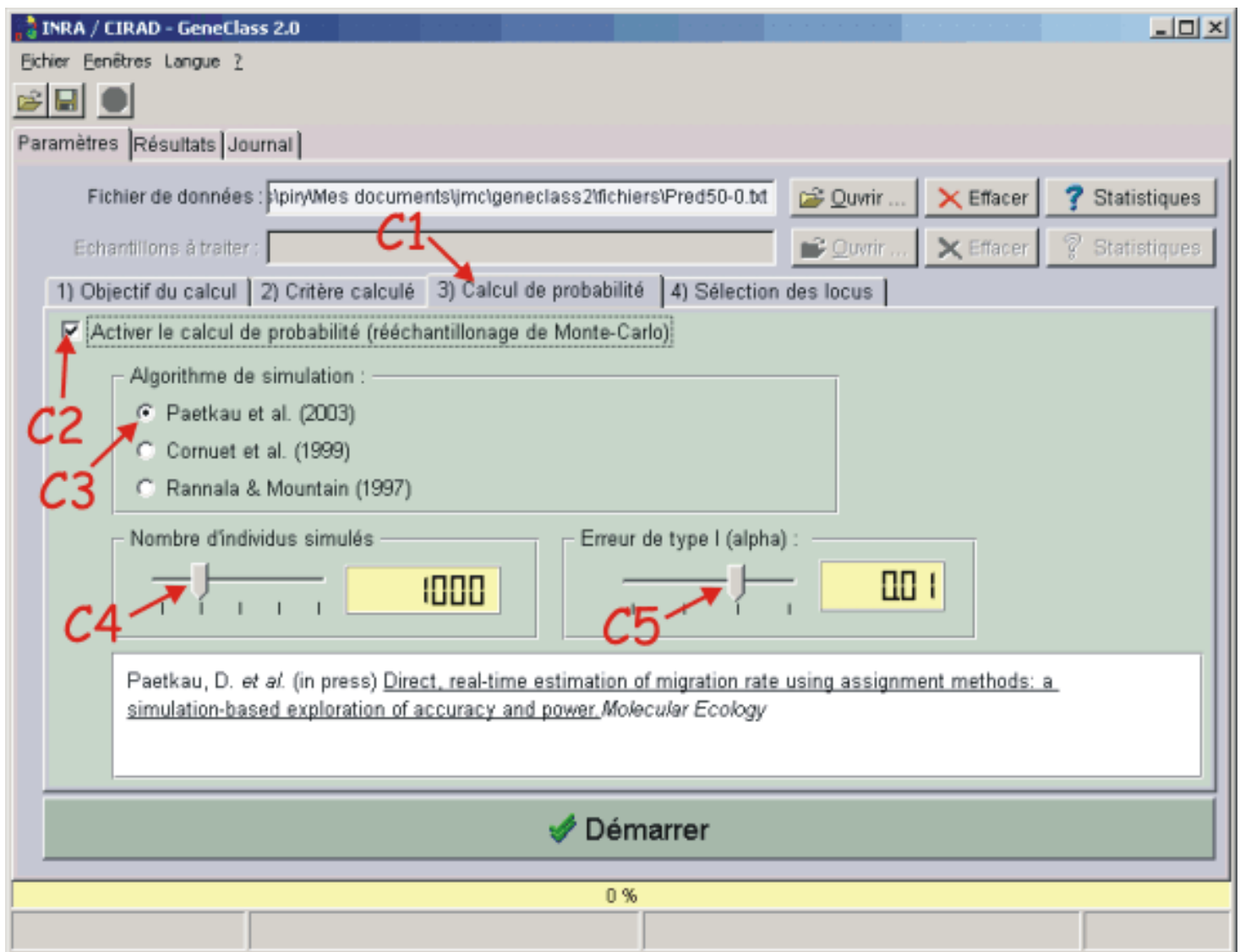


En cliquant sur l'onglet "2) Critère calculé" [B1] vous pouvez maintenant choisir le critère qui sera utilisé pour le calcul de vraisemblance. Les méthodes Bayésiennes et celle basée sur les fréquences sont souvent plus performantes que celles basées sur les distances (voir [Cornuet et al. 1999](#) pour une étude comparative). Choisissez par exemple le critère de [Paetkau et al. \(1995\)](#) [B2]. Ce critère nécessite un paramètre spécifique correspondant à la fréquence par défaut en cas d'allèle manquant ([Paetkau et al. 2004](#)). Vous pouvez faire glisser le curseur [B3] pour définir cette valeur (par exemple 0.01).



