

Influence des réseaux de circulation de semences sur la persistance et l'évolution démo-génétique de populations cultivées

P. Barbillon, M. Thomas, I. Goldringer, B. Rouger, S. Robin, F. Hospital

NetBio
14 Octobre 2019



Gestion dynamique à la ferme de la diversité cultivée



Caractéristiques du système étudié :

- Agriculteurs produisant leurs propres semences (autonomie semencière)
- Agriculteurs s'échangent des semences entre eux (organisation sociale)
- Agriculteurs intéressés par les variétés locales n'ayant pas été améliorées
- Communautés d'agriculteurs en développement

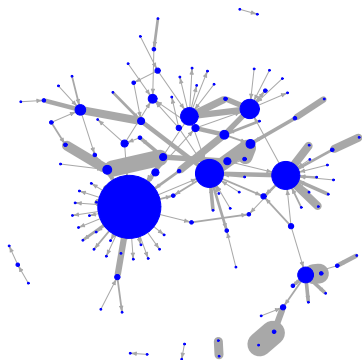
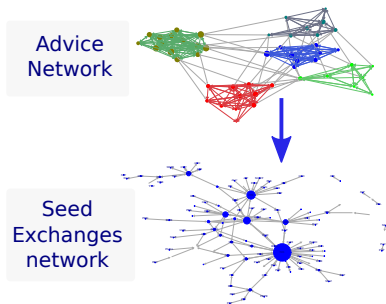


FIGURE – Exemple de circulation de blé tendre entre agriculteurs du Réseau Semences Paysannes, tiré de Barbillon *et al.*, 2015

Hypothèse de travail



Hypothèse

Les réseaux d'échange de semence sont inclus dans les réseaux des agriculteurs

Questions de recherche

- Quel est l'impact de la topologie des réseaux sociaux sur la dynamique de la diversité cultivée ?
- Comment interagissent les pratiques individuelles, les conditions environnementales et les modes d'organisation sur la dynamique de la diversité ?

Approche

Diversité cultivée abordée comme :

- 1) les variétés cultivées (présence/absence),
- 2) les populations cultivées (niveau de diversité génétique)



Plan de la présentation

- 1 Influence des réseaux de circulation de semences sur la persistance d'une population cultivée
 - Définition du modèle et de la persistance
 - Topologies de réseaux
 - Impact global du réseau
- 2 Influence des réseaux de circulation de semences sur l'évolution démo-génétique de populations cultivées
 - Définition du modèle et des quantités d'intérêt
 - Analyse de sensibilité
- 3 Sélection d'un modèle de circulation à partir de données génétiques

Réseaux et persistance

Modèle dynamique : hypothèses

- nombre de nœuds, fermes (n) fixé dans le temps
- seulement 2 états possibles par ferme : présence ou absence de la variété (pas de démographie, sélection, dérive...).
- **État initial** : toutes les fermes occupées (toutes cultivent la variété).

Dynamique temporelle avec 2 étapes

- **extinction** : chaque ferme occupée peut subir une perte avec probabilité e ,
- **colonisation** : pour les fermes vides, recolonisation avec probabilité c par un voisin occupé. Le voisinage est donné par **un réseau fixe G** .

Remarque

Ce modèle est similaire à un modèle SIS (Susceptible Infected Susceptible) en épidémiologie.

Gilarranz & Bascompte (2012), Chakrabarti (2008)).

Modèle dynamique : illustration

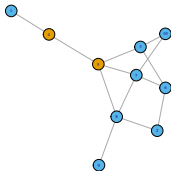


FIGURE – Generation t

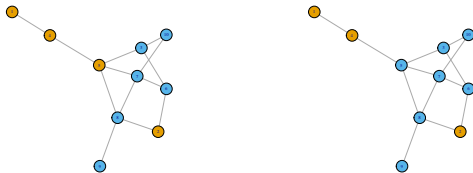
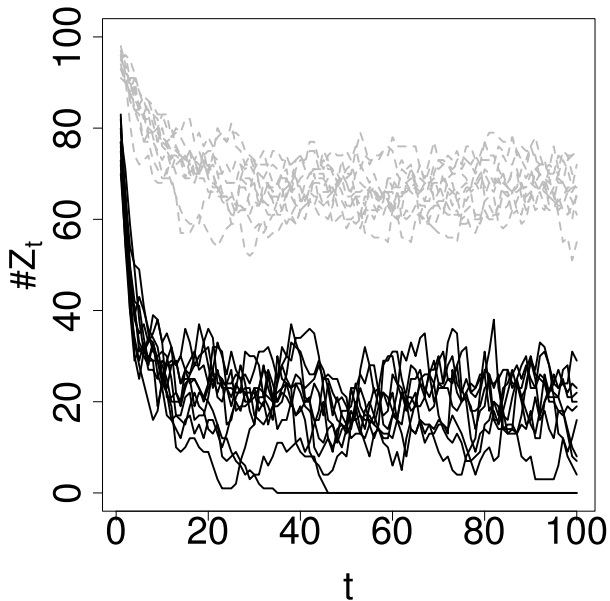


FIGURE – Generation $t + 1$: extinction et recolonisation

Persistance sous incertitude



Quantités d'intérêt

Notre choix, étudier 100 générations afin de comparer :

- Probabilités de persistance en 100 générations : $\mathbb{P}(T_0 > 100)$.
- Nombre moyen de fermes occupées à la 100^{me} génération : $\mathbb{E}(\#Z_{100})$ ou nombre moyen de fermes occupées à la 100^{me} génération conditionné à la non extinction $\mathbb{E}(\#Z_{100} | T_0 > 100)$.

