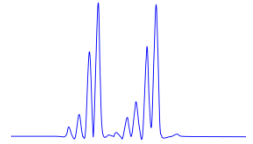


Atelier d'initiation à la génétique empirique des populations



Formateur: [Thierry De Meeûs](#), IRD/CIRAD, [UMR 177 INTERTRYP](#)

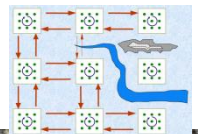
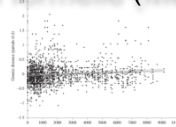
Contexte: La biologie des populations des organismes vivants peut être étudiée selon deux types d'approches: Les méthodes directes (observation, marquage et recapture) et les méthodes indirectes qui utilisent la variabilité spatio-temporelle de marqueurs génétique et les modèles de génétique des populations. Les organismes de petite taille, difficile à observer, les parasites et leurs vecteurs sont autant d'organismes pour lesquels ces méthodes permettent une approche relativement fiable de certains paramètres de leur écologie (taille des populations, dispersion et système de reproduction). La maîtrise de ces techniques doit permettre, à partir d'échantillons et de marqueurs génétiques pertinents, de mieux cerner la biologie des populations des organismes cibles, en particulier de parasites, de leurs vecteurs, ou de ravageurs.

Objectifs de la formation: Connaissance des tenants et aboutissants d'une analyse de données moléculaires à l'aide des outils de la génétique des populations; Stratégies d'échantillonnage; Choix des marqueurs génétiques appropriés; Déterminer les bonnes questions à poser.

Organisation: Cette formation s'étend sur 24 h au total¹ et consiste essentiellement en l'analyse en temps réel d'un jeu de données proposé par l'organisateur ou apporté par un des participants. Ces analyses sont entrecoupées de considérations théoriques illustrées par un support visuel sous-forme d'un diaporama de plus de 170 diapositives. Cette formation s'étale sur quatre jours avec quatre séances d'1h30 par jour. La dernière demi-journée est en général réservée à des discussions personnalisées avec les participants.

Public concerné: Étudiants en thèse, chercheurs, ingénieurs ou techniciens désirant mieux comprendre les objectifs de leurs travaux de paillasse.

Prérequis: Connaissances de bases en biologie et en biologie moléculaire; Connaissance de bases en informatique; Connaissances de base en génétique formelle (Mendel, Morgan).



Conditions: Formation itinérante sur invitation (frais de transport, de bouche et de logement du formateur à prévoir par l'organisme hôte); Chaque stagiaire doit être équipé d'un microordinateur avec Microsoft Office, R et les packages R suivants: R-commander (Rcmdr) et hierfstat; Nombre de stagiaires compris entre 4 et 20; Pas de frais d'inscription.

Mots clés: Marqueurs génétiques; Variabilité spatio-temporelle; Modèles; Inférences; Effectifs efficaces; Dispersion; Systèmes de reproduction; Analyses des données; Randomisations.

¹ Possibilité, sur demande, de raccourcir la formation jusqu'à 2 journées ou au contraire de l'étendre sur 7 jours.