

LA SEMAINE DES HOPITAUX

29^e ANNÉE

NUMÉRO 76

14 DÉCEMBRE 1953

ORGANE FONDÉ PAR L'ASSOCIATION
D'ENSEIGNEMENT MÉDICAL DES HOPITAUX DE PARIS

ci-joint qui appelle les commentaires suivants :

Dans l'ensemble, le facteur le plus net est l'âge maternel : 27,418 ans contre 26,306 ans chez les mères d'enfants normaux. Cette différence reste significative si l'on se limite aux premiers nés (24,644 ans contre 23,525).

Les autres facteurs ont des effets divers selon le type de malformation envisagé, et il ne nous est pas possible de les discuter ici.

De ce travail résulte à notre avis cette conclusion que les conditions de vie de la période d'occupation ont eu sur la fréquence des avortements spontanés une action plus dramatique encore qu'on pouvait peut-être le penser a priori. On ne voit pas en effet d'autre explication de cette réduction de pourcentage de presque toutes les malformations, que l'influence sur ces fœtus plus vulnérables, d'une augmentation du taux total de mortalité *in utero*, due aux conditions défavorables du milieu progénésique.

REMARQUES SUR L'ÉTUDE FORMELLE DE LA CONSANGUINITE DANS LES POPULATIONS MONOGAMES

par M. R. TURPIN et M. P. SCHUTZENBERGER

INTRODUCTION

L'ÉTUDE formelle des populations peut se décomposer en trois chapitres distincts :

1° *L'analyse des structures de parenté* c'est-à-dire la description, puis éventuellement la théorie des rapports qui existent entre les individus de la population du point de vue de la relation fondamentale « a est un descendant de b ».

2° *La démographie de la population* qui étudie la composition par âge et par sexe de celle-ci et l'évolution dans le temps de ces facteurs.

3° *La génétique* dont l'objet est la composition du patrimoine héréditaire des individus et des groupes d'individus.

Comme on le voit sans peine des interactions fondamentales relient ces trois chapitres : les structures de parenté ne peuvent réaliser tel ou tel modèle que si certaines conditions démographiques sont préalablement satisfaites, celles-ci, elles-mêmes, dépendent dans une mesure variable des particularités héréditaires de la population influencées à leur tour dans leur manifestation par la trame des croisements que prescrit ou exclut la structure des parentés. En outre une théorie non formelle ne peut envisager ces problèmes sans tenir compte des causes extérieures qui agissent sur ces trois types de phénomènes et se trouvent en même temps sous leur dépendance.

Cependant ainsi posée, l'étude des populations présente des difficultés pratiquement inextricables et il est utile de considérer formellement des cas plus simples où l'on suppose que l'une au moins de ces structures jouit de propriétés particulières telles qu'elle peut être éliminée de la discussion.

A condition de garder conscience du caractère abstrait des constructions ainsi échafaudées il y a un intérêt certain à ces recherches, qui peuvent fournir des approximations satisfaisantes quand l'observation permet de conclure que l'on se trouve effectivement dans un cas voisin de ces structures limites.

Dans les pages qui suivent nous traiterons de deux problèmes très simples relevant du premier et troisième chapitre. Comme certaines définitions et notations interviendront de façon constante par la suite, il semble préférable de les rassembler ici et nous nous excusons de leur caractère quelque peu pédant.

Relations d'ascendance monogame.

Un ensemble E d'éléments a, b, c, \dots , dits « individus », sera dit muni d'une structure *monogame* si les conditions suivantes sont satisfaites :

1° E est la réunion de deux ensembles disjoints E^{σ} et E^{φ} .

2° Il existe une relation d'ordre A entre éléments de E notée aAb (« a est un descendant de b »).

3° A possède une relation de consécuité associée à $x Ay$ (« y est un parent de x »).

4° La relation $x Ay$ définit une fonction univoque $P(x)$ à valeurs dans E^{σ} et une fonction univoque $M(x)$ à valeurs dans E^{φ} , ces fonctions n'étant pas nécessairement partout définies.

5° Si $P(x)$ existe $M(y)$ existe et réciproquement.

