

# Contribution génétique des ancêtres dans une population biparentale

---

Camille Coron

Statistiques au sommet de Rochebrune

# Bienvenue dans la session Hydre aux gènes ! \*



*Et merci Caroline!*

## Contexte et modèle

---

## Reproduction sexuée :

- Quelle est la quantité de génome transmise par un ancêtre ?
- Comment la sélection, la migration, la structure démographique influencent cette quantité ?

## Modèle :

Modèle de Moran biparental

# Objectifs à long terme et données génétiques

## Objectifs à long terme

- Estimation de paramètres
- Choix de modèle

## Données génétiques

- Peinture chromosomique
- Proportion de génome issue d'un groupe d'ancêtres
- Distance génétique entre individus
- Spectres de fréquences alléliques
- ...

**Echelles de temps** : Chang (1999)

**Structure du génome transmis** : Baird, Barton, Etheridge (2003), Lambert, Miro Pina, Schertzer (2018), Pfaffelhuber, Wakolbinger (2023)

**Quantité de génome transmis** : Derrida, Manrubia, Zanette (2000), Barton, Etheridge (2011)

**Impact du pédigré sur la transmission génétique** : Newman, Wakeley, Fan (2025a, 2025b)

# Modèle de Moran biparental

- $N$  individus
- A chaque étape, choix indépendants de :
  - 2 parents choisis uniformément
  - 1 mort
- Les parents se reproduisent et leur enfant remplace le mort

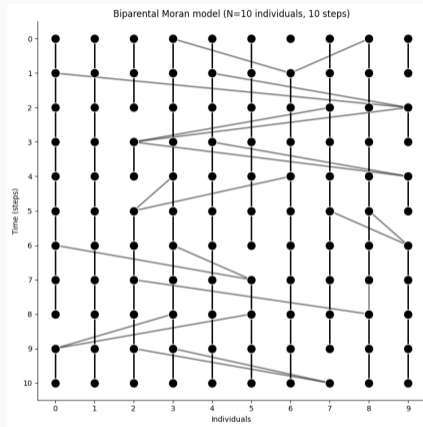


Figure 2: Réalisation pour  $N=10$ .

# Adaptations possibles

- Sélection
- Structure spatiale
- Distinction mâles/femelles
- Possibilité d'auto-fécondation
- ...



**Figure 3:** Population hybride

**Figure 4:** Coloriage chromosomique d'un morceau de génome échantillonné

<sup>3</sup>Dousson Lys, Coron, Mary-Huard, Verdu (2026)

# Sélection sur la mort

- $N$  individus, deux types
- A chaque étape, choix indépendants de :
  - 2 parents choisis uniformément
  - 1 mort : poids 1 pour chaque individu  
avantage, poids  $1 + s$  pour chaque individu  
désavantagé
- Le nouveau-né hérite de l'avantage d'un de ses parents

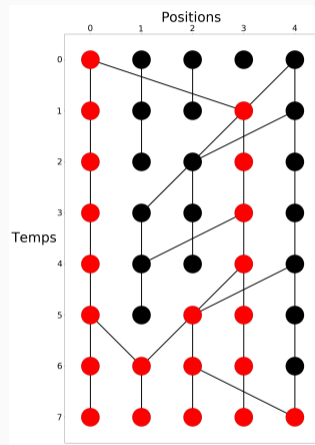


Figure 5: Réalisation pour  $N=5$ .

# Force de la sélection

- $s = 0$  : Cas neutre <sup>4</sup>
- $s = +\infty$  : seulement les désavantagés meurent <sup>5</sup>
- $s = 1$  : un désavantagé donné a deux fois plus de chances de mourir à chaque pas de temps qu'un avantage <sup>6</sup>

---

<sup>4</sup>Coron & Le Jan (2022), <sup>5</sup>Coron & Le Jan (2023), Coron & Hénard (2026), <sup>6</sup>Coron & Le Jan (2025)

# Généalogie d'un gène **indépendant**

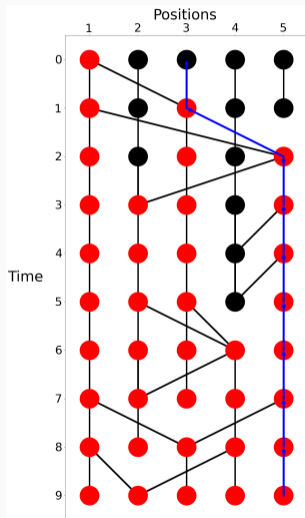


Figure 6: Généalogie

On échantillonne un gène au temps  $n$  :

- Généalogie : marche aléatoire sur le pédigrée,  $(X_k, k \leq n)$
- Quelle est la probabilité qu'elle finisse dans chaque ancêtre ?

