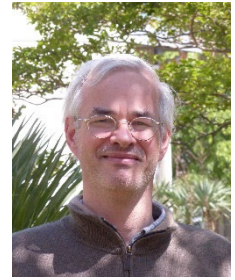


François Rousset


Directeur de recherches (DRCE) au CNRS,
à l'Institut des Sciences de L'Évolution (ISEM, CNRS UMRS 5554)
Site institutionnel : isem-evolution.fr/membre/rousset/ ;



Cursus universitaire et emplois

- 1988-1989. DEA Ecologie et Evolution, Montpellier.
- 1989–Janvier 1993 : Doctorat en Génétique quantitative et des populations, Univ. Orsay-Paris Sud ; Allocataire moniteur normalien.
- 1993–actuel : Chercheur au CNRS à l'ISEM (DR: 2002 ; DRCE : 2019).
- 1997 : Mise à disposition à l'université de Yale, *Dept. of Epidemiology and Public Health* ; médaille de bronze du CNRS.
- 1999 : Habilitation à diriger des recherches (Écologie et Évolution, Univ. Montpellier).

Productions scientifiques

- 156 publications de recherche dans des journaux indexés, et une monographie publiée par Princeton Univ. Press en 2004. Listes de publications:  orcid.org/0000-0003-4670-0371 ; ResearcherID: C-7360-2008.
- Auteur ou coauteur d'une dizaine de logiciels libres et *open source* : cf gitlab.mbb.univ-montp2.fr/users/francois/projects et github.com/f-rousset pour les logiciels portés les plus récents.

Activités d'évaluation

Relecteur pour des projets de livres (pour Oxford UP et Cambridge UP) et pour 62 journaux (domaines principaux ; génétique, biologie et écologie évolutive, biomathématiques, bioinformatique), incluant *Science*, *Nature*, *PNAS*; et pour des agences de financement telles que NSF, Fond National Suisse, Wellcome Trust, NERC, ERC Consolidator et Advanced Grants, etc. Editeur associé pour *Journal of Evolutionary Biology* (1998–2002) et *Molecular Ecology* (2003–2013). Actuellement membre du *managing board* (et *deputy representative*) pour *PCi Evol Biol*, et *recommender* pour *PCi Math Comp Biol*. Participations à des comités de recrutement d'enseignants-chercheurs, en sections CNU 67-68 (principalement), 27 (bioinformatique), et 26 (probabilités et statistiques).

Responsabilités collectives récentes

- 2025- : Responsable d'équipe « stratégies reproductives des plantes » à l'ISEM.
- Février 2024-actuel : membre nommé de la Section 29 du CoNRS ; également participation au concours CR en section interdisciplinaire (CID 51) en 2025.
- Juin 2020-Décembre 2024 : directeur adjoint du Labex CeMEB, regroupant 10 Unités du site Montpellierain.
- Mars 2017-2022 : directeur adjoint d'une "initiative-clé" de l'I-site MUSE (Montpellier) pour l'analyse de données en Sciences de la Vie. Faisait suite au PIA « Institut de Biologie Computationnelle » (2012-2018, anr.fr/ProjetIA-11-BINF-0002) dont j'étais membre du bureau de direction.
- Janvier 2017-actuel : Représentant de l'Université de Montpellier au Conseil d'Administration de la Fondation pour Recherche sur la Biodiversité et au comité de pilotage du Pôle National de Données de Biodiversité.
- Mai 2016-Janvier 2022 : directeur élu du département scientifique B3ESTE, composante de l'Université de Montpellier qui regroupait les Unités de Recherche en Ecologie, Evolution, Géosciences et Hydrosiences.

Activités d'enseignement et de diffusion de la culture scientifique

Responsabilités passées de modules en M2 Ecologie et Evolution et M2 Biostatistiques ; 13 doctorants et 4 post-doctorants dirigés ou co-dirigés ; membre de 2012 à 2024 du bureau de direction d'une association pour la diffusion de la culture scientifique en écologie, faisant également fonction d'éditeur et bureau d'étude (20 ETP salariés).

Principaux domaines d'activités scientifiques :

Lors de mon doctorat, initialement consacré à l'évolution moléculaire des ARN ribosomiques, je me suis intéressé à la biologie des bactéries du genre *Wolbachia*, symbiotiques de divers Arthropodes. Après mon recrutement au CNRS, je me suis progressivement tourné vers des activités de modélisation et de statistique appliquées en particulier à l'analyse de la diversité génétique, de l'évolution des traits d'histoire de vie et des comportements sociaux.

J'ai ainsi (co-)développé plusieurs logiciels, tel que Genepop qui implémentait diverses analyses statistiques traditionnelles en génétique des populations, ainsi que plusieurs méthodes issues de mes travaux ; et le logiciel Migraine pour l'inférence par maximum de vraisemblance de paramètres de structure de populations. J'ai également implémenté des méthodes d'inférence dont les champs d'application dépassent le domaine de la génétique des populations, dans des logiciels tels que la librairie R spaMM pour l'inférence et la prédiction sous modèles à effets mixtes incluant notamment des effets aléatoires spatialement autocorrélés ; et plus récemment la librairie R Infusion implémentant une alternative aux méthodes pré-existantes d'inférence par simulation telles que l'*Approximate Bayesian Computation*. Ces différentes approches soutiennent des applications ou des projets à venir, à travers des collaborations sur des organismes divers (animaux, végétaux et champignons) et des thématiques également diverses (par exemple, génomique de l'adaptation, inférence de l'origine d'individus, inférence de processus de décision comportementale, analyse des effets des histoires de vie et des interactions entre individus sur la valeur sélective).

Dans le domaine de la modélisation, un objectif de mes travaux a été d'évaluer les forces sélectives affectant les interactions de compétition et de coopération entre individus, en passant par la définition d'un cadre analytique applicable à des questions telles que l'évolution des phénomènes de reconnaissance génétique entre apparentés, le rôle de la dépression de consanguinité dans l'évolution de la dispersion, ou la prise en compte les mécanismes de régulation démographique des populations dans l'évolution des traits d'histoire de vie.