



Vendredi 9 novembre 2018, **10:00**

Salle de réunion

ESTIMATION DE L'HISTOIRE DÉMOGRAPHIQUE D'UNE POPULATION À PARTIR DE DONNÉES GÉNOMIQUES HAUT-DÉBIT

par

Simon Boitard

INRA-UMR GenPhySE, Toulouse

🔍 L'estimation de scénarios décrivant l'histoire démographique d'une espèce (divergences de populations, taux de migration, variations de la taille efficace ...) est une question très ancienne en génétique des populations, qui peut aujourd'hui être résolue de manière beaucoup plus précise grâce à l'abondance croissante de données génomiques haut débit.

🔍 Je présenterai ici deux contributions récentes à cette thématique. Dans une première partie de l'exposé, je m'intéresserai à l'estimation des variations passées de la taille efficace dans une population supposée panmictique. Après un rapide tour d'horizon des différentes approches disponibles dans la littérature, je présenterai une méthode de type ABC (*Approximate Bayesian Computation*) que j'ai développée en collaboration avec des collègues du Muséum National d'Histoire Naturelle.

🔍 Dans une deuxième partie, je présenterai une série de travaux auxquels j'ai contribué, qui s'intéressent cette fois à des populations structurées. Ces travaux démontrent que la structure des populations conduit à estimer de faux changements de taille efficace mais ils montrent également que ces fausses trajectoires de taille efficace constituent des statistiques résumantes très informatives, que l'on pourrait exploiter pour estimer des modèles plus complexes incluant des variations de structure et de taille efficace.



GenPhySE

Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage