

Paul Verdu  
Chargé de Recherche CNRS  
UMR 7206 Eco-anthropologie, CNRS-MNHN-Université de Paris  
Musée de l'Homme, 17 Place du Trocadéro, 75016 Paris, France  
Téléphone : +33 1 44 05 73 17 ; Email : [paul.verdu@mnhn.fr](mailto:paul.verdu@mnhn.fr)  
<https://www.ecoanthropologie.fr/fr/annuaire/verdu-paul-6089>  
Né le 24 novembre 1980 à Paris, France. Marié sans enfants.

## Curriculum Vitae étendu

<b>CURRICULUM VITAE ETENDU</b> .....	<b>1</b>
1. CURRICULUM VITAE.....	2
2. RESUME DES TRAVAUX ANTERIEURS .....	4
3. LEADERSHIP SCIENTIFIQUE .....	5
3.a. Responsabilités de recherche.....	5
3.b. Responsabilités de missions d'échantillonnage sur le terrain .....	5
4. FORMATION PAR LA RECHERCHE .....	7
4.a. Licence.....	7
4.b. Master 1 .....	7
4.c. Master 2.....	7
4.d. Doctorat .....	7
4.e. Post-Doctorat .....	8
4.f. Comités de thèse.....	8
4.g. Rapporteur de thèse.....	8
4.h. Jury d'évaluation .....	8
5. IMPLICATION DANS LES COLLECTIFS.....	9
5.a. ( <i>Local</i> ) Implication dans le collectif UMR7206 Eco-Anthropologie.....	9
5.b. ( <i>Local</i> ) Responsabilités éthiques et déontologiques à l'UMR7206 Eco-Anthropologie.....	9
5.c. ( <i>National</i> ) Construction et coordination du plateau technique mutualisé Paléogénomique et Génétique Moléculaire du MNHN.....	9
5.d. Autres implications dans les collectifs.....	10
5.e. Jury de recrutements .....	10
6. RAYONNEMENT .....	11
6.a. Responsabilités éditoriales .....	11
6.b. Communications orales invitées à des conférences internationales.....	11
6.c. Communications orales invitées à des séminaires de recherche internationaux .....	11
6.d. Communications orales invitées à des séminaires de recherche nationaux .....	11
6.e. Articles scientifiques distingués .....	11
6.f. Autre ( <i>National</i> ) .....	11
7. ENSEIGNEMENT, FORMATION ET DIFFUSION DE LA CULTURE SCIENTIFIQUE.....	12
7.a. Enseignement académique .....	12
7.b. Enseignement MOOC (format vidéo avec évaluations et diplômants) .....	12
7.c. Diffusion - Muséologie.....	12
7.d. Diffusion - Conférences, débats et ateliers auprès du grand public.....	12
7.e. Diffusion - Articles grand public et interventions presse écrite, radio, télévision, web .....	13
8. TRANSFERT TECHNOLOGIQUE ET VALORISATION .....	14
<b>LISTE COMPLETE DES PRODUCTIONS ET VALORISATIONS SCIENTIFIQUES</b> .....	<b>15</b>
1. ARTICLES ORIGINAUX DANS DES JOURNAUX A COMITE DE LECTURE .....	16
2. ARTICLES DE REVUES DANS DES JOURNAUX A COMITE DE LECTURE.....	19
3. CHAPITRES D'OUVRAGES A COMITE DE LECTURE.....	20
4. OUVRAGES DISPONIBLES EVALUES PAR DES COMITES DE LECTURE.....	20
5. COMMUNICATIONS ORALES INVITEES.....	21
5.a. Communications orales invitées à des congrès internationaux .....	21
5.b. Communications orales invitées à des séminaires de recherche .....	22
6. RAPPORTS D'EXPERTISE ET LOGICIEL .....	24