6° Si $P(x)$ existe et est égal à $P(y)$ alors $M(x) = M(y)$, et réciproquement $M(x) = M(y)$ entraîne $P(x) = P(y)$.

Définitions accessoires.

7° Les individus tels, que $P(x)$ n'existe pas, seront

appelés « ancêtres » de la population, l'ensemble des ancêtres ne pouvant évidemment être vide que si la population est infinie.

Tout sous-ensemble G de E, satisfaisant aux conditions suivantes, sera appelé « génération ».

8° Si x et y appartiennent à G, alors on n'a jamais $x \text{ A } y$.

9° pour tout z,
ou bien $z \in G$,
ou bien il existe x ou y $\in G$ et $x \text{ A } z$ ou $z \text{ A } y$.

Il est facile de donner verbalement une interprétation des énoncés précédents :

1) exprime le fait que tout individu est mâle ou femelle ;

2) spécifie que si y est un ascendant de x et si z est un ascendant de y alors z est un ascendant de x. D'autre part 2) implique que x et y ne peuvent pas être simultanément ascendants l'un de l'autre.

On notera que dans notre définition x est ascendant de lui-même.

3, 4 et 5) précisent que si x possède des ascendants dans la population il possède nécessairement aussi un père P (x) et une mère M (x) uniques qui sont ses ascendants directs.

6) est la définition même de la monogamie stricte, (du point de vue de la reproduction).

7) définit comme ancêtres les individus dont aucun ascendant n'appartient à la population considérée.

8) et 9) donne une formulation rigoureuse du concept de génération qui contient comme cas particulier la notion habituelle.

REMARQUES SUR L'ETUDE FORMELLE DES RELATIONS ELEMENTAIRES DE PARENTE

Introduction.

Nous allons appliquer les concepts décrits précédemment pour donner une classification sommaire des systèmes possibles a priori de relations élémentaires de parenté.

1° Systèmes à obligation, versus, systèmes à interdiction.

Nous n'introduirons cette différence que pour éliminer de la suite de l'étude les systèmes à obligation que l'on définira comme suit :

Un système de relation élémentaire de parenté sera dit « à obligation » s'il existe un ensemble de règles permettant de fixer pour tout individu un autre individu unique qui est théoriquement seul susceptible d'être son conjoint.

Inversement un système sera dit « à interdiction » si les règles permettent seulement d'exclure certains individus bien déterminés comme conjoints potentiels.

Il est bien évident que les systèmes en usage dans l'espèce humaine ne sauraient que très difficilement appartenir au type « à obligation » strict tel que nous l'avons défini.

On observera qu'au contraire un système artificiel

d'inbreeding réalise précisément ce genre de relations de parenté.

2° Systèmes à classification objective et systèmes à classification subjective.

Ici au contraire les exemples des deux cas peuvent être fournis par l'anthropologie.

Nous dirons qu'une classification est objective si un système de « repères », d'invariants, peut être attaché à tout individu, qui détermine par conséquent une division de la population, en classe, groupes, clans, etc..., ces invariants étant dits généalogiques s'ils dépendent exclusivement des invariants correspondants des ancêtres de l'individu en question, et sociologiques dans le cas contraire. Un exemple d'invariant « presque » généalogique dans nos sociétés est la nationalité qui ne dépend le plus souvent que de la nationalité des parents.

Cet invariant sous la forme d'appartenance à telle ou telle caste de la société est au contraire strictement généalogique dans la société brahmanique.

Les exemples d'invariants sociologiques (année de naissance d'où appartenance à telle ou telle branche d'âge de la population et limitations, subséquente du choix du conjoint) ou intermédiaires (appartenance à telle ou telle religion, couche sociale etc...) sont trop manifestés ou émotionnellement trop chargés pour qu'on ait besoin de s'y attarder.

Inversement un système de classification est subjectif si ce rangement de la population en catégorie dépend de l'individu qui l'effectue : X est ma sœur, ma cousine, la sœur de ma femme, ce qui détermine pour moi du point de vue qui nous occupe ici des normes de conduite sensiblement différentes. Au contraire pour un autre homme, ces trois femmes qui viennent d'être données en exemple rentrent dans le seul groupe des « femmes avec lesquelles on n'a pas de lien de parenté ».

