

Analyse des données en génomique des populations

<http://www2.ujf-grenoble.fr/leca/projets/IMPBio/IMPBioFr.html>

CONTEXTE

L'étude de la structure spatiale de la diversité génétique des populations est influencée par la sélection naturelle et la migration entre populations. Son étude a des applications importantes dans le domaine de la conservation, de l'amélioration des récoltes et des espèces agricoles, et de l'identification des gènes impliqués dans le déterminisme de maladies génétiques ou dans la résistance à des pathogènes chez l'homme et les espèces économiquement importantes.

De nombreuses méthodes statistiques en génétique des populations ont été développées alors que les contraintes calculatoires étaient importantes. Aujourd'hui, il est désormais possible d'élaborer des méthodes plus appropriées aux puissants moyens de calcul.

OBJECTIFS

Ce projet contribue aux études de la structuration spatiale de la diversité génétique des populations naturelles, composante clé de l'évolution et de la biodiversité des espèces.

Plus précisément, l'objectif de ce projet est de développer des méthodes informatiques intensives qui permettront d'évaluer le rôle de la sélection naturelle et de la migration dans la structure spatiale et la diversité génétique des populations naturelles.

Les deux axes suivants seront abordés :

- (i) Développement des méthodes d'analyses des marqueurs sélectionnés,
- (ii) Développement de méthodes statistiques pour identifier les facteurs environnementaux à l'origine des distributions génétiques et du pattern de dispersion.

La nature différente des méthodes développées nécessite l'utilisation de deux bases de données différentes : une base de données des ours de Scandinavie et une base de données de plusieurs races de chèvre et mouton qui habitent dans des environnements avec des caractéristiques extrêmes.

PROJET

- 1) Développement des méthodes d'analyses des marqueurs sélectionnés
 - (a) tests de neutralité
 - (b) identification de loci outliers.
- 2) Développement des méthodes statistiques pour identifier les facteurs environnementaux à l'origine des distributions génétiques et du pattern de dispersion
 - a) Identification des facteurs écologiques et environnementaux qui régissent le degré de différenciation génétique chez les populations fragmentées
 - b) Estimation des taux de dispersion

RESULTATS

- Publication d'une revue sur les méthodes d'assignation des individus aux populations, [1]
- Colonise: Logiciel pour l'étude de la colonisation des populations naturelles, [2]
- Test de neutralité, [3]
- Cas d'étude de la structure génétique, [4]
- Méthode pour l'estimation de la dispersion, [5]
- Méthodes pour l'identification des populations locales, [6]
- Nouvelle méthode pour l'étude de la structure génétique des populations [7].

CALENDRIER

- | | |
|-------|---|
| 2004. | Décembre: (Grenoble) Démarrage |
| 2005. | Février: (Grenoble) Discussion des résultats partielles |
| 2005. | Juin Auckland, Nouvelle Zélande, Participation de Oscar Gaggiotti au « Molecular Biology and Evolution Conference » |
| 2005. | Juillet/Août: Woods Hole, USA: Participation de Matthieu Foll au « Workshop on Molecular evolution ». |

LABORATOIRES IMPLIQUES

LECA / UMR 5333 / Grenoble
TIMC / UMR 5525 / Grenoble
LPMC / UMR 5493 / Grenoble

MOTS CLES

Biodiversité, migration, sélection, structure génétique, MCMC, méthodes Bayésiennes hiérarchiques.

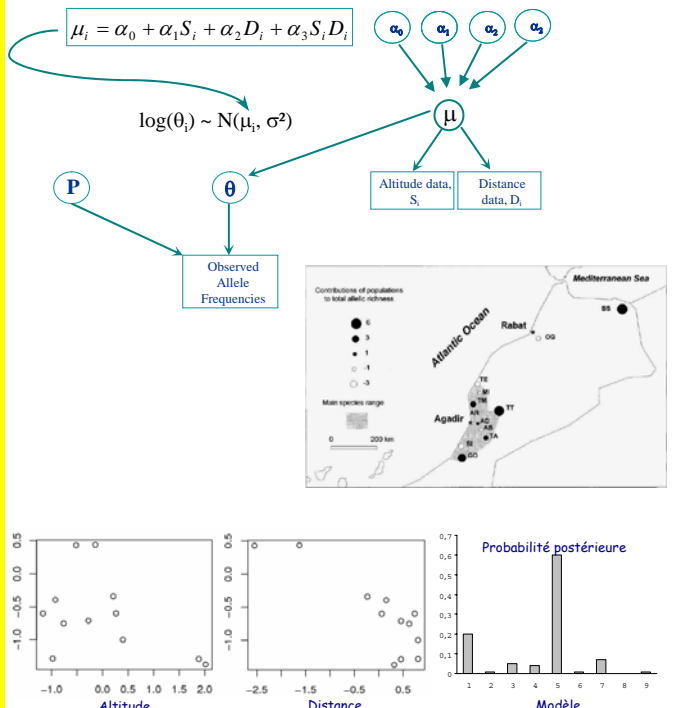
PUBLICATIONS PRINCIPALES

- [1] Manel, S, OE Gaggiotti and RS Waples. 2005. Assignment methods: matching biological questions with appropriate techniques. Trends in Ecology and Evolution 20: 136-142.
- [2] Foll, M and OE Gaggiotti. 2005. COLONISE : a computer program to study colonisation processes in metapopulations. Molecular Ecology Notes (In press).
- [3] M. Blum and O. François External branch length and minimal clade size under the neutral coalescent, Advances in Applied Probability, (In press)
- [4] Manel S., Bellemain E., Swenson S. & François O. (2004) Assumed and inferred spatial structure of populations: the Scandinavian brown bears revisited. Molecular Ecology, 13, 1327-1331.
- [5] Blum M., Damerval C., Manel S. & François O. (2004). Brownian models and coalescent structures. Theoretical Population Biology, 65: 249-261.
- [6] Waples, RS and OE Gaggiotti. What is a population? (invited review). Molecular Ecology (in press).
- [7] Foll, M and OE Gaggiotti. A Bayesian method for identifying the environmental factors that control genetic differentiation among populations. (In preparation).

STRUCTURE GENETIQUE

L'étude de la structure génétique des populations naturelles est habituellement appréhendée en utilisant une statistique sommaire, l'index de fixation de Wright, F_{ST} . Cependant, la distribution spatiale de la variabilité génétique dépend de l'histoire de chaque sous-population, de leur taille et de tout autre facteur biotique ou abiotique local qui pourrait augmenter l'effet de la dérive génétique. Ainsi, nous avons développé une méthode qui estime des valeurs de F_{ST} pour chaque sous-population et les relie aux variables environnementales en utilisant un modèle linéaire. Nous utilisons l'exemple de l'arganier (Petite et al. 1998) pour montrer l'application de la méthode.

Fonction de vraisemblance:



Le modèle avec la probabilité postérieure la plus élevée est celui qui prend en compte la distance géographique, ce qui indique que la structure génétique spatiale de l'arganier n'est pas influencée par l'altitude.