## 1. Curriculum Vitae

- Déc. 2022**    **Habilitation à Diriger les Recherches** du Muséum National d'Histoire Naturelle.  
*Disciplines* : Anthropologie et Génétique des Populations.  
*Titre* : *Histoires de Métissages – Histories of Admixture*.  
<https://hal.archives-ouvertes.fr/tel-03817698/>  
*Laboratoire* : CNRS-MNHN-Université de Paris ; UMR7206 Eco-anthropologie.  
*Jury* : Anouk Barberousse (Sorbonne Université, jury), Simon Boitard (INRAE, jury), Catherine Bourgain (INSERM, rapportrice), Simon Gravel (McGill University, rapporteur), Emmanuelle Porcher (MNHN, jury), Alexandre Robert (MNHN, rapporteur, président de soutenance).
- 2012-prés.**    **Chargé de Recherche CNRS.**  
**Section 29 (rattachement principal) et CID 51 (rattachement secondaire).**  
**Unité d'accueil : UMR7206 Eco-Anthropologie, équipe "Anthropologie Génétique".**  
*Recruté au concours CR-2<sup>ème</sup> classe de la Commission interdisciplinaire anciennement CID 43.*
- 2011-2012**    **Post-doctorat** à l'Université de Stanford (Stanford, Californie, EUA).  
*Titre* : *Theoretical modelling of complex admixture histories*.  
*Direction* : Noah A. Rosenberg (Département de Biologie).
- 2009-2011**    **Post-doctorat** à l'Université du Michigan (Ann Arbor, Michigan, EUA).  
*Titre* : *Theoretical modelling of complex admixture histories*.  
*Direction* : Noah A. Rosenberg (Département de Génétique Humaine).
- Oct. 2005 - Jan. 2009**  
**Thèse de Doctorat** de l'Université Pierre et Marie Curie et du Muséum National d'Histoire Naturelle.  
*Disciplines* : Anthropologie Biologique et Génétique des Populations Humaines.  
*Titre* : *Anthropologie Génétique des Populations d'Afrique Centrale : Histoire du Peuplement Pygmée*.  
*Direction* : Evelyne Heyer (MNHN).  
*Laboratoire* : CNRS-MNHN-Université Paris Diderot ; UMR5194 Eco-anthropologie et Ethnobiologie.  
*Jury* : Serge Bahuchet (MNHN, jury), Laurent Excoffier (Université de Berne, jury), Olivier François (Institut Ploytechnique Grenoble, rapporteur.), Barry S. Hewlett (Washington State University, rapporteur), Dominique Higuet (Université Pierre et Marie Curie, jury, président de soutenance), Lluís Quintana-Murci (Institut Pasteur, jury).  
*Mention* : très honorable, félicitations du jury.
- 2004-2005**    **Master 2 Européen de Génétique**, Université Paris Diderot.  
*Stage de Master 2* : Institut Pasteur de Paris, UMR2000 Génétique Évolutive Humaine.  
*Titre* : *Evolutionary insights into the high worldwide prevalence of MBL2 deficiency alleles*.  
*Direction* : Lluís Quintana-Murci (Institut Pasteur).
- 2001-2005**    **Diplôme d'Ingénieur Agronome**. INA-PG (AgroParisTech)  
*2003-2004*    *Année de Césure-Stages longs*  
Juin-Déc. 2003 : UNESCO Reserva de la Biosphera Sian Ka'an, (Quintana Roo, Mexique).  
Jan.-Juil. 2004 : Kenneth Kidd Lab, Yale University (New Haven, Connecticut, EUA).
- 1998-2011**    **Classes Préparatoires aux Grandes Ecoles** – filière Biologie, Chimie, Physique et Sciences de la Terre (BCPST) : Lycée Saint Louis, Paris.
- 1998**        **Baccalauréat Général**, filière Scientifique, spécialité Mathématiques.

**Depuis 2017 : Formations à l'encadrement d'équipe :**

**Juin 2021 :** Codéveloppement professionnel et managérial : Intelligence collective.

½ journée de formation aux techniques d'Intelligence Collective.

