



## Journée thématique "Inférences évolutives à partir des données génomiques" - Mercredi 16 mai 2018

*Muséum National d'Histoire Naturelle de Paris, Grande Galerie de l'évolution (36 Rue Geoffroy-Saint-Hilaire, 75005 Paris)*

*Organisateurs: Jawad Abdelkrim, Guillaume Achaz, Jean-Christophe Simon*

# Programme

**10h00-10h15: Accueil Auditorium de la Grande Galerie de l'évolution**

**10h15-10h25: Mots d'ouverture par les GDR « Génomique Environnementale » et « Approche Interdisciplinaire de l'Évolution Moléculaire »**

### Session 1

**10h25-10h50 Renaud Vitalis** Comment caractériser l'adaptation locale par l'analyse du polymorphisme à l'échelle du génome ?

**10h50-11h15 Maud Tenaillon** Inférences évolutives chez le maïs cultivé

**11h15-11h30 Yves Vigouroux** Spatial model to infer domestication history of African crops

**11h30-12h00 : PAUSE CAFE**

### Session 2

**12h00-12h15 Camille Roux** Inferring the relationship between molecular divergence and genetic isolation

**12h15-12h40 Carole Smadja** Génomique de l'isolement sexuel et du renforcement dans une zone de contact secondaire entre deux sous-espèces de la souris domestique

**12h40-12h55 Amir Yassin** Predominance of genomic modularity at early stages of host plant shifts: Population and experimental genomics insights from *Drosophila*

**13h00-14h30 : DEJEUNER (Cantine MNHN)**

### **Session 3**

**14h30-14h55 Frédéric Austerlitz** Utilisation des données de génomes complets pour reconstituer l'histoire démographique des populations

**14h55-15h20 Simon Boitard** Estimation des variations passées de la taille efficace d'une population à partir de données génomiques modernes

**15h20-15h35 Julien Varaldi** Domestication of a behaviour-manipulating virus in parasitic wasps

**15h35-16h00 : PAUSE CAFE**

### **Session 4**

**16h00-16h15 Jérôme Salse** Plant evolution through computational reconstruction of extinct ancestral genomes

**16h15-16h30 Eva-Maria Geigl** Early events of cat domestication uncovered through ancient mitochondrial DNA analysis

**16h30-16h55 Flora Jay** Deep learning methods for population genetics: inferring changes in population size

**17h00-17h15 : Mots de clôture des GDR GE et AIEM et du MNHN**

**17h15 : FIN**