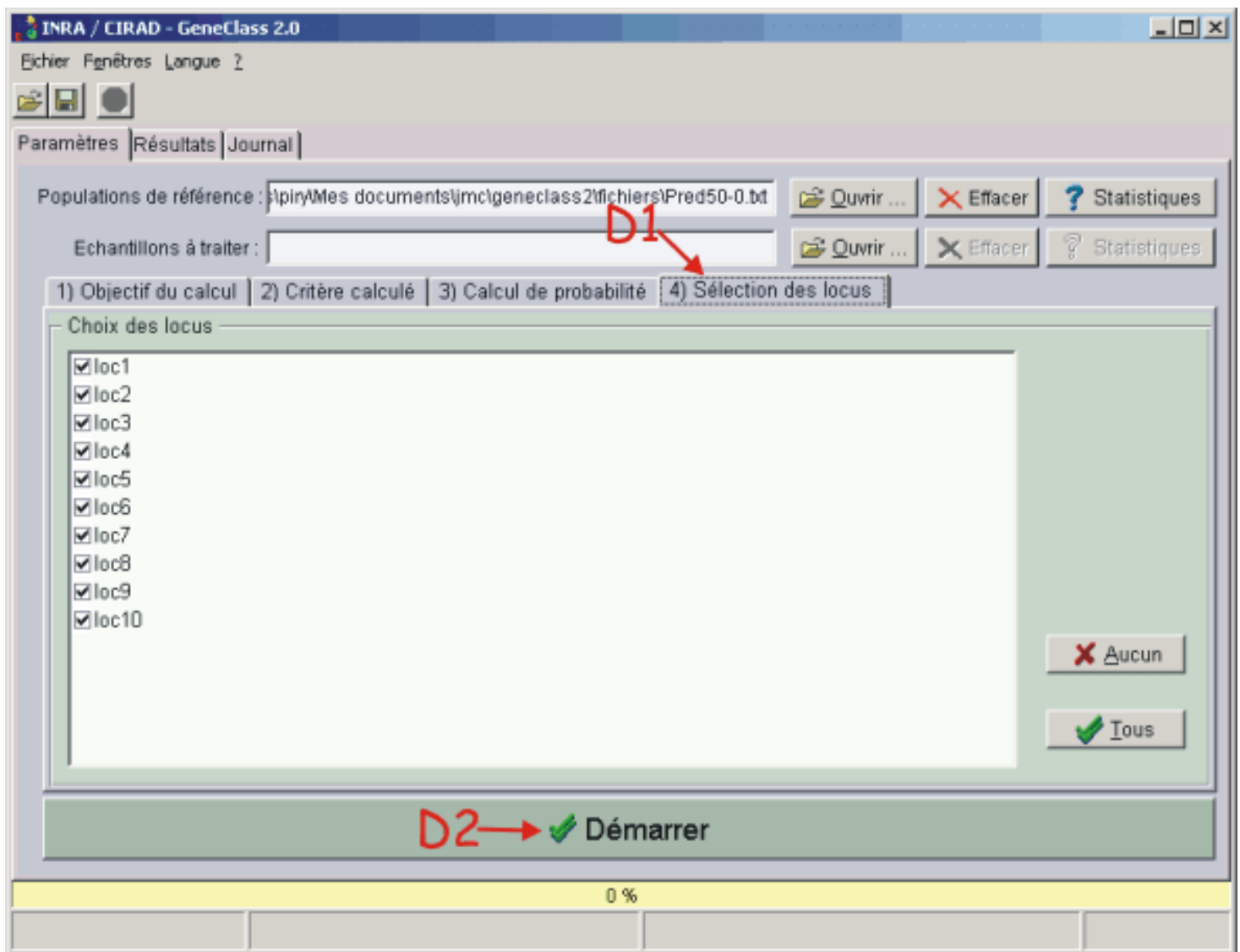
Si vous voulez calculer la probabilité qu'un individu soit un résident (c'est à dire pas un migrant de première génération), cliquez sur l'onglet "3) Calcul de probabilité" [C1], et ensuite cochez la case "Activer le calcul de probabilité (rééchantillonnage de Monte-Carlo)" [C2].

Vous pouvez désormais choisir un algorithme de rééchantillonnage [C3] (par exemple [Paetkau et al. 2004](#); recommandé pour la détection de migrants de première génération, mais voir aussi [Rannala & Mountain \(1997\)](#) et [Cornuet et al. \(1999\)](#)). Faites glisser le curseur de définition du nombre d'individus simulés [C4] (par exemple 1000, qui est la valeur par défaut, ou 10000 qui est dix fois plus long mais plus précis), et le curseur de définition de l'"Erreur de type I (alpha)" [C5] (par exemple 0.01, qui est la valeur par défaut, voir [Cornuet et al. \(1999\)](#); [Paetkau et al. \(2004\)](#)).

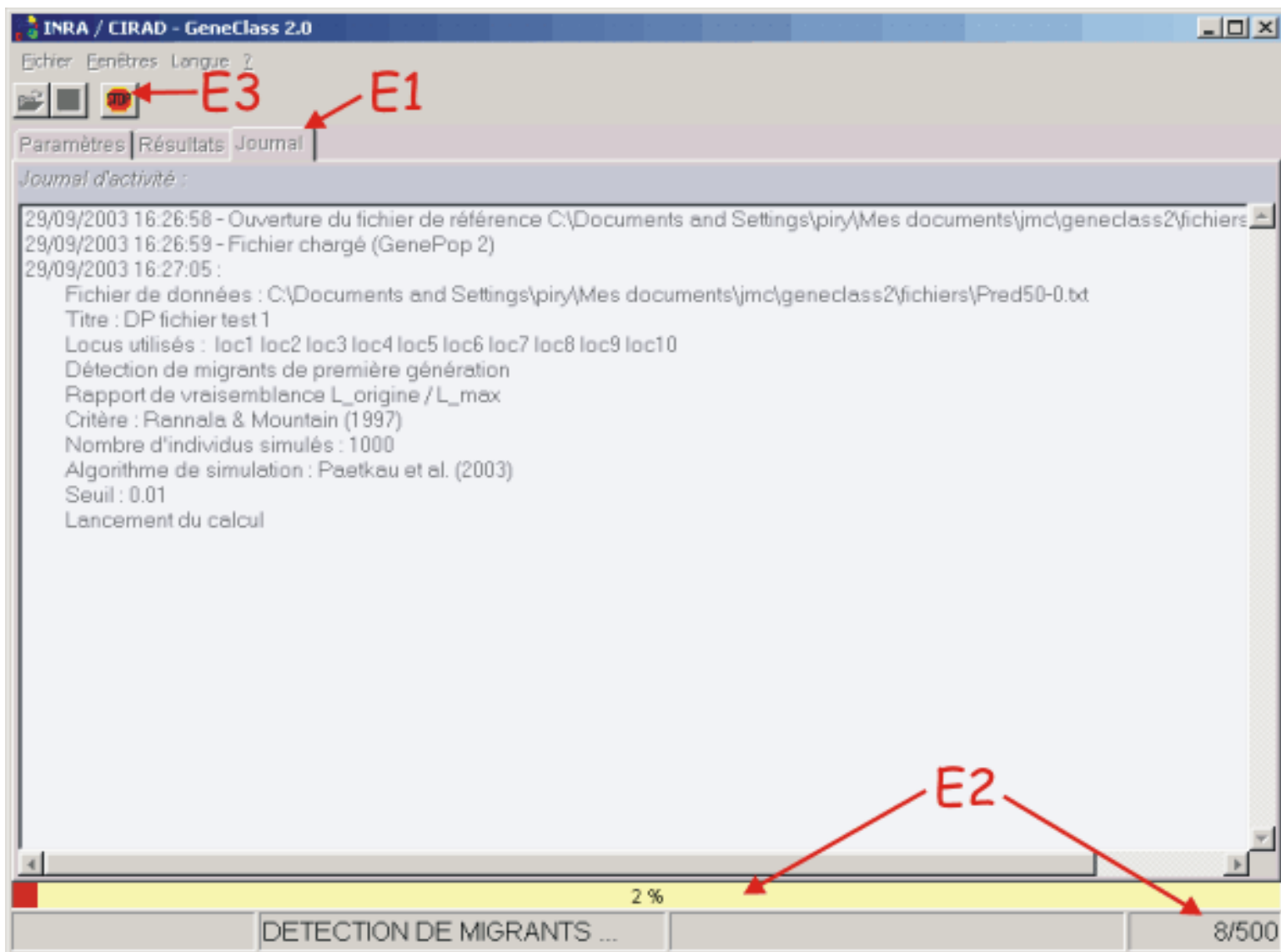


Si besoin est, vous pouvez désélectionner des locus dans l'onglet "4) Sélection des locus" [D1]. Les locus désélectionnés ne seront pas utilisés dans les calculs.