Formation délivrée par le Centre Européen de codéveloppement professionnel et managérial, et organisée par Direction Déléguée aux Cadres Supérieurs du CNRS, dans le cadre de la formation permanente du CHP Lab (voir partie 8.).

**Mai 2017** : Initiation au management : de la pratique aux concepts fondamentaux.

4 jours de formation à l'encadrement d'équipe, théorie et ateliers pratiques.

Formation organisée par la Direction Déléguée aux Cadres Supérieurs du CNRS, dans le cadre de la formation de la promotion « Jeunes Talents du CNRS 2017 » (voir partie 8.)

## 2. Résumé des travaux antérieurs

Mes travaux de recherche en Anthropologie et en Génétique des Populations s'appliquent à reconstruire comment les forces de l'évolution, et notamment démographiques et culturelles, ont influencé la diversité génétique des populations humaines. Pour cela, mes travaux portent sur tous les aspects de ces disciplines : des collectes de données ethnographiques, linguistiques, anthropométriques et génétiques sur le terrain aux analyses qualitatives ou statistiques, en passant par la genèse des données moléculaires, et par les développements théoriques de modèles mathématisés et de leurs logiciels d'application aux données réelles.

J'ai ainsi mené 12 missions d'échantillonnages pluridisciplinaires en Afrique Central (Cameroun, Gabon, Ouganda) et en Afrique de l'Ouest (Cap Vert), dont 10 que j'ai coordonné, pour 11 mois au total (6 missions avant mon recrutement au CNRS en 2012 dans l'UMR7206, 6 depuis). Sur les plus de 800 échantillons collectés, j'ai généré moi-même, ou supervisé le travail de mes étudiant.e.s ou ingénieur.e.s, différents types de données génétiques, en Sanger, en Puces ou en Next Generation Sequencing. Ces nouvelles données mon permis, avec des méthodes statistiques de pointe, de décrire finement leur diversité génétique, puis d'inférer leurs histoires évolutives, notamment avec des méthodes d'Approximate Bayesian Computation que j'ai été parmi les premiers à déployer sur des données humaines. Ainsi, j'ai pu reconstruire, avant et après mon recrutement, l'évolution génétique des populations d'Afrique Centrale, catégorisées historiquement en chasseurs-cueilleurs Pygmées et voisins agriculteurs non-Pygmées. Avec plusieurs étudiants en Master et en Doctorat, ainsi que par des collaborations étroites avec l'UMR2000 (Institut Pasteur), nous avons démontré pour la première fois que toutes les populations dites Pygmées partagent une origine génétique commune récente et ont divergées des ancêtres des non-Pygmées dans un plus lointain passé. En outre, nous avons trouvé de nombreux métissages fortement asymétriques des non-Pygmées vers les Pygmées, variables entre populations et biaisés selon le sexe ; ce qui peut s'expliquer par des relations socio-culturelles complexes et marquées par de fortes discriminations maritales entre populations. Enfin, nous avons reconstruit une partie l'histoire de l'évolution des différences de systèmes immunitaires et de tailles adultes non-pathologiques, et identifié des signatures de sélection associées à l'histoire des métissages. Au cours de mon post-doctorat et ensuite, j'ai développé, avec une étudiante en Master et des collaborations internationales, des nouveaux modèles théoriques décrivant l'influence des histoires de métissages complexes sur la diversité génétique. J'ai ensuite, dans le cadre de mon ANR METHIS, développé avec des étudiants en post-doctorat et en doctorat et un ingénieur de l'UMR7206, une nouvelle méthode s'appuyant sur l'ABC par apprentissage machine, afin de reconstruire l'histoire de tels métissages à partir de données génétiques, et diffusé un logiciel dédié.