Nous sommes donc amenés à distinguer les civilisations où les règles (d'interdiction ou d'obligation) reposent sur des invariants objectifs (c'est le cas des systèmes australiens, et, à des degrés divers, celui des classes supérieures de la société européenne) des civilisations où des règles se fondent seulement sur des invariants subjectifs.

Le système Crow Omaha est typique de ce deuxième groupe et dans nos pays c'est également la seule règle qui soit sanctionnée officiellement par la loi sous la forme de la prohibition du mariage entre personnes qu'unissent déjà des liens spécifiés de parenté (frère, sœur, parents, enfants, etc...).

Un exemple d'application des méthodes formelles à l'étude d'un système objectif à interdiction.

Considérons un système objectif basé sur un seul invariant généalogique :

Ceci revient à dire 1° que la population est divisée en un certain nombre de classes que nous pouvons numéroter 1, 2, ... n, en écrivant $c(x) = i$ pour indiquer que l'individu x appartient à la i^{ème} classe.

2° Que la donnée des valeurs de c pour les ancêtres de x caractérise de manière univoque la valeur c (x).

Le système que nous étudierons sera encore plus simple puisque l'on supposera que $c(x)$ dépend exclusivement de $c(Px)$ et $c(Mx)$ soit, verbalement, que l'on connaît la classe d'un individu quand on connaît celle de son père et de sa mère.

Ceci implique naturellement que deux germains appartiennent à la même classe.

Nous imposerons enfin une dernière condition à savoir que si $c(x) = i$ son conjoint doit appartenir à une certaine classe unique dont le numéro j est donc une certaine fonction $c'(i) : [c' \text{ } i) \text{ si } x \text{ est } i \text{ et } c' \text{ } j) \text{ si } x \text{ est } j]$.

Un tel système si artificiel qu'il apparaisse est cependant appliqué effectivement par certaines civilisations.

Nous voulons savoir maintenant dans quelle mesure c (et par conséquent c') sont déterminés par le fait que :

Tout homme doit pouvoir épouser la fille du frère de sa mère ce qui constitue comme Lévi-Strauss l'a montré une règle fondamentale pour ces types de sociétés.

Pour cela nous employerons l'artifice suivant : supposons que soit né un enfant (x) de l'union envisagée plus haut et décrivons le reste des individus par rapport à lui : on a x ; $P(x)$, $M(x)$.

Le fait que $M(x)$ soit la fille du frère de la mère de $P(x)$ revient à l'assertion que la grand-mère paternelle de x ($M P(x)$) et son grand-père maternel ($P M(x)$) sont des germains soit encore :

$$P M P(x) = P P M(x) \text{ et } M M P(x) = M P M(x).$$

D'après les hypothèses faites si $c(x) = i$; $c(P(x))$ et $c(M(x))$ sont des fonctions bien déterminées de i , disons $p(i)$ et $m(i)$.

Des égalités précédentes on déduit : $p(m(p(i))) = p(p(m(i)))$ et $m(m(p(i))) = m(p(m(i)))$ pour tout i , soit encore : $m(p(i)) = p(m(i))$ pour tout i soit enfin le résultat que nous cherchions à savoir que les fonctions m et p sont commutatives.

On observera que ce résultat identique en substance avec celui, antérieur, de André Weil est cependant un peu plus général et surtout a été obtenu par une méthode générale valable pour des cas plus compliqués.

Définitions et notations propres à la génétique formelle.

Soit E une population monogame au sens où nous avons défini plus haut cette expression. Nous dirons quelle est *génétique* si les conditions suivantes sont satisfaites.

1° Il existe un ensemble Γ d'éléments $\alpha, \beta, \gamma, \dots$ (les « allèles ») et pour tout $x \in E$ une application $x = (\alpha, \beta)$ dans les couples d'éléments de Γ .