Analyse de sensibilité

$$e, c, G \rightarrow \boxed{\text{Dynamic Model}} \rightarrow \mathbb{P}(T_0 > 100), \mathbb{E}(\#Z_{100}),$$

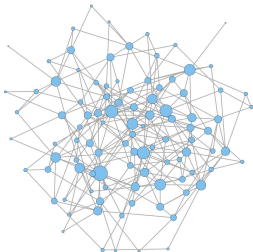
sur la base de :

- calculs exacts pour un faible nombre de ferme ≤ 10 ,
- simulations sinon.

Comparaison de topologies de réseaux

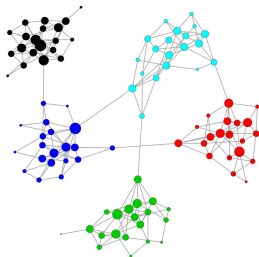
- Comparaison de topologies pour un nombre fixe de fermes (difficultés de garder fixe une topologie pour un nombre de fermes changeant).
- Pour un nombre donné de connexions / arêtes, on simule un réseau d'après des modèles différents (différentes façons de distribuer les degrés) :
 - Modèle d'Erdős-Rényi ([Erdős & Rényi, 1959](#)),
 - Modèle de communautés simulé à partir d'un Stochastic Block Model ([Nowicki & Snijders, 2001](#)),
 - Modèle lattice,
 - Modèle d'attachement préférentiel ([Albert & Barabási, 2002](#)).
- Les exemples suivant sont pour 100 fermes / nœuds et 5% des arêtes possibles (247 arêtes).

Modèle d'Erdős-Rényi



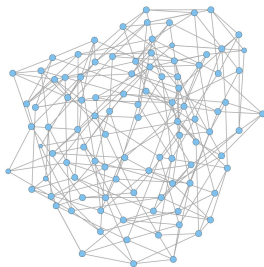
- Chaque paire de nœuds a la même probabilité d'être connectée.
- Indépendance des arêtes.

Modèle en communauté



- Groupes avec les mêmes probabilités intra et inter de connexion et de même taille.
- Connexion intra plus forte que inter.
- Conditionnellement aux groupes, indépendance des arêtes.

Réseaux lattices



- Quasi-Homogénéité des degrés.
- Peut représenter un réseau avec voisins au sens spatial.

Attachement préférentiel : Barabási-Albert

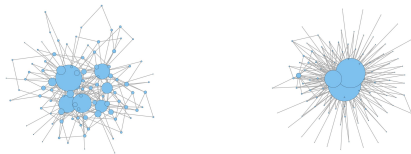


FIGURE – Attachement préférentiel avec puissances 1 et 3

- Réseau généré séquentiellement.
- Un nouveau est plus susceptible de se connecter à un nœud déjà très connecté (rich get richer).
- $\mathbb{P}(\cdot \text{ connecté à } k) \propto \text{degré}(k)^{\text{puissance}}$.

Paramètres de l'analyse de sensibilité

$$e, c, G \rightarrow \boxed{\text{Dynamic Model}} \rightarrow \mathbb{P}(T_0 > 100), \mathbb{E}(\#Z_{100}),$$

	10 fermes	100 fermes
e	{0.05, 0.10, 0.15}	{0.10, 0.20, 0.25}
c	{0.01, 0.05, 0.10}	{0.001, 0.005, 0.010}
d	{30%, 50%, 70%}	{5%, 10%, 30%}

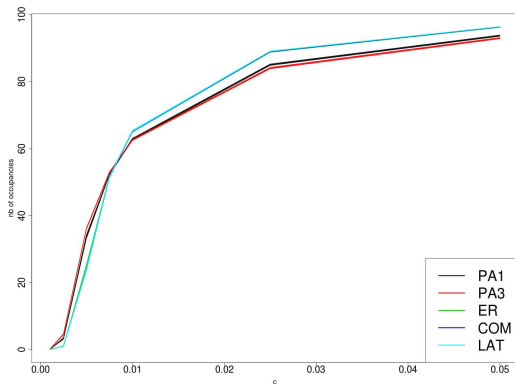
- d pourcentage d'arêtes parmi les $n(n-1)/2$ arêtes possibles,
- G simulé avec un nombre d'arêtes donné par d et pour une des topologies :
 - Erdős-Rényi,
 - Communauté (5 communautés de taille égale pour $n = 100$, 2 communautés de taille égale pour $n = 10$),
 - Lattice,
 - Attachement préférentiel (puissance 1),
 - Attachement préférentiel (puissance 3).
- 10 réplicats pour une topologie choisie \Rightarrow source de variabilité.

Analyse de sensibilité

- Modèle d'analyse de la variance avec la prise en compte de toutes les interactions,
- Les paramètres les plus influents sont e , c et d (densité de G),
- la topologie n'est pas toujours importante mais peut avoir un impact clef en particulier si la persistance est menacée (selon les valeurs de e , c , d).
- 2 groupes de réseaux ayant des comportements proches
 - 1 Les réseaux d'attachement préférentiel sont plus résilient en cas de persistance menacée,
 - 2 Les réseaux plus équilibrés (ER, COM, LAT) permettent une plus grande occupation $\mathbb{E}(\#Z_{100})$ si l'extinction est peu probable.