Enfin, cliquez sur le bouton "Démarrer" [D2] pour lancer le calcul.



Le programme affiche alors le "Journal" [E1] qui fait la synthèse des paramètres de lancement.
 La barre de progression et un compteur [E2] montrent l'état d'avancement du calcul.
 Le bouton "Stop" [E3] permet d'interrompre le calcul en cours.



Une fois les calculs terminés, les résultats sont affichés dans une grille dans laquelle les éventuels migrants F_0 (Paetkau *et al.*, 2004) sont colorés en rouge (**F1**) et les populations les plus probables en vert (**F2**). Le nombre d'individus ayant une probabilité inférieure à la valeur du seuil est aussi affiché (**F3**). Les résultats peuvent être imprimés (Bouton "Imprimer" [**F4**]) ou exportés au format csv (bouton "Exporter" [**F5**]).

INRA / CIRAD - GeneClass 2.0

Echier Fenêtres Langue ?

Paramètres Résultats Journal

15 individus avec une probabilité inférieure à 0.01

Imprimer ... Exporter ...

Echantillon assigné	origine	-Log10(L_origine / L_max)	probabilité	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
1/1	1	0.000	1.000	11.154	15.074	18.004	20.662	16.547	16.727	21.076	14.921	1	
1/1	1	0.000	1.000	12.098	20.158	19.863	23.973	20.146	19.918	22.598	20.739	2	
1/1	1	0.000	1.000	13.279	15.429	17.349	14.405	16.426	17.297	18.162	18.564	1	
1/1	1	0.000	1.000	13.227	19.845	18.827	21.079	19.279	21.889	19.272	15.312	1	
1/1	1	0.000	1.000	13.305	18.620	15.797	19.220	20.145	19.103	22.454	19.943	2	
1/X	1	5.767	0.000	17.083	11.316	16.918	22.171	16.725	18.636	19.146	15.344	1	
2/2	2	0.000	1.000	19.392	11.778	15.277	16.885	17.467	19.337	20.125	21.154	2	
2/2	2	0.000	1.000	15.080	10.115	19.916	19.702	16.972	19.781	24.411	15.896	1	
2/2	2	0.000	1.000	20.994	14.284	19.154	21.530	19.955	19.267	18.463	20.444	2	
2/2	2	0.000	1.000	14.998	11.153	14.489	17.454	19.753	16.686	24.702	19.548	1	
2/2	2	0.000	1.000	19.858	9.605	16.675	19.776	21.430	19.799	19.126	21.199	1	
2/2	2	0.000	1.000	15.290	8.291	17.345	18.686	19.675	22.971	24.725	19.822	1	
2/2	2	0.000	1.000	14.786	11.332	16.768	19.261	19.530	21.754	23.681	18.673	1	
2/2	2	0.000	1.000	18.369	13.074	19.879	21.635	19.869	22.360	22.902	24.003	2	
2/2	2	0.000	1.000	15.532	9.904	15.686	17.580	20.868	20.637	16.738	18.102	1	
2/2	2	0.000	1.000	17.013	11.708	20.529	20.228	20.644	23.002	25.620	23.032	1	
2/2	2	0.000	1.000	17.187	10.650	20.651	15.969	21.257	20.862	20.759	21.834	1	

100 %

Durée 1530.891 s

2) Affectation ou exclusion d'individus (ou de groupes d'individus)

Lancez GeneClass2 à partir du menu "Démarrer", dossier "CBGP". L'écran de présentation apparaît, suivi par la fenêtre principale de GeneClass2.

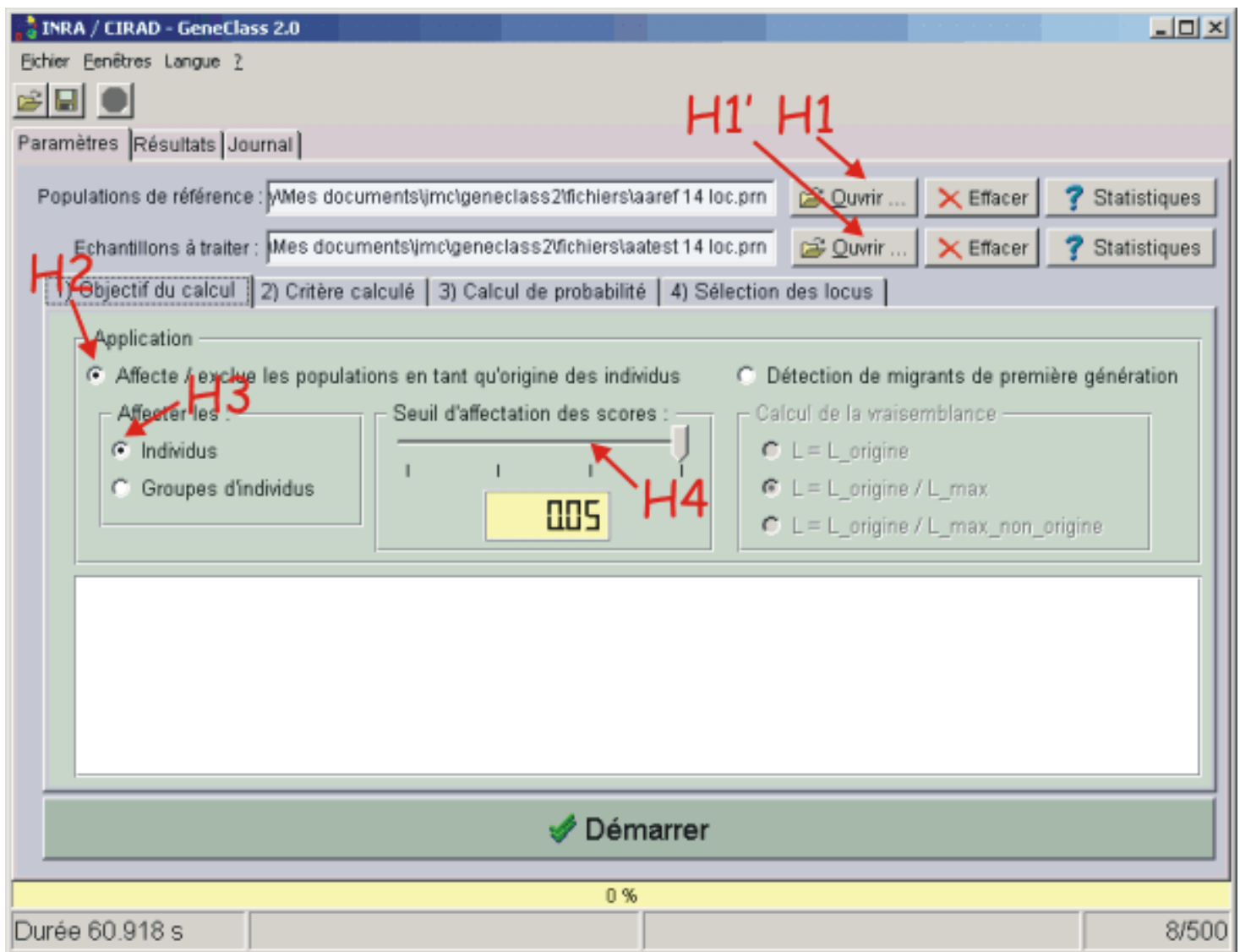
Chargez le fichier de données des populations de référence en cliquant sur le bouton "Ouvrir" supérieur [H1] et choisissez le fichier à l'aide du sélecteur.