⇒ Contribution génétique de chaque ancêtre

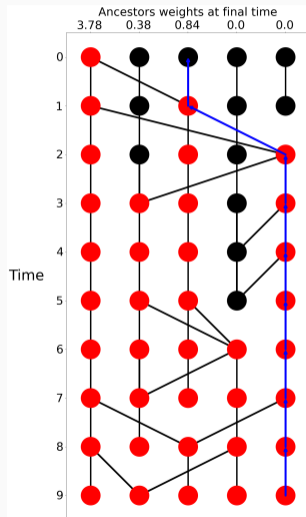


Figure 7: Généalogie et poids

## Quantités

$$A_n(i, j) = \mathbb{P}(X_n = j | X_0 = i, G_n)$$

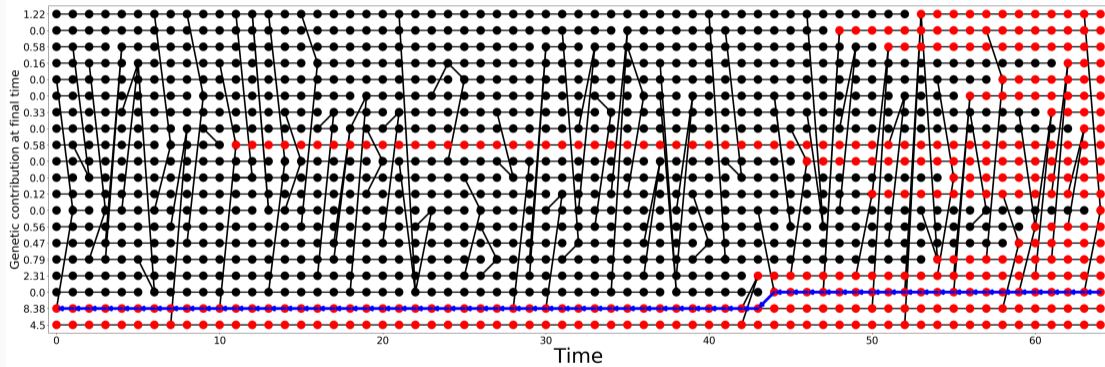
$$M_n(j) = \sum_{i=1}^N A_n(i, j)$$

= Quantité de génome qui vient de  $j$

## Questions

- Quelle est la contribution asymptotique des ancêtres initialement avantageés ?
- Comment  $s$  influence cette loi ?

# Illustration pour $N$ plus grand

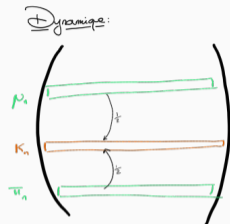
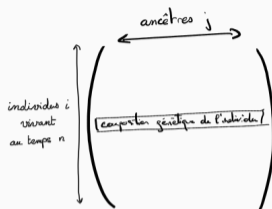


## Résultats

---

# Dynamique des contributions génétiques

- $A_0 =$ matrice identité
- $A_{n+1}(i, :) = A_n(i, :)$  si  $i \neq \kappa_n$
- $A_{n+1}(\kappa_n, :) = \frac{A_n(\mu_n, :) + A_n(\pi_n, :)}{2}$



## Corollaire

Pour tout  $j \in I$ , il existe une variable aléatoire  $W(j)$  telle que

$$A_n(i, j) \xrightarrow[n \rightarrow \infty]{} W(j) \quad \text{presque sûrement.}$$

En particulier,  $M_n(j) \xrightarrow[n \rightarrow \infty]{} M_\infty(j) = NW(j)$  presque sûrement.

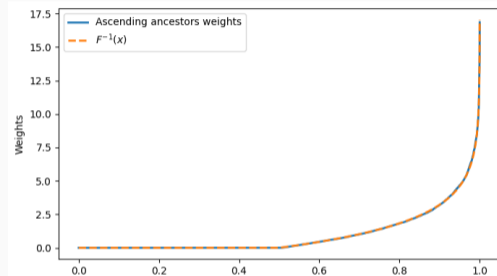
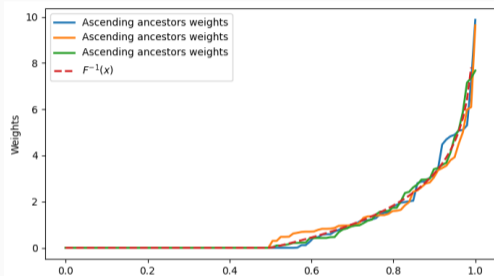
*Le poids d'un ancêtre est donc asymptotiquement le même dans tous les individus.*