Inversion dans le classement des topologies de réseau

Comme constaté dans [Gilarranz& Bascompte \(2012\)](#)



Un exemple de l'importance prépondérante de la topologie dans un cas particulier

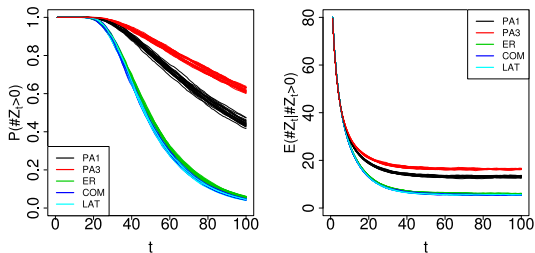
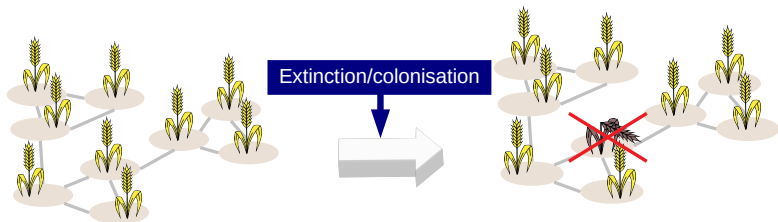


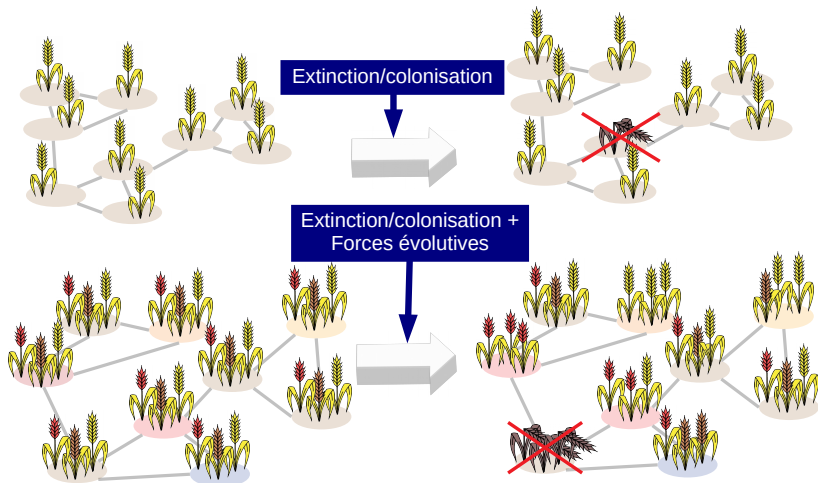
FIGURE – Probabilité de persistance et nombre moyen de fermes occupées, pour un nombre variable t de générations (sur la base de 20 replicats du réseau pour une topologie fixée) pour $n = 100$, $c = 0.01$, $e = 0.25$ et $d = 30\%$. COM : communauté, ER : Erdős-Rényi, LAT : Lattice, PA1 : attachement préférentiel puissance 1, PA3 : attachement préférentiel puissance 3.

Réseau et évolution démo-génétique

Changement de modèle



Changement de modèle



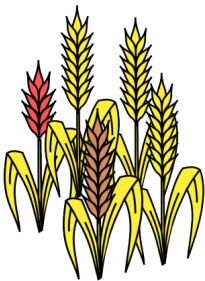
Représentation des populations dans le modèle

- CropMetaPop : modèle individu centré sur la plante (agent-based model)



Représentation des populations dans le modèle

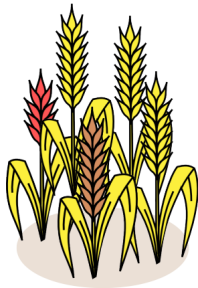
- CropMetaPop : modèle individu centré sur la plante (agent-based model)
- Plantes représentées par des génotypes multilocus (MLG).



Plant	MLG	Marker 0	Marker 1	Marker 2	Marker 3	Marker 4
0	A	1/0	1/0	0/0	1/1	0/1
1	B	1/0	1/0	0/0	1/1	0/1
2	C	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0
3	C	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0
4	C	1/0	1/0	0/0	1/1	1/0

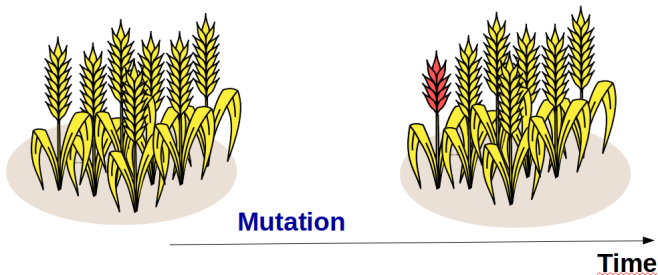
Représentation des populations dans le modèle

- CropMetaPop : modèle individu centré sur la plante (agent-based model)
- Plantes représentées par des génotypes multilocus (MLG).
- Plantes cultivées dans des champs pouvant accueillir un nombre limité de plante (carrying capacity)