Chargez le fichier de données des individus à affecter en cliquant sur le bouton "Ouvrir" inférieur [H1'] et choisissez le fichier à l'aide du sélecteur.

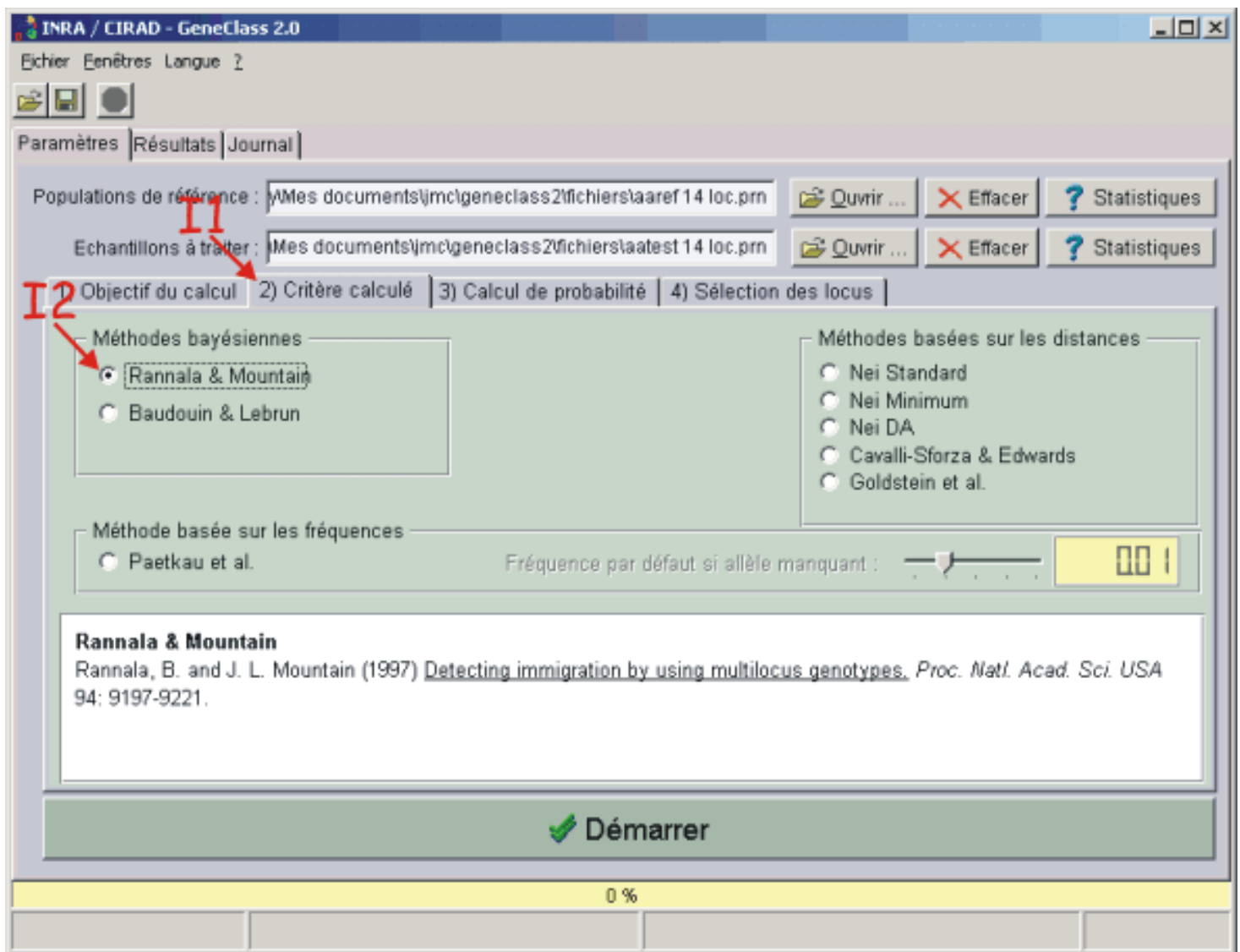
Choisissez "Affecte / exclue les populations en tant qu'origine des individus" [H2] dans le premier onglet de la fenêtre principale, et "Individus" [H3] dans la boîte "Affectation".

Notez que les statistiques d'affectation peuvent aussi être calculées sur les groupes d'individus plutôt que sur les génotypes individuels ([Baudouin & Lebrun, 2000](#)). Les groupes d'individus doivent être codés comme des populations dans le fichier d'échantillons à traiter.

Le seuil d'affectation (hors calcul des probabilités) peut être défini en faisant glisser le curseur "Seuil d'affectation des scores" [H4] (voir la partie [Calculs sans probabilités associées](#) pour une définition des scores).