2° Si $x = (\alpha, \alpha')$; $P(x) = (\beta, \beta')$; $M(x) = (\gamma, \gamma')$ alors $\alpha = \beta$ ou β' et $\alpha' = \gamma$ ou γ' .

Ce modèle purement statique ne permet pas d'aller très loin et nous y adjoindrons les hypothèses suivantes de distribution en probabilité sans sélection :

2 bis) dans les hypothèses précédentes :

$$\Pr(x = (\beta, \gamma)) = \Pr(x = (\beta, \gamma')) = \Pr((x = (\beta', \gamma)) = \Pr(x = (\beta', \gamma')) = 1/4.$$

3° Chacun des 4 événements relatifs à x est indé-

pendant des 4 événements correspondants relative à $y \neq x$.

On introduira enfin les notions de fréquence, $\alpha(x)$, de l'allèle chez x :

$$4^\circ \alpha(x) = 0 \text{ si } x = (\beta, \beta') \text{ et } \beta \neq x \neq \beta' \\ \alpha(x) = 1/2 \text{ si } x = (\beta, \beta') \text{ et } \beta = x \neq \beta' \\ \text{ou } \beta \neq x = \beta' \\ \alpha(x) = 1 \text{ si } x = (\beta, \beta') \text{ et } \beta = x = \beta'$$

E' étant un sous ensemble de E : la fréquence $\alpha(E')$ sera bien entendu :

$$\alpha(E') = \sum \alpha(x), \text{ — pour } x \in E' \text{ —}$$

On posera : consanguinité de x et de y la fonction numérique :

$$[x, y] = 1 \text{ si } x = y \text{ et si } x = (\alpha, \alpha') \text{ avec } \alpha = \alpha' \\ = 0 \text{ si } x = y \text{ et si } x = (\alpha, \alpha') \text{ avec } \alpha \neq \alpha'$$

Si $x \neq y$ la consanguinité $[x, y] = [y, x]$ sera la consanguinité $[z, z]$ moyenne qu'aurait un z tel que $x = P(z)$ et $y = M(z)$.

Dans ce qui suit, sauf mention du contraire on supposera toujours que par fréquence ou consanguinité on entend leur valeur moyenne relativement à un système d'hypothèses spécifiées à l'avance.

Théorèmes généraux sur la consanguinité.

L'intérêt des notions précédentes est justifié par le théorème fondamental suivant qui introduit comme on le voit un principe équivalent au principe de Huygens :

THÉORÈME.

Les fonctions $\alpha(x)$ et $[x, y]$ étant données pour une génération G_0 ainsi que les structures de parentés entre cette génération et une génération antérieure G_{-1} , les fonctions $\alpha(x)$ et $[x, y]$ relatives à G_{+1} , sont indépendantes des fonctions correspondantes relatives à G_{-1} .

DÉMONSTRATION. — Il suffit, par induction, de montrer que si l'on connaît les fonctions génétiques $\alpha(x)$ et $[x, y]$ de l'ensemble $G_0 = \{P(x), P(y), M(x), M(y)\}$ les fonctions génétiques de l'ensemble $G_{+1} = \{x, y\}$ sont indépendantes de celles de $G_{-1} = \{P P(x), M P(x) M M(y)\}$ qui est l'ensemble des « grands-parents » de x et de y .

La démonstration dans ce cas particulier est alors purement casuistique et nous pouvons la laisser en exercice au lecteur qui s'appuyera sur les résultats suivants (dont le 2° quoique ne pouvant se présenter dans une population monogame est cependant indiqué ici par souci d'être complet) :

1° Si $z = P(x) = P(y)$ et $M(x) = M(y) = t$ (x et y sont « germains »)

$$[x, y] = 1/4 (+ 1/2 [z, z] + 1/2 [t, t] + 2 [z, t])$$

2° Si $z = P(x) = P(y)$ et $t = M(x)$; et $t' = M(y)$; ($t \neq t'$) (x et y sont « demi-frères »)

$$[x, y] = 1/4 (1/2 + 1/2 [z, z] + [z, t] + [z, t'] + [t, t'])$$

3° Si $z = P(x)$; $z' = P(y)$; $t = M(x)$; $t' = M(y)$; $z \neq z'$; $t \neq t'$:

$$[x, y] = 1/4 ([z, t] + [z, t'] + [z', t] + [z', t'])$$

On peut compléter le théorème par la remarque suivante :

THÉORÈME :

Les fonctions génétiques de G_t sont des fonctions linéaires des fonctions correspondantes de G₀.