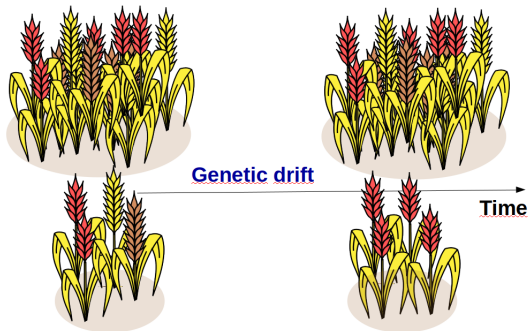
Représentation des populations dans le modèle

- CropMetaPop : modèle individu centré sur la plante (agent-based model)
- Plantes représentées par des génotypes multilocus.
- Plantes sont cultivées des champs (habitat) formant des populations cultivées
- Différentes forces évolutives font évoluer ces populations : **mutation**



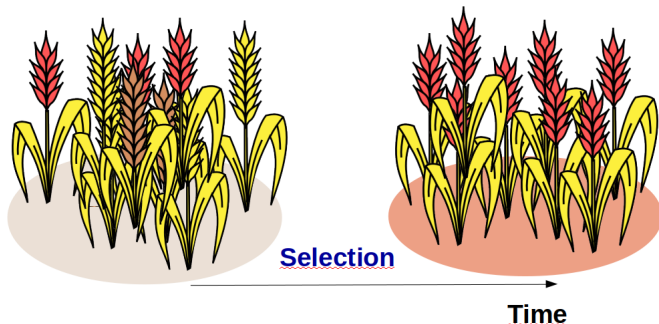
Représentation des populations dans le modèle

- CropMetaPop : modèle individu centré sur la plante (agent-based model)
- Plantes représentées par des génotypes multilocus.
- Plantes sont cultivées des champs (habitat) formant des populations cultivées
- Différentes forces évolutives font évoluer ces populations : mutation, **dérive**



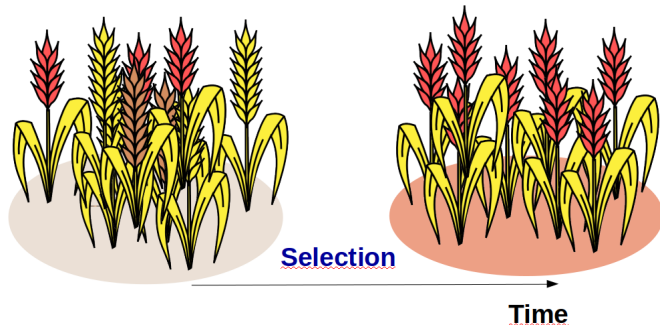
Représentation des populations dans le modèle

- CropMetaPop : modèle individu centré sur la plante (agent-based model)
- Plantes représentées par des génotypes multilocus.
- Plantes sont cultivées des champs (habitat) formant des populations cultivées
- Différentes forces évolutives font évoluer ces populations : mutation, dérive, **sélection**



Représentation des populations dans le modèle

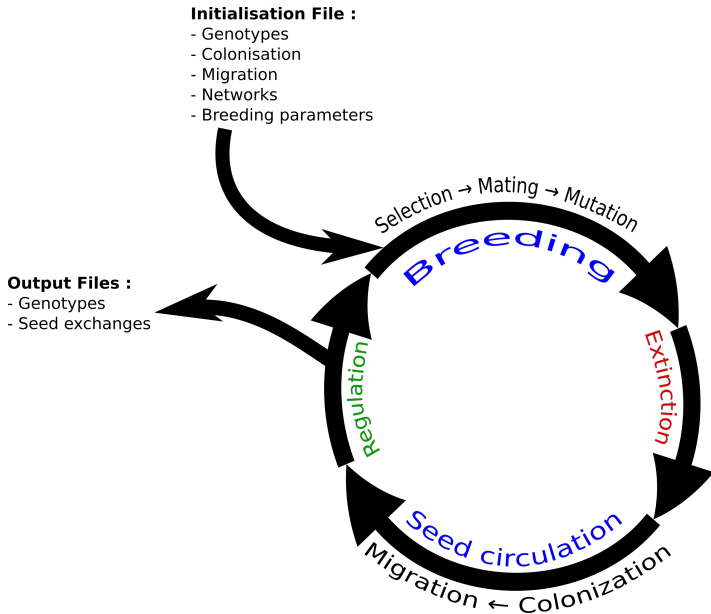
- Différentes forces évolutives font évoluer ces populations : mutation, dérive, **sélection**



$$W_{i,j} = e^{-\frac{1}{2} * (G_i - Opt_j)^2}$$

Avec G_i , la valeur génotypique de l'individu i et Opt_j , l'optimum du champ j .

