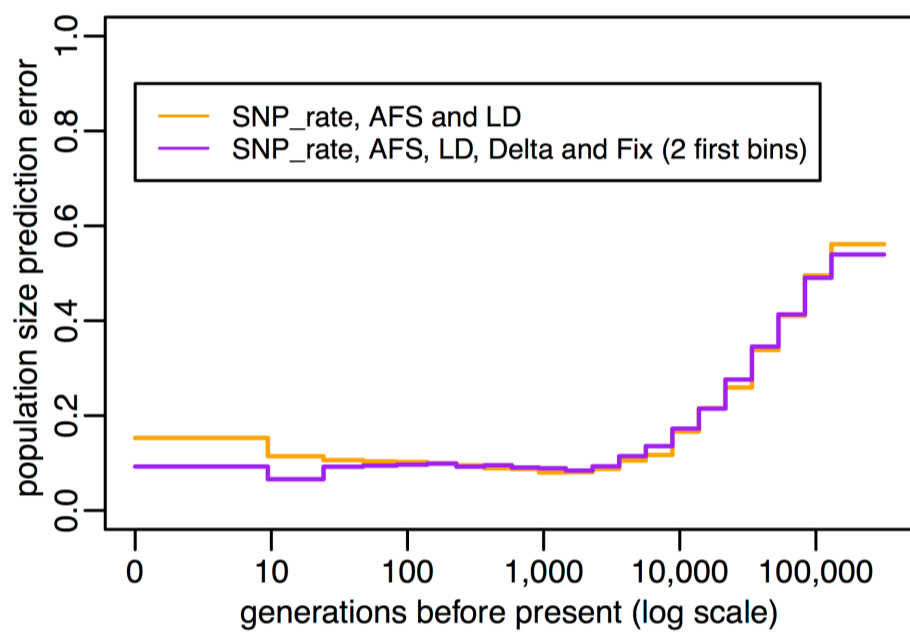


Résumé :

- Etendre la méthode **PopSizeABC** de Boitard et al. (2016)
 - estimation des variations de taille d'une population
 - génomes complets
 - Approximate Bayesian Computation (ABC)
- Code de deux statistiques résumantes
- Comparaison des résultats

Objectifs :

- Ajouter des données génomiques anciennes issues de simulation



Contexte : La génétique des populations

- estimation de l'histoire évolutive d'une population
- facteurs susceptibles d'influencer la taille de la population
 - changement d'habitat
 - perturbation écologique
 - effet fondateur (sélection d'un petit sous échantillon...)

Méthodes :

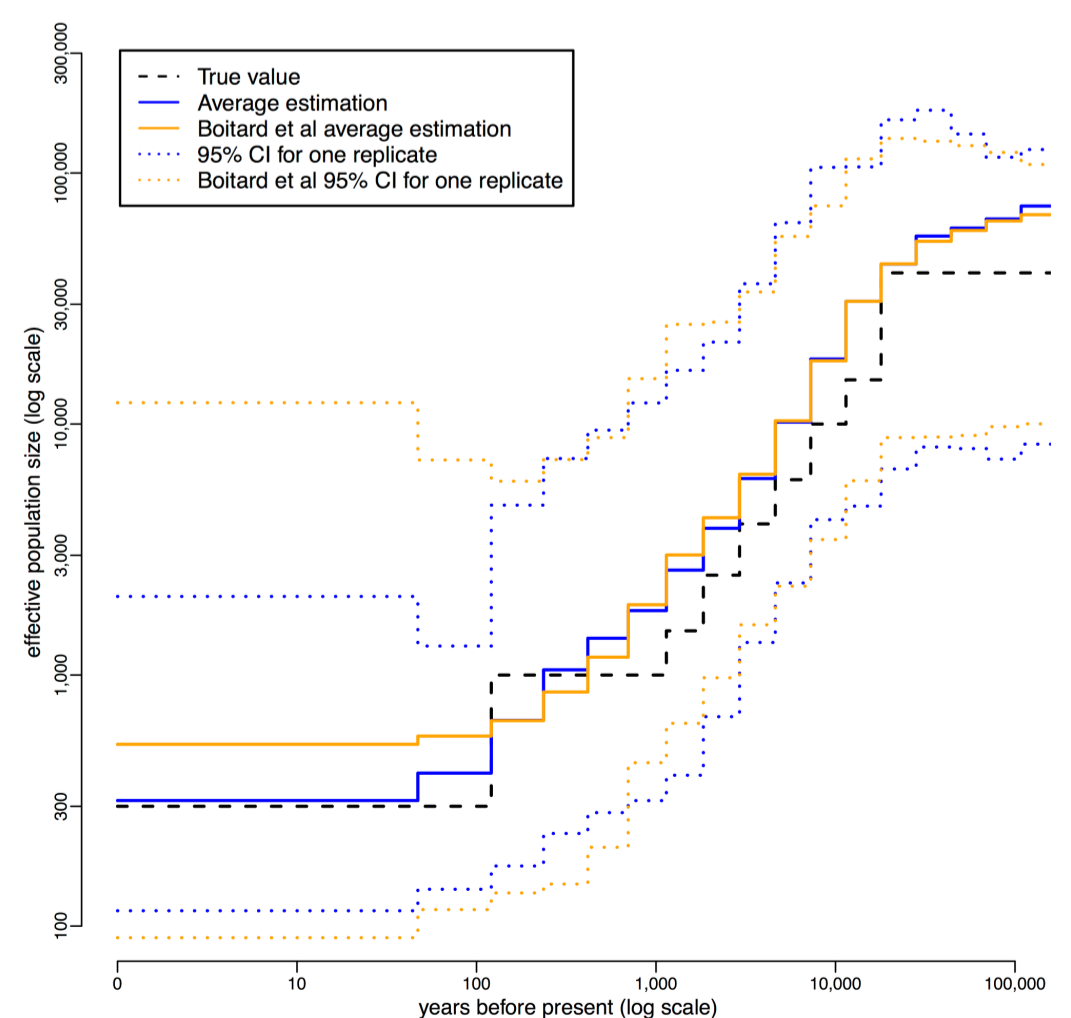
- Simulation des données anciennes avec *msprime* en **Python**
- Choix de l'ensemble de statistiques résumantes par validation croisée de l'ABC et étude des erreurs de prédiction
- Estimation d'histoires fixées par ABC et étude des intervalles de crédibilité

$$f_1 = [0, 0.05] \cup [0.95, 1], \dots, f_{10} = [0.45, 0.5] \cup [0.5, 0.55]$$

$$F_{t,i} = \sum_{m \text{ tel que } \pi_t^m \in f_i} [\pi_{t+1} = 0 \cup \pi_{t+1} = 1 | \pi_t \in f_i]$$

$$\Delta_t = \sum \left[\frac{(\pi_{t+1} - \pi_t)^2}{\pi_t(1 - \pi_t)} \right]$$

Amélioration des erreurs de prédiction
Réduction des intervalles de crédibilité



Bibliographie : Boitard, S., Rodríguez, W., Jay, F., Mona, S., & Austerlitz, F. (2016). Inferring population size history from large samples of genome-wide molecular data - An approximate bayesian computation approach. *PLoS genetics*, 12(3), e1005877. Consulté le 24 août 2017, sur <http://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.1005877>