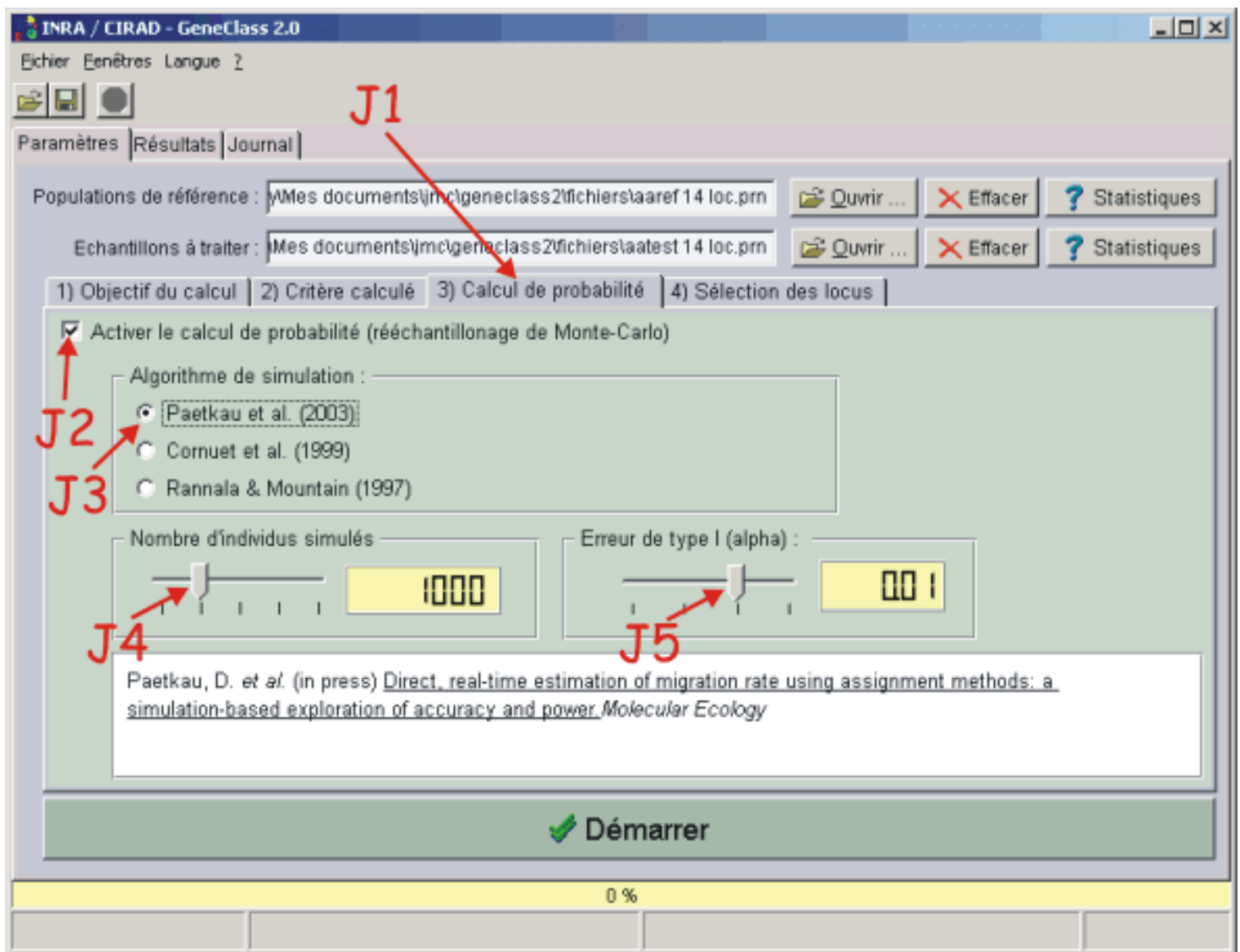


Cliquez sur le deuxième onglet "2) Critère calculé" [I1] et choisissez le critère que vous voulez utiliser (par exemple "Rannala & Mountain" [I2], cf. [Rannala & Mountain, 1997](#) et [Cornuet et al., 1999](#)). Les méthodes Bayésiennes et celle basée sur les fréquences sont souvent plus performantes que celles basées sur les distances (voir [Cornuet et al. 1999](#) pour une étude comparative).



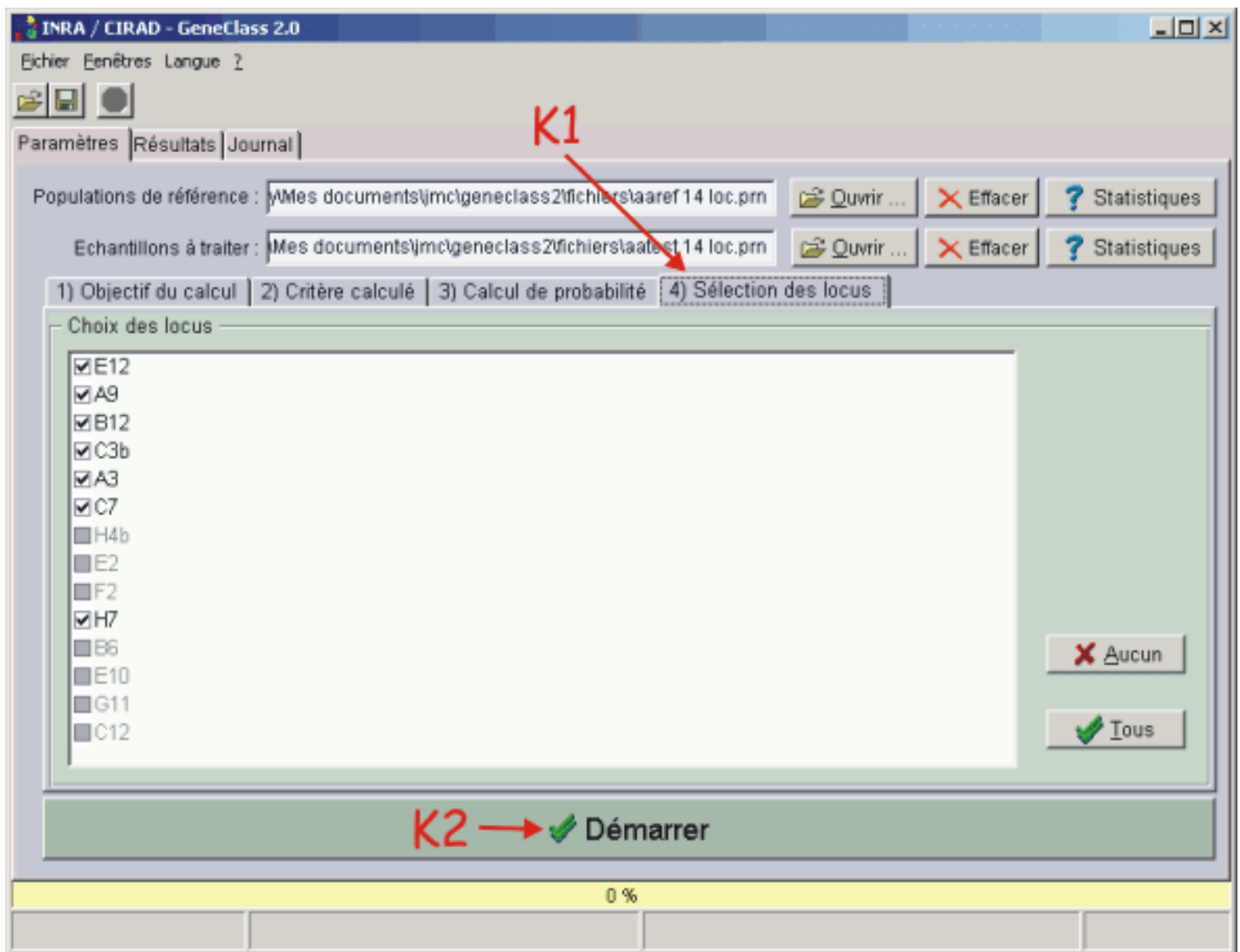
Si vous voulez calculer la probabilité qu'un individu appartienne à chacune des populations de référence, cliquez sur le troisième onglet "3) Calcul de probabilité" [J1], et cochez la case "Activer le calcul de probabilité (Rééchantillonnage de Monte-Carlo)" [J2].