Déroulé d'une simulation



Exemple de fichier de sortie

Replicate	Population	Marker	Genotype	Gen 0	Gen 1	Gen 2	Gen 3	Gen 4	Gen 5	Gen 6	Gen 7	Gen 8	Gen 9
0	0	0	0/0	227.0	235.0	146.0	161.0	112.0	120.0	108.0	115.0	128.0	51.0
0	0	0	0/1	522.0	515.0	481.0	452.0	472.0	454.0	445.0	420.0	437.0	343.0
0	0	0	1/1	251.0	250.0	373.0	387.0	416.0	426.0	447.0	465.0	435.0	606.0
0	0	1	0/0	270.0	257.0	231.0	228.0	242.0	234.0	349.0	329.0	229.0	534.0
0	0	1	0/1	479.0	516.0	479.0	493.0	460.0	498.0	469.0	492.0	481.0	394.0
0	0	1	1/1	251.0	227.0	290.0	279.0	298.0	268.0	182.0	179.0	290.0	72.0
0	0	2	0/0	249.0	253.0	229.0	220.0	190.0	181.0	150.0	144.0	243.0	187.0
0	0	2	0/1	509.0	506.0	487.0	485.0	505.0	497.0	460.0	465.0	478.0	484.0
0	0	2	1/1	242.0	241.0	284.0	295.0	305.0	322.0	390.0	391.0	279.0	329.0
0	0	3	0/0	237.0	230.0	265.0	246.0	270.0	256.0	309.0	312.0	236.0	622.0
0	0	3	0/1	511.0	497.0	504.0	511.0	484.0	529.0	506.0	484.0	514.0	327.0
0	0	3	1/1	252.0	273.0	231.0	243.0	246.0	215.0	185.0	204.0	250.0	51.0
0	0	4	0/0	282.0	296.0	241.0	259.0	207.0	203.0	126.0	132.0	96.0	96.0
0	0	4	0/1	482.0	463.0	520.0	512.0	495.0	499.0	493.0	465.0	440.0	453.0
0	0	4	1/1	236.0	241.0	239.0	229.0	298.0	298.0	381.0	403.0	464.0	451.0
0	0	5	0/0	236.0	220.0	132.0	132.0	277.0	259.0	155.0	148.0	58.0	127.0
0	0	5	0/1	496.0	500.0	474.0	470.0	465.0	490.0	467.0	494.0	363.0	474.0
0	0	5	1/1	268.0	280.0	394.0	398.0	258.0	251.0	378.0	358.0	579.0	399.0
0	0	6	0/0	256.0	270.0	254.0	258.0	318.0	320.0	256.0	248.0	326.0	360.0
0	0	6	0/1	513.0	495.0	468.0	480.0	472.0	496.0	487.0	510.0	510.0	489.0
0	0	6	1/1	231.0	235.0	278.0	262.0	210.0	184.0	257.0	242.0	164.0	151.0
0	0	7	0/0	258.0	304.0	285.0	297.0	263.0	264.0	213.0	234.0	85.0	69.0
0	0	7	0/1	519.0	473.0	509.0	499.0	488.0	492.0	498.0	489.0	436.0	401.0
0	0	7	1/1	223.0	223.0	206.0	204.0	249.0	244.0	289.0	277.0	479.0	530.0
0	0	8	0/0	274.0	290.0	375.0	363.0	400.0	410.0	440.0	444.0	731.0	723.0
0	0	8	0/1	481.0	504.0	480.0	477.0	469.0	450.0	461.0	457.0	240.0	246.0
0	0	8	1/1	245.0	206.0	145.0	160.0	131.0	140.0	99.0	99.0	29.0	31.0
0	0	9	0/0	232.0	258.0	267.0	247.0	292.0	301.0	369.0	352.0	381.0	453.0
0	0	9	0/1	518.0	481.0	507.0	529.0	494.0	501.0	465.0	469.0	478.0	448.0

Analyse des sorties : Indicateur démographique

- **Taux de survie** : Mesure du nombre de populations avec au minimum une plante vivante, sur le nombre total de populations de la métapopulation :

$$S(t) = \frac{N_{pop}(t)}{N_{farm}}$$

Analyse des sorties : Indicateurs génétiques

- **Diversité génétique (H_s)** : Mesure de la diversité génétique moyenne intra-population :

$$H_s^i(t) = \frac{n_i(t)}{n_i(t) - 1} \frac{1}{L} \sum_{l=1}^L \left(1 - \sum_{k=1}^K p_{ikl}(t)^2 \right)$$

Plus les individus au sein d'une population sont différents génétiquement, plus l'indicateur est élevé

Analyse des sorties : Indicateurs génétiques

- **Diversité génétique (Hs)** : Mesure de la diversité génétique moyenne intra-population
- **Différenciation génétique (Fst)** : Mesure de la différenciation génétique entre les populations à l'échelle de la métapopulation :

$$F_{ST}(t) = \frac{\sigma_a^2(t)}{\sigma_a^2(t) + \sigma_b^2(t) + \sigma_w^2(t)}$$

Avec $\sigma_a^2(t)$ la variance inter-populations, $\sigma_b^2(t)$ la variance inter-individus au sein des populations, $\sigma_w^2(t)$ la variance génétique intra-individu.

Plus les individus sont différents d'une population à l'autre, plus l'indicateur est élevé.

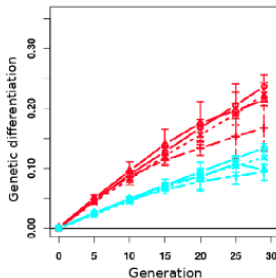
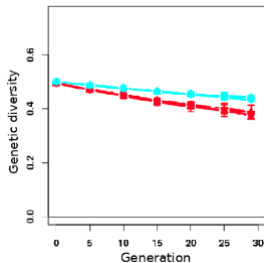
Principes de l'analyse de sensibilité : exemple

Objectif : déterminer comment chaque paramètre contribue à la variabilité du modèle.