Ces deux résultats permettent donc de retrouver très simplement une théorie de l'inbreeding développée par Fisher, Haldane et Sewall Wright puisqu'à chaque type de structure de parenté liant une génération à celle de ses parents correspond une matrice unique qui opère la transformation des fonctions génétiques.

On remarquera cependant que la méthode que nous proposons diffère de la méthode de Fisher par les points suivants :

- 1) Les calculs ne sont pas homogènes (ce qui est un désavantage).
- 2) On n'a pas besoin de considérer toutes les compositions de tous les couples (ce qui est un avantage) puisque l'on utilise au maximum les symétries du problème.

Traisons à titre d'exemple le croisement frère x sœur : Par hypothèse on posera :

$$x_i = P(x_{i+1}) = P(y_{i+1}) \text{ et } y_i = M(x_{i+1}) = M(y_{i+1})$$

On a ainsi :

$$[x_0, y_0] = 1/4 + 1/8 [x_{-1}, y_{-1}] + 1/8 [y_{-1}, y_{-1}] + 1/2 [x_{-1}, y_{-1}] \text{ et } [x_{-1}, x_{-1}] = [y_{-1}, y_{-1}]$$

La matrice S est par conséquent donnée par le tableau suivant :

	$[x_{i-1}, x_{i-1}]$	$[y_{i-1}, y_{i-1}]$	$[x_{i-1}, y_{i-1}]$	Constante
$[x_i, x_i]$	0	0	1	0
$[y_i, y_i]$	0	0	1	0
$[x_i, y_i]$	1/8	1/8	1/2	1/4

En itérant les formules précédentes on retrouve les résultats classiques suivants (S = matrice donnant la valeur du coefficient de consanguinité à la n^{ème} génération de mariages frère x sœur en fonction des valeurs initiales).

$$S^n = \begin{pmatrix} 1/8 & 1/8 & 1/2 & 1/4 \\ 1/8 & 1/8 & 1/2 & 1/4 \\ 1/16 & 1/16 & 1/2 & 3/8 \end{pmatrix}$$

$$S^{2n} = \begin{pmatrix} 1/16 & 1/16 & 1/2 & 3/8 \\ 1/16 & 1/16 & 1/2 & 3/8 \\ 1/16 & 1/16 & 3/8 & 1/2 \end{pmatrix}$$

$$S^{4n} = \begin{pmatrix} 1/16 & 1/16 & 3/8 & 1/2 \\ 1/16 & 1/16 & 3/8 & 1/2 \\ 3/64 & 3/64 & 5/16 & 19/32 \end{pmatrix}$$

Nous ne pouvons nous étendre sur cette question qui nécessiterait d'assez longs développements sur la répartition des racines des semblables matrices en fonction de considérations de symétrie que l'on peut imposer aux données initiales.

Donnons maintenant un autre type de théorèmes relatifs cette fois à la consanguinité comme « pseudo-distance » entre les individus.

THÉORÈME. — L'inégalité suivante est toujours identiquement vérifiée :

$$[x, y] = 1/2 (1 + \inf ([x, x], [y, y]))$$

Considérons en effet toutes les compositions génétiques de 2 individus, α, β, γ et δ étant 4 allèles différents l'on a, à des symétries évidentes près, seulement l'un des 7 cas suivants :

	I	II	III	IV	V	VI	VII
x	$\alpha\beta$	$\alpha\beta$	$\alpha\beta$	$\alpha\alpha$	$\alpha\alpha$	$\alpha\gamma$	$\alpha\alpha$
y	$\gamma\delta$	$\alpha\gamma$	$\alpha\beta$	$\gamma\delta$	$\gamma\gamma$	$\alpha\gamma$	$\alpha\alpha$
$[x, x]$	0	0	0	1	1	1	1
$[x, y]$	0	1/4	1/2	0	0	0	1
$[y, y]$	0	0	0	0	1	1/2	1

Puisque nécessairement $0 \leq [z, z] \leq 1$ les seuls cas effectifs (au sens de la théorie des ensembles convexes) sont I, III, IV, V, VI et VII d'où le résultat.