Vous pouvez maintenant choisir l'algorithme de rééchantillonnage [J3], par exemple [Paetkau et al. \(2004\)](#) (recommandé, mais voyez aussi [Rannala & Mountain 1997](#) et [Cornuet et al. 1999](#)). Faites glisser le curseur [J4] pour définir le nombre d'individus simulés (par défaut 1000 ou 10000, ce qui conduit à un calcul plus précis mais dix fois plus long), et le curseur définissant l'erreur de type I [J5], par défaut 0.01 (voir [Cornuet et al. 1999](#) et [Paetkau et al. 2004](#)).

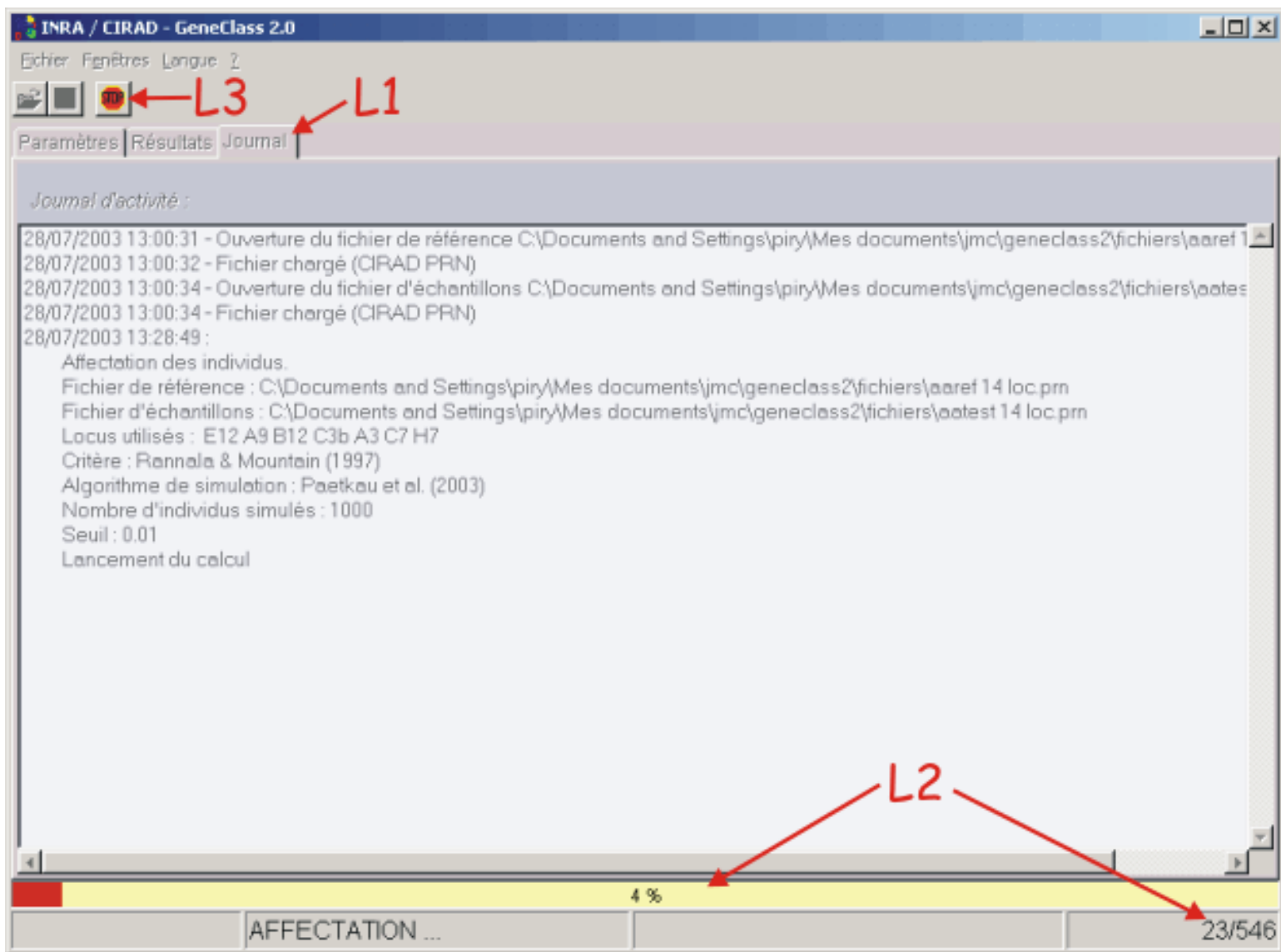


Si besoin est, vous pouvez désélectionner des locus dans l'onglet "4) Sélection des locus" [K1]. Les locus désélectionnés ne seront pas utilisés dans les calculs.

Enfin, cliquez sur le bouton "Démarrer" [K2] pour lancer le calcul.



Le programme affiche le "Journal" [L1] qui rappelle les paramètres de lancement.
Une barre de progression et un compteur indiquent l'état d'avancement du calcul [L2].
Le bouton "Stop" [L3] permet d'arrêter le calcul.



Une fois les calculs effectués, les résultats sont affichés dans un tableau dans lequel la probabilité de chaque individu d'appartenir à chacune des populations de référence est indiquée [M1] (Cornuet et al., 1999). Si la probabilité qu'un individu appartienne à une population de référence est inférieure au seuil fixé préalablement, la valeur est indiquée en grisé [M2].