Paramètre	Valeurs des paramètres
carr_cap	10
percentSelf	0 ou 0.95
mutRate	10^{-5}
nbLocSel	10
optimum	1 uniquement
network	Erdos-Reyni, Community, Barabasi
colRate	0.1
extinction	0.1



—— : complet - - - : distribué — — : centralisé



Analyse de sensibilité de CropMetaPop

Thèse de Baptiste Rouger (INRA, GQE-Le Moulon)

Paramètres	Valeurs des paramètres
carr_cap	40, 100, 1000
percentSelf	0, 0.5, 0.95
mutRate	10^{-5} , 10^{-4} , 10^{-3}
nbLocSel	0, 1, 10
optimum	1s only, 1/2 0s and 1/2 1s, gradient between 0 and 1
network	Erdős-reyni, Community, Barabasi
colRate	0.01, 0.1, 0.25
nbEdges	$E_{\max} \times 0.04$, $E_{\max} \times 0.08$, $E_{\max} \times 0.16$
extinction	0.01, 0.1, 0.25

1. Simulations
2. Analyse des sorties : Anova pour analyser la variabilité des sorties (utilisation du package multisensi qui permet de réaliser l'analyse de sensibilité à chaque génération)

Plan fractionnaire de simulation

- Utilisation d'un plan fractionnaire de simulation
 - Permet de faire moins de simulations
 - Détection des interactions jusqu'à l'ordre 2
 - Utilisation du package planor pour générer les plans de simulation

Systeme à 4 scénarii

- 2 grands scénarii pour étudier les principales forces évolutives séparément
 - **Scénario Dérive/Sélection (■)** : paramètres liés à la dérive et à la sélection uniquement
 - **Scénario Colonisation/Extinction (★)** : paramètres du scénario Dér/Sel + colonisation et extinction
- 2 sous-scénarii pour étudier la variabilité des marqueurs neutres et sélectionnés séparément
 - **Sous-scénario NSel** : évolution des marqueurs **neutres** en absence complète de sélection ou avec sélection
 - **Sous-scénario Sel** : évolution des marqueurs **sélectionnés** (toujours en présence de sélection)

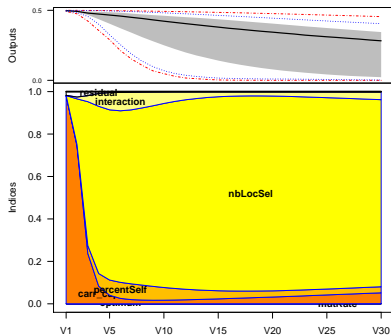
Limitations de l'usage des 4 scénarios

- On ne peut pas comparer directement les chiffres des différentes analyses de sensibilité
 - L'interaction entre des paramètres différents peut changer les résultats
- On peut cependant comparer les tendances de façon qualitative

Explication du graphe de résultats

Distribution des sorties du modèle. En gris : quartiles, en bleu : 95% des scénarios, en rouge : valeurs extrêmes

Part normalisée de chaque paramètre (*carrying capacity*, *régime de reproduction*, *nombre de locus sous sélection*...) dans la variabilité des sorties du modèle (*Hs*, *Fst*...) pour chaque generation des simulations. Les interactions sont toutes regroupées, la résiduelle est représentée en blanc.



Scénario Dér/Sel : Paramètres du scénario Dér/Sel

- Scénario Dér/Sel ■

Parameter	Sub-scenario NSel	Sub-scenario Sel
carr_cap	40, 100, 1000	40, 100, 1000
percentSelf	0, 0.5, 0.95	0, 0.5, 0.95
mutRate	10^{-5} , 10^{-4} , 10^{-3}	10^{-5} , 10^{-4} , 10^{-3}
nbLocSel	0, 1, 10	1, 5, 10
optimum	1s only, 1/2 0s and 1/2 1s, gradient between 0 and 1	1s only, 1/2 0s and 1/2 1s, gradient between 0 and 1

Scénario Dér/Sel ■ : Hs Sel et NSel

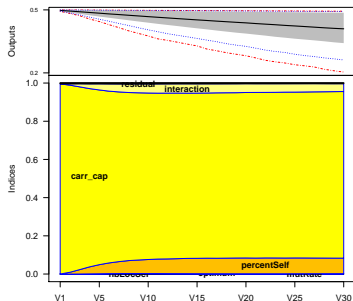


FIGURE – Hs, Scénario Dér/Sel ■, sous-scénario NSel

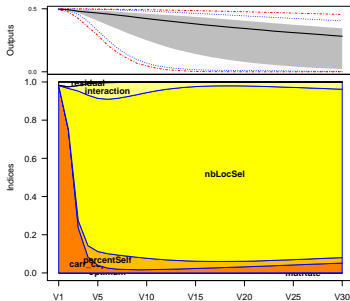


FIGURE – Hs, Scénario Scénario Dér/Sel ■, sous-scénario Sel

Résultats principaux

NSel : les paramètres de dérive apportent le plus de variabilité.

Sel : le nombre de locus sous sélection apporte plus de variabilité que la dérive. L'optimum n'a pas d'impact sur Hs.

Ces paramètres doivent être définis avec le plus d'attention.

Scénario Dér/Sel ■ : Fst Sel et NSel

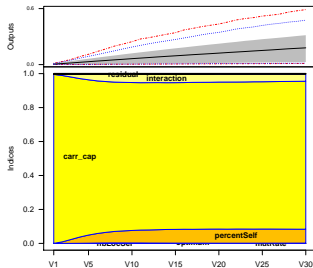


FIGURE – Fst, Scénario Dér/Sel ■, sous-scénario NSel

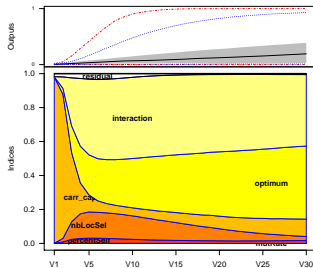


FIGURE – Fst, Scénario Dér/Sel ■, sous-scénario Sel

Résultats principaux

Le paramètre d'optimum apporte le plus de variabilité au Fst des marqueurs sélectionnés. Il doit donc être défini avec attention.