THÉORÈME. — Entre trois individus distincts, x, y et z, on a toujours l'inégalité pseudo-triangulaire.

$$1 + [x, y] \geq [y, z] + [x, z]$$

La démonstration procède selon la même méthode que les précédentes. On a cette fois à considérer six allèles différents et 23 cas possibles dont la plupart sont d'ailleurs inefficaces puisque l'on a par exemple

$$x = (\alpha, \alpha); y = (\alpha, \alpha); z = (\beta, \gamma) \text{ avec } : [x, y] = 1; [x, z] = [y, z] = 0$$

et qu'il ne reste donc à envisager que les cas où

$$[x, y] + [x, z] + [y, z] \geq 1$$

Enfin si l'on sait que x et y sont une paire de germains $P(x) = P(y)$ et $M(x) = M(y)$ on a en posant $[x, x] = [y, y] = C$:

THÉORÈME

Pour toute paire de germains distincts :

$$C \leq [x, y] \leq 3/8 + 5/8 C$$

Le résultat se déduit soit par la méthode précédente générale soit en utilisant les matrices de transition données plus haut pour le croisement frère x sœur.

UN THEOREME SUR L'EVOLUTION DE LA CONSANGUINITE DANS UNE POPULATION A REMPLACEMENT SIMPLE

Nous dirons qu'une population est à remplacement simple si à chaque génération succède une autre de même puissance obtenue par le remplacement systématique d'un père et d'une mère par leurs deux enfants qui sont en outre supposés de sexe différent. Dans une certaine mesure ce type de modèle peut constituer une première approximation grossière de la réalité, et il est intéressant de donner des théorèmes limites fixant des bornes à l'évolution des fonctions génétiques quelle que soit la nature combinatoire des relations de parenté.

THÉORÈME

Soit M_i la matrice de consanguinité temps t_i ; l'unité de temps étant choisie égale à une génération. Soit M_i la somme des éléments de M_i n'appartenant pas à la diagonale ; alors, dans une population à remplacement simple, M_i est une fonction monotone strictement décroissante de temps.

DÉMONSTRATION

Limitons nous provisoirement à M_0 entre 4 individus formant deux couples de parents : x et y et z et t. Le remplacement simple leur substitue respectivement les individus x' , y' , z' , t' . Nous avons donc à étudier dans M_1 2 types de paires d'individus : les germains x' et y' et z' et t' d'une part, et d'autre part quatre paires telles que x' , t' .

On a les calculs suivants :

$$\begin{aligned} [x', y'] &= 1/4 + 1/8 [x, x] + 1/8 [y, y] + 1/2 [x, y] \\ [z', t'] &= 1/4 + 1/8 [z, z] + 1/8 [t, t] + 1/2 [z, t] \\ [x', z'] &= [x', t'] = [y', z'] = [y', t'] = K \\ 1/4 \{ [x, z] + [x, t] + [y, z] + [y, t] \} \end{aligned}$$

D'après la dernière ligne la somme :

$$[x' z'] + [x' t'] + [y' z'] + [y' t'] = 4 K$$

est invariable en passant d'une génération à la suivante. Posons $C' = [x' y']$ et $[x, y] = C$ je dis que l'on a toujours $C' \geq C$.

En effet appelons a et b respectivement le plus petit et le plus grand de $[x, x]$ et de $[y, y]$.

On a prouvé antérieurement que :

$$C \leq 1/2 + a/2 \text{ mais } C' - C \geq 0 \text{ s'écrit :} \\ C \leq 1/2 + 1/4 a + 1/4 b$$

et comme $a + b \geq 2 a$ par hypothèse, le résultat est établi.