Enfin depuis mon post-doctorat, je travaille à reconstruire l'histoire des métissages génétiques et linguistiques chez les locuteurs Kriolu du Cap Vert au cours de l'histoire de la traite esclavagiste. Avec un étudiant en thèse et en collaboration avec des chercheurs de l'UMR7206 et des collaborations aux EUA, nous avons développé une nouvelle méthode ABC pour inférer l'évolution des langues en parallèle de celle des gènes, ancrées sur des données génétiques et linguistiques que nous avons collectées chez les mêmes individus et à l'intérieur d'une seule langue ; une première dans les études croisées génétiques-linguistiques.

J'ai publié 29 articles originaux dans des revues généralistes ou spécialisées en génétique des populations, en évolution et en anthropologie culturelle (9 avant recrutement, 20 après). S'y ajoutent cinq articles de revue et cinq chapitres d'ouvrages collectifs, tous revus par les pairs et tous post-recrutement. Six articles ont été distingués par les éditeurs. J'ai été invité à 16 conférences internationales (4 avant recrutement, 12 après) et 20 séminaires de recherche (3 avant, 17 après) en génétique de l'évolution et aussi en anthropologie, en linguistique et en archéologie. Je suis fortement impliqué dans la diffusion de la méthode et de la culture scientifique dans l'académie (30-40h de cours par an), via la formation par la recherche de plus de 18 étudiants, et auprès du grand public. J'ai été conseiller scientifique pour 5 expositions du Musée de l'Homme, dont le parcours permanent ; j'ai réalisé plus de 20 conférences-débats et ateliers, grand public et en milieux scolaire ou carcéral ; et ai été interviewé plus de 40 fois dans la presse écrite, audiovisuelle et internet. En parallèle de mes travaux de recherche, depuis mon recrutement, j'ai supervisé étroitement la construction de novo d'une plateforme technique de paléogénomique et génétique moléculaire dans l'UMR7206, mutualisée nationalement depuis 2016. Je la co-dirige (70%) et supervise 4 IE et AI réalisant plus de 35 projets annuels (60% de l'UMR7206 presque tous externes à mes projets, 30% d'autres laboratoires, et 10% d'expertise). J'ai également réalisé la déclaration CNIL "données sensibles", qui couvre les travaux d'anthropologie génétique et culturelle menés à l'UMR7206, et ai écrit un chapitre d'ouvrage sur les consentements éclairés et leurs limites pratiques en anthropologie. Enfin, en décembre 2022, j'ai été élu à la direction adjointe de l'UMR7206 pour le prochain contrat 2025-2030.

### 3. Leadership scientifique

#### 3.a. Responsabilités de recherche

- 2022-prés. Responsable (100%) du Workpackage 1.1.1 (/4) "Multiple-sources reintroduction at the rear edge of the range of *Arenaria grandiflora*" de l'ANR FloRes (ANR-22-CE02-0010) portée par Ophélie Ronce (ISEM, CNRS). Inclus : genèse de données moléculaires sur P2GM et le contrat doctoral d'un.e étudiant.e à recruter en co-direction avec N. Machon (CESCO, MNHN). Total : 181 520 euros.**
- 2021-prés. Responsable (100%) du Workpackage 3 (/4) "Origins and migration history of Human populations in the Paris Basin" de l'ANR ParisAncientDNA (ANR-21-CE12-0007) portée par Marie-Claude Kergoat (CEA). Inclus : genèse de données moléculaires sur P2GM et le contrat doctoral de Juliette Sauvage. Total : 516 407 euros**
- 2021 Porteur (100%) de l'ATM du MNHN, NEGAM: "Extraction de l'AND d'abeille à partir de miel", mise en œuvre des expérimentations moléculaires sur P2GM par Sophie Lafosse (IE-CNRS, UMR7206) ayant motivé le projet. Total : 4250 euros**
- 2020-pres. Co-porteur (75%, avec J. Rocha, CIBIO-University of Porto, Portugal) Financement International de la Fundação para a Ciência e a Tecnologia FCT (Portugal) : "Sex specific admixture histories in the context of the Trans-Atlantic Slave Trade in Cabo Verde and São Tomé e Príncipe". Inclus le contrat doctoral international de