Scénario Dér/Sel ■ : dernière génération

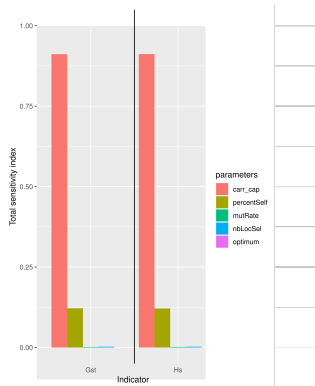


FIGURE – Dernière génération, Scénario Dér/Sel ■, sous-scénario NSel

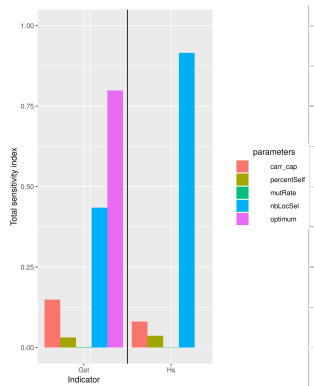


FIGURE – Dernière génération, Scénario Dér/Sel ■, sous-scénario Sel

Résultats principaux

La taille des population et le régime de reproduction impactent le plus la variabilité des marqueurs neutres.

Le nombre de locus sous sélection, les optimums, ainsi que le régime de reproduction apportent le plus de variabilité aux marqueurs sélectionnés.

Scénario Col/Ext : Paramètres du scénario Col/Ext

● Scénario Col/Ext ★

Parameter	Sub-scenario NSel	Sub-scenario Sel
carr_cap	40, 100, 1000	40, 100, 1000
percentSelf	0, 0.5, 0.95	0, 0.5, 0.95
mutRate	10^{-5} , 10^{-4} , 10^{-3}	10^{-5} , 10^{-4} , 10^{-3}
nbLocSel	0, 1, 10	1, 5, 10
optimum	1s only, 1/2 0s and 1/2 1s, gradient between 0 and 1	1s only, 1/2 0s and 1/2 1s, gradient between 0 and 1
network	Erdős-reyni, Community, Barabasi	Erdős-reyni, Community, Barabasi
colRate	0.01, 0.1, 0.25	0.01, 0.1, 0.25
nbEdges	$E_{\max} \times 0.04$, $E_{\max} \times 0.08$, $E_{\max} \times 0.16$	$E_{\max} \times 0.04$, $E_{\max} \times 0.08$, $E_{\max} \times 0.16$
extinction	0.01, 0.1, 0.25	0.01, 0.1, 0.25

Scénario Col/Ext ★ : Taux de survie

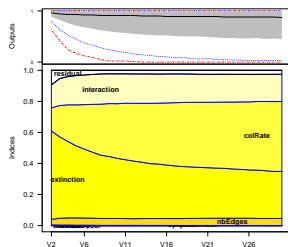


FIGURE – Taux de survie, Scénario Col/Ext ★, sous-scénario NSel

Résultats principaux

Lorsqu'on étudie le taux de survie, seuls les paramètres de taux de colonisation, d'extinction, et de densité de réseau apportent de la variabilité aux sorties. Ces paramètres doivent donc être paramétrés avec attention.

Scénario Col/Ext ★ : Hs Sel et NSel

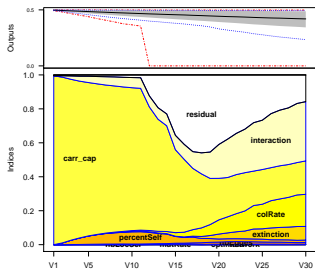


FIGURE – Hs, Scénario Col/Ext ★, sous-scénario NSel

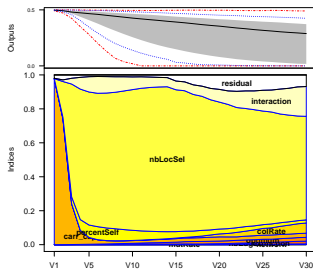


FIGURE – Hs, Scénario Col/Ext ★, sous-scénario Sel

Résultats principaux

Les paramètres de colonisation et d'extinction apportent le plus de variabilité à l'hétérozygotie théorique, particulièrement aux marqueurs neutres.

Scénario Col/Ext ★ : Fst Sel et NSel

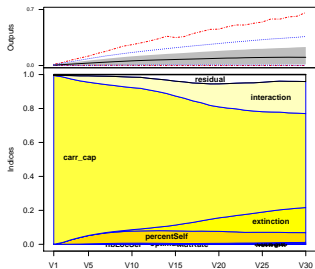


FIGURE – Fst, Scénario Col/Ext ★, sous-scénario NSel

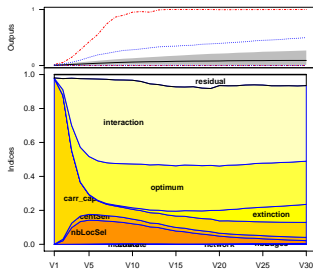


FIGURE – Fst, Scénario Col/Ext ★, sous-scénario Sel

Résultats principaux

Le taux d'extinction apporte le plus de variabilité au Fst. Il faut donc le paramétrer avec attention.

