
tess3r : un package R pour l'estimation de la structure génétique des populations spatialisées

Kevin Caye*^{†1}, Olivier Francois^{‡2}, and Michel Olivier³

¹Techniques de l'Ingénierie Médicale et de la Complexité - Informatique, Mathématiques et Applications, Grenoble (TIMC-IMAG) – CNRS : UMR5525 – Domaine de la Merci - 38706 La Tronche, France

²TIMC-IMAG laboratory – CNRS : UMR5525 – France

³Grenoble Images Parole Signal Automatique (GIPSA-lab) – Université Stendhal - Grenoble III, Université Pierre Mendès-France - Grenoble II, Université Joseph Fourier - Grenoble I, CNRS : UMR5216, Institut Polytechnique de Grenoble - Grenoble Institute of Technology, Université Pierre-Mendès-France - Grenoble II – Gipsa-lab - 961 rue de la Houille Blanche - BP 46 - 38402 Grenoble cedex, France

Résumé

Une étape importante lors de l'étude de données de grande dimension est la recherche d'une structure de faible dimension mettant en évidence les principales caractéristiques des données. Cette étape est très importante en génétique des populations. Le package tess3r permet d'estimer la structure génétique des populations spatialisées à partir de la matrice de génotype et des positions spatiales des individus. Le package permet de plus de représenter la structure calculée et de faire un balayage pangénomique afin de détecter des gènes potentiellement responsables d'une adaptation à l'environnement.

*Intervenant

[†]Auteur correspondant: kevin.caye@imag.fr

[‡]Auteur correspondant: Olivier.Francois@imag.fr