Les résultats peuvent être imprimés (bouton "Imprimer" [M3] ou exportés au format csv (bouton "Exporter" [M4]).

The screenshot shows the GeneClass 2.0 software interface. The main window displays a table with 13 columns representing different populations: CKT, WAT4, JMT, KPDT, LMT, WCT, EATK, SKGT, MKAT, CALT, SLT, and SYTI. Each column has a 'probabilité' header. The rows list individuals with their IDs and corresponding probability values for each population. Red arrows labeled M1, M2, M3, and M4 point to specific cells in the table. M1 points to the probability for JMT in row TUVva/610. M2 points to the probability for LMT in row TUVva/614. M3 points to the probability for EATK in row XGD/411. M4 points to the probability for SLT in row XGD/411. The status bar at the bottom shows 'Durée 367.668 s' and '546/546'.

Echantillon assigné	CKT	WAT4	JMT	KPDT	LMT	WCT	EATK	SKGT	MKAT	CALT	SLT	SYTI
XGD/411	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.035	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000
MBD/245	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000
MBD/246	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000
MBD/247	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000
MBD/248	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000
MBD/249	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.003	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000
TUVva/599	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.002	0.027	0.000	0.000
TUVva/608	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000	0.054	0.000	0.000
TUVva/609	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002	0.000	0.005	0.065	0.000	0.000
TUVva/610	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.002	0.000	0.000
TUVva/611	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.023	0.000	0.000
TUVva/613	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000
TUVva/614	0.000	0.000	0.000	0.035	0.000	0.000	0.040	0.000	0.000	0.157	0.000	0.000
TRT+/517	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.015	0.000	0.000
TRT+/518	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.015	0.000	0.000
GGZ/169	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000
GGZ/170	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Calculs sans probabilités associées:

Si vous n'avez pas coché la case "Activer le calcul de probabilité (Rééchantillonnage de Monte-Carlo)" [J2] les résultats sont affichés comme suit : Les cinq premières paires de colonnes indiquent, pour chaque individu, les populations les plus probables et leur scores relatifs (cf. note ci-dessous) par ordre décroissant [N1]. La partie droite du tableau affiche le -Log10 des valeurs de vraisemblance [N2].

Le nombre maximal de scores affichés peut être changé avec le compteur [N3].

Note: Dans un fichier de référence comportant k populations, le score d'un individu i dans la population l est calculé comme suit :

$$score_{i,l} = \frac{L_{i,l}}{\sum_{j=1}^k L_{i,j}},$$

avec $L_{i,l}$ la valeur de vraisemblance de l'individu i dans la population l .

INRA / CIRAD - GeneClass 2.0

Echier Fcnêtres Langue ?

Paramètres Résultats Journal

Nombre des scores à afficher : 5 Imprimer ... Exporter ...

Echantillon assigné	rang	score	rang	score	rang	score	rang	score	rang	score	CKT	WAT4	JMT	KPDT	LMT
	1	%	2	%	3	%	4	%	5	%	-Log10(L)	-Log10(L)	-Log10(L)	-Log10(L)	-Log
SNRTs/392'	GPT4	26.397	COKD+	25.986	SLTm	13.372	SYTI	11.328	VTT	5.379	14.097	18.942	16.672	16.567	1
SNRTs/393'	KPDT	51.477	MZT	11.961	VTT	10.346	MXAT	9.792	SLTm	8.728	13.431	15.967	13.730	11.193	1
XGD/410	AROD	92.995	TAAT	4.688	EGD	0.986	VTT	0.359	NLT1	0.209	15.401	21.452	15.252	16.971	1
XGD/411	EGD	39.021	VTT	27.891	AROD	13.578	OLT1	6.347	MIT	3.661	15.702	20.306	13.639	15.824	1
XGD/410	AROD	92.995	TAAT	4.688	EGD	0.986	VTT	0.359	NLT1	0.209	15.401	21.452	15.252	16.971	1
XGD/411	EGD	39.021	VTT	27.891	AROD	13.578	OLT1	6.347	MIT	3.661	15.702	20.306	13.639	15.824	1
MBD/245	RBD+	99.978	TUV6	0.019	MGD	0.000	KKT2	0.000	CATD	0.000	18.198	20.306	15.846	17.096	1
MBD/246	RBD+	99.978	TUV6	0.019	MGD	0.000	KKT2	0.000	CATD	0.000	18.198	20.306	15.846	17.096	1
MBD/247	RBD+	99.978	TUV6	0.019	MGD	0.000	KKT2	0.000	CATD	0.000	18.198	20.306	15.846	17.096	1
MBD/248	RBD+	99.978	TUV6	0.019	MGD	0.000	KKT2	0.000	CATD	0.000	18.198	20.306	15.846	17.096	1
MBD/249	RBD+	99.978	TUV6	0.019	MGD	0.000	KKT2	0.000	CATD	0.000	18.198	20.306	15.846	17.096	1
TUVva/599	TUV6	61.392	TUV#	36.522	TUV7	1.628	MAT	0.438	MLT	0.005	19.555	21.196	17.925	16.603	1
TUVva/608	GazY	33.524	ELT4	21.361	SAT	16.279	ELT3	9.170	MAL2	5.492	16.897	21.314	19.030	14.255	1
TUVva/609	TUV6	87.675	TUV7	8.737	Kafal	2.711	SLTm	0.481	KJRT+	0.139	15.558	17.081	14.662	14.661	1
TUVva/610	TUV#	74.950	TUV7	23.458	TUV6	1.523	MAT	0.026	GMT5	0.025	22.292	23.934	20.567	18.422	2
TUVva/611	TUV6	78.227	RBD+	10.378	TUV#	8.658	MGD	0.349	Kafal	0.335	15.403	15.977	15.121	16.042	1
TUVva/613	TUV7	62.114	TUV6	18.607	TUV#	9.705	MAL2	7.879	KJRT+	1.221	16.373	19.344	17.796	15.394	1