Scénario Col/Ext ★ : dernière génération

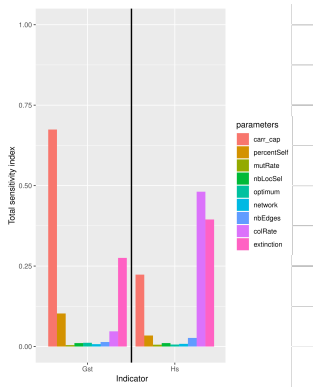


FIGURE – Dernière génération, Scénario Col/Ext ★, sous-scénario NSel

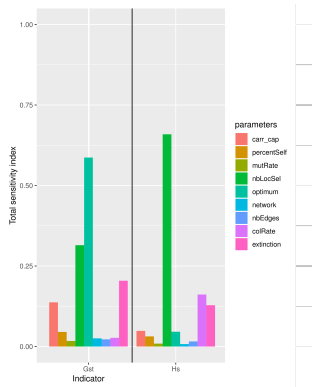


FIGURE – Dernière génération, Scénario Col/Ext ★, sous-scénario Sel

Résultats principaux

Marqueurs neutres : la variabilité provient du régime de reproduction, de la taille des populations, du taux de colonisation et d'extinction, et de la densité du réseau.

Marqueurs sélectionnés : la variabilité provient du régime de reproduction, du nombre de locus sous sélection, ainsi que du taux de colonisation et d'extinction.

Sélection d'un modèle de circulation à partir de données génétiques

But

Stage de Sixtine de Cussac (2A AgroParisTech).

Données disponibles :

- 1 Un réseau social, recueilli sur le terrain donnant les échanges possibles de graines entre les agriculteurs.
- 2 Des données génétiques issues du séquençage de certains loci (dans la suite 1 locus biallélique).

Objectif : Déterminer si le réseau a eu un rôle prépondérant dans la circulation des semences.

Les différentes étapes lors d'une génération

Initialisation



Extinction



Reproduction sur un locus biallélique.

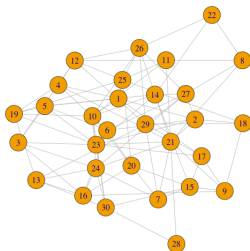


Réapprovisionnement

Description des modèles

Le réapprovisionnement des fermes ayant subi une extinction

- Modèle avec marché : Une exploitation récupère dans l'ensemble des semences du réseau un nouveau stock. Elles peuvent ainsi posséder des semences de points du réseau qui ne sont pas voisin d'elles.
- Modèle avec voisinage : Les exploitations choisissent un unique voisin qui n'a pas subi d'extinction et vont reformer leur stock à partir de ces semences-ci. Si les voisins n'ont plus rien, l'exploitation constituera son stock à partir du marché.



Importance du réseau lors de cette étape.

Analyse des données

Pour comparer les deux modèles, il est nécessaire d'utiliser des indices.

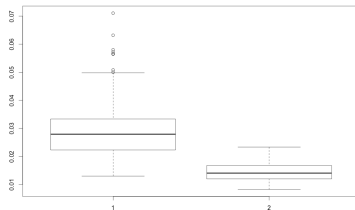


Fst = Fixation index

Mesure de la différenciation d'une population due à la structure génétique. Pour le moment, on étudie **un seul** locus à deux allèles.

$$Fst = \frac{\sigma^2}{\bar{p} * (1 - \bar{p})}$$

FIGURE – Boxplot des fst (50 générations)



La moyenne des Fst est beaucoup plus grande dans le cas d'un modèle avec voisinage

Règle de décision apprise sur données simulées

À partir du F_{st} et d'autres indices calculées sur des données simulées sous les 2 modèles,
⇒ apprentissage d'une règle de décision.

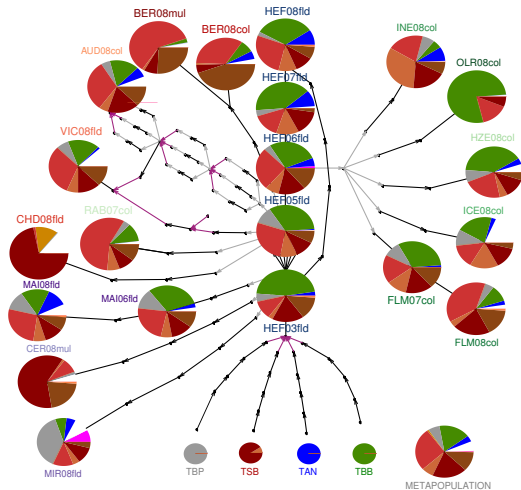
Principe de l'Approximate Bayesian Computation pour le choix de modèle ([Pudlo et al., 2016](#)).

Conclusions

- Le modèle de persistance met en évidence l'importance de la topologie des réseaux sur la viabilité des métapopulations
- Le modèle démo-génétique reproduit les caractéristiques du modèle de persistance pour les aspects démographiques
 - Par contre, l'effet de la topologie du réseau est peu impactante pour les indicateurs génétiques pour les gammes de paramètres explorés.
 - En particulier, les paramètres de topologie de réseau ont moins d'impact que les paramètres de dérive, sélection, colonisation et extinction

Perspectives

- Tester différentes hypothèses de recolonisation (réseau de circulation) à partir de données disponibles



Merci de votre attention !