Revenons maintenant au cas général. Nous avons donc montré que les seuls changements intervenant dans la transition $M_0 \rightarrow M_1$ sont ceux qui résultent du remplacement d'une somme $2 [x, y]$ par la somme plus grande $1/2 + 1/4 [x, x] + 1/4 [y, y] + [x, y]$ et ceci pour chacun des N couples constituant la population de M_0 . Comme la différence $C' - C$ est en plus égale à $1/2$ dans le cas où x et y seraient deux homozygotes en deux allèles différentes nous avons donc prouvé en même temps le :

THÉORÈME

Si une population à remplacement simple est formée de 2 N individus, la valeur moyenne de la consanguinité entre individus s'accroît en K génération d'une quantité sûrement comprise entre zéro et $K (2 N - 1)^{-1}$.

En effet cette consanguinité moyenne est par définition $\bar{M}_i \times 2 (2 N - 2 N - 1)^{-1}$ et on vient de donner les deux bornes de l'accroissement de \bar{M}_i .

Le résultat précédent devient manifestement sans intérêt dès que K est de l'ordre de 2 N, et l'on pourrait en poussant l'analyse montrer que des limites plus strictes existent. De ce fait des résultats ne sont pas très améliorés par ces calculs et, comme d'usage, on a recours à la substitution d'un énoncé stochastique relativement efficace à une formulation rigoureuse mais triviale. Nous ne pouvons songer à démontrer ici que si les croisements se font au hasard la valeur moyenne de la consanguinité croît comme la fonction $\exp. (-K/2 N)$.

Calcul effectif de la consanguinité d'un individu.

Les méthodes qui ont été indiquées plus haut permettent aisément de répondre à cette question. Il est cependant important du point de vue médical de réaliser que ce calcul est en général effectué dans l'hypothèse où l'on suppose nulles les consanguinités entre les individus au sujet desquels l'arbre généalogique recueilli n'apporte pas d'indication formelle au contraire.

Il y a là une source d'erreur peut être négligeable dans beaucoup de cas mais sûrement importante quand l'on sait par exemple que les individus proviennent d'un isolat génétique. C'est dire l'importance capitale que présentent alors les travaux comme ceux de Sutter qui visent à déterminer globalement cette consanguinité moyenne.

Cependant en admettant que l'hypothèse précédente est valide, il est possible d'abrégé considérablement les calculs par la méthode classique du dénombrement des chaînes.

La justification de la procédure est triviale, d'après ce que nous venons de dire et peut être omise sans inconvénient.

RÈGLE

Disons que x et y sont reliés par une chaîne de longueur K si y est défini par rapport à x par une fonction $Q(Q(Q...)) (x)$ (où $Q = P$ ou M) impliquant K symboles opératoires.

Soient x et x' deux individus et $Z = \{ z_i \}$ l'ensemble des ancêtres communs à x et à x' alors :

$$[x, x'] = \sum_i \alpha_i^{-1} \text{ où la sommation est étendue à toutes les chaînes de longueur } n_i \text{ et } m_i \text{ respectivement joignant } x \text{ et } x' \text{ à chacun de } z_i.$$

CONCLUSIONS

On a introduit quelques définitions et un formalisme permettant de décrire simplement les relations de parenté entre individus.

Une application a été faite au système de mariage des cousins croisés.

Une extension à la génétique formelle des notions précédemment définies a permis de fournir les éléments d'une théorie combinatoire de la consanguinité dont on a donné quelques exemples simples.

BIBLIOGRAPHIE

- J. B. S. HALDANE et MOSHINSKI, PEARL (1939). — Inbreeding in Mendelian Populations with special reference to human cousin marriage. *Ann. of Eugen.*, 9, 321-340.
- F. A. FISHER (1918). — The correlation between relatives on the supposition of mendelian inheritance. *Trans. Roy. Soc. Edimb.*, 52, 11, n° 15.
- S. WRIGHT (1921). — Systems of mating. *Genetics*, 6, 124.
- (1922). — Coefficient of inbreeding and relationship. *Amer. Nat.*, 56, 330.
- LEVIS-STRAUSS. — Les structures élémentaires de la parenté.