100 %

Durée 3.015 s 546/546

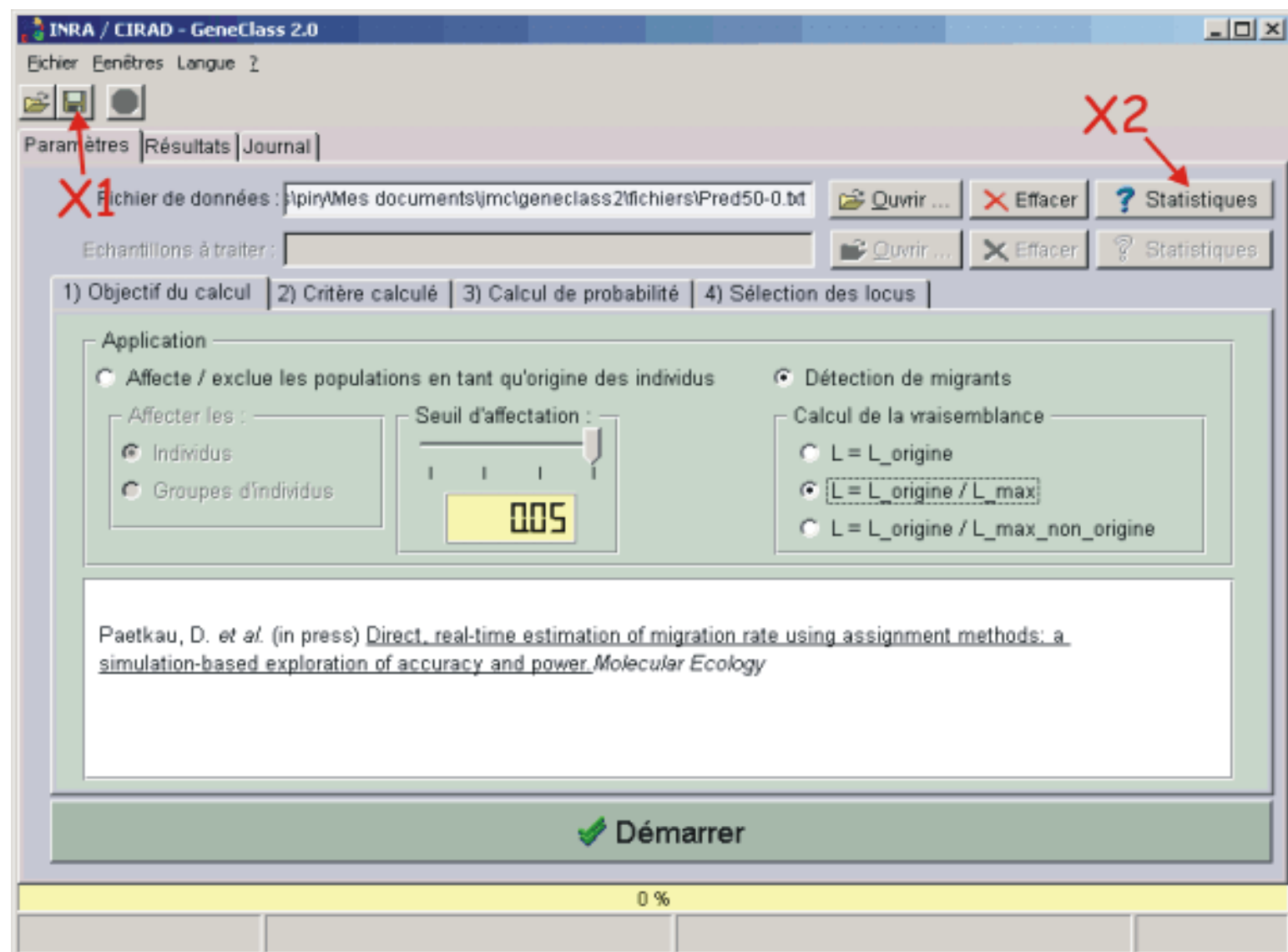
[Page principale](#)

3) Conversion des fichiers de données et description de la diversité des populations

Les fichiers de données peuvent être exportés vers un autre format grâce à l'icône "Disquette" [X1] de la barre supérieure, ou avec l'élément "Enregistrer la référence sous..." du menu "Fichier".

GeneClass2 peut ainsi être utilisé comme convertisseur de formats de fichiers pour l'échange de données entre applications différentes.

Une visualisation des statistiques classiques décrivant la diversité des populations peut être obtenue avant ou après un calcul en cliquant sur le bouton "Statistiques" [X2] dans la fenêtre principale en face du fichier correspondant.



Le résultat se présente sous la forme d'une grille contenant les fréquences alléliques, pour chaque locus et pour chaque population, la proportion d'hétérozygotes la diversité génique de Nei (Hétérozygotie *sensu* [Nei, 1987](#)).

Cette grille peut être imprimée ou exportée au format csv à partir du menu "Fichier" [Y1].

C:\Documents and Settings\piry\Mes documents\jmc\geneClass2\fichiers\Pred50-0.txt

Fichier

LOCUS	Populations :	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
loc1	Populations :	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Nombre de gènes		100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
Nombre d'Allèles		10	10	6	9	12	9	8	9	10	8
Fréquences	44	0	0	0.090	0.050	0.010	0	0	0	0.060	0
Fréquences	45	0.270	0.100	0	0.020	0.120	0.010	0.240	0.250	0.050	0.040
Fréquences	46	0	0	0	0	0	0.030	0.180	0.040	0.030	0.010
Fréquences	47	0.050	0.280	0	0.020	0.080	0	0.070	0.380	0.270	0.170
Fréquences	48	0.030	0.070	0.040	0.180	0	0.070	0	0	0.040	0
Fréquences	49	0.240	0.120	0.030	0.060	0.230	0.240	0.100	0.090	0.430	0.520
Fréquences	50	0.220	0.090	0.020	0	0.100	0.170	0.150	0.150	0.060	0.070
Fréquences	51	0	0.010	0	0.170	0.020	0.060	0.150	0	0	0
Fréquences	52	0.030	0.150	0	0.020	0.140	0.110	0	0.010	0	0
Fréquences	53	0.020	0.040	0	0	0.010	0	0	0.030	0.010	0.060
Fréquences	54	0	0	0	0	0.150	0	0.050	0	0	0
Fréquences	55	0	0	0	0	0.010	0	0	0	0	0
Fréquences	56	0.010	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Fréquences	57	0.100	0.050	0.660	0.460	0.070	0.010	0	0.040	0.040	0.110
Fréquences	58	0.030	0.090	0.160	0.020	0.060	0.300	0.060	0.010	0.010	0.020
Proportion d'hétérozygotes		0.880	0.800	0.600	0.780	0.880	0.760	0.840	0.760	0.740	0.700
"Gene Diversity" de Nei		0.814	0.858	0.533	0.727	0.874	0.810	0.853	0.766	0.736	0.685
loc2	Populations :	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Nombre de gènes		100	100	100	100	100	100	100	100	100	100
Nombre d'Allèles		6	6	7	6	7	6	6	7	6	7

[Page principale](#)