### Théorème (Coron & Le Jan (2022))

Posons  $s = 0$ . Alors  $M_\infty(j) \xrightarrow[N \rightarrow \infty]{} \mathcal{M} \begin{cases} = 0 & \text{avec probab. } 1/2 \\ \sim \text{Exp}(1/2) & \text{avec probab. } 1/2 \end{cases}$

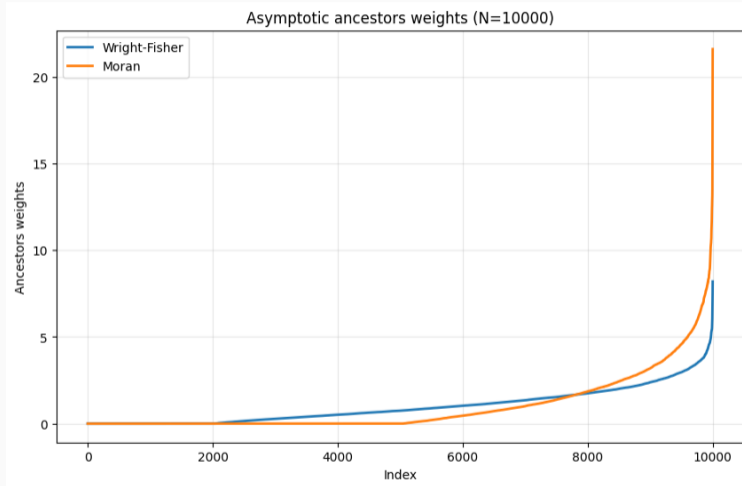
*et les poids asymptotiques des ancêtres sont indépendants.*

# Illustration numérique



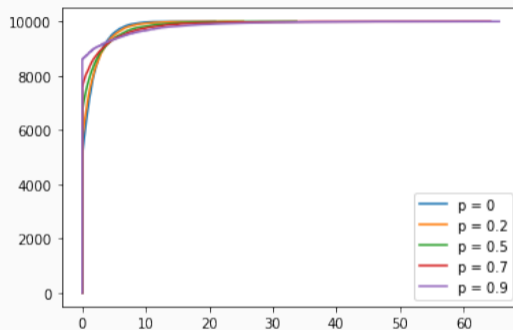
**Figure 8:** Pour une seule simulation du modèle de Moran biparental, pour  $N = 100$  (gauche) ou  $N = 10000$  (droite): poids des ancêtres triés par ordre croissant, après 200000 pas de temps. En rouge :  $x \mapsto -\mathbf{1}_{x>1/2} \times 2 \ln(2(1-x))$ .

# Comparison avec Derrida, Manrubia, Zanette (2000)



**Figure 9:** Modèle de Wright-Fisher (en blue) Vs modèle de Moran (en orange)

## Impact de l'auto-fécondation<sup>7</sup>



**Figure 10:** Impact de l'auto-fécondation sur le poids des ancêtres

<sup>7</sup>Stage de Luce Breuil

## Théorème (Coron & Le Jan (2025))

Soit  $a \in (0, 1)$ . Si  $Y_0 = \lfloor aN \rfloor$  alors

$$\frac{M_{T_N}}{N} \xrightarrow{N \rightarrow \infty} \frac{a^{\frac{1+s}{2s}}}{(1-a)^{\frac{1}{2s}}} \int_a^1 \frac{(1-x)^{\frac{1}{2s}}}{x^{\frac{1+s}{2s}}} \left[ \frac{1}{2} + \frac{1}{2s} \frac{1}{1-x} \right] dx.$$

en probabilité.

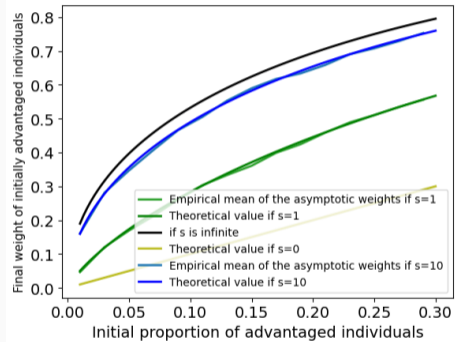
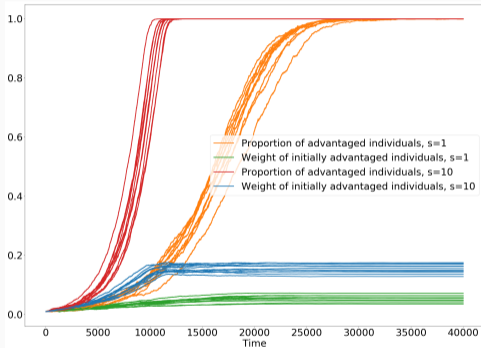
Si  $s = \infty$ , on a  $\frac{M_{T_N}}{N} \xrightarrow{N \rightarrow \infty} 2\sqrt{a} - a$ .

Travail en cours pour comparer la sélection sur la mort et sur la reproduction<sup>7</sup>.

---

<sup>7</sup> Abu Awad, Coron, Mardomingo Sanz, Tran Thanh (2026)

# Simulations numériques



### **Théorème (Coron & Hénard (2026))**

*Supposons que  $s = \infty$  et  $Y_0 = 1$ . Il existe une variable aléatoire positive  $W$  telle que :*

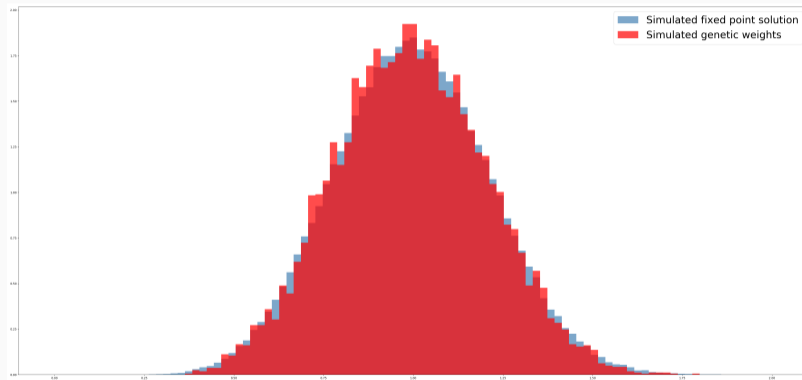
$$\frac{M_{T_N}}{\sqrt{N}} \xrightarrow{N \rightarrow \infty} \frac{4}{\sqrt{\pi}} W \quad \text{en probabilité,}$$

*et  $W$  est l'unique solution telle que  $\mathbb{E}(W) = 1$  de l'équation de point fixe:*

$$W \stackrel{\mathcal{L}}{=} \sqrt{U}W + \frac{1}{2}\sqrt{1-U}W',$$

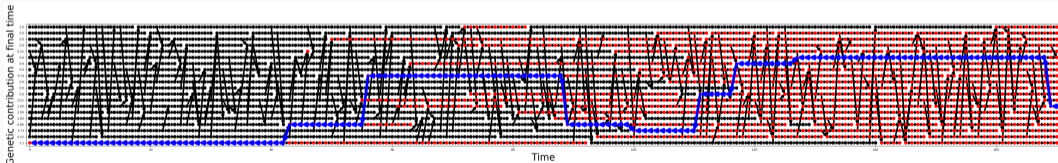
*où  $U$  est uniforme sur  $[0, 1]$ ,  $W'$  a même loi que  $W$ , et  $U, W, W'$  sont indépendantes.*

## Cas (i) : Loi de $W$



# Perspectives

- Cas  $s < \infty$  et  $Y_0$  quelconque
- Cas sélection faible
- Inclure de la recombinaison
- Inclure de la démographie + interaction avec la sélection
- Estimation de paramètres et confrontation à des données



## References (i)

1. Barton NH, Etheridge AM. (2011) The relation between reproductive value and genetic contribution. *Genetics*.
2. Baird SJ, Barton NH, Etheridge AM. (2003) The distribution of surviving blocks of an ancestral genome. *Theor Popul Biol*.
3. Chang JT. (1999) Recent common ancestors of all present-day individuals. *Adv in Appl Probab*.
4. Derrida B, Manrubia SC, Zanette DH. (2000) On the genealogy of a population of biparental individuals. *J Theor Biol*.
5. Lambert A, Miró Pina V, Schertzer E (2018) "Chromosome painting: How recombination mixes ancestral colors," *Ann. Appl. Probab*.
6. Pfaffelhuber P, Wakolbinger A (2023) "A diploid population model for copy number variation of genetic elements," *Electron. J. Probab*.

## References (ii)

7. Newman M, Wakeley J, Fan W-T. (2025a) Conditional gene genealogies given the population pedigree for a diploid Moran model with selfing. *Theoretical Population Biology*.
8. Fan, L. W. T., Newman, M., Wakeley, J. (2025b). Quenched coalescent for diploid population models with selfing and overlapping generations. [arXiv:2510.26115](https://arxiv.org/abs/2510.26115).
9. Coron C, Le Jan Y. (2022) Pedigree in the biparental Moran model. *J Math Biol.* 84(6):51.
10. Coron & Le Jan (2025) Genetic contribution of advantaged ancestors in the biparental Moran model – finite selection. [arXiv:2502.01178](https://arxiv.org/abs/2502.01178)
11. Coron & Hénard (2026) Genetic weight of an advantaged mutant in a biparental Moran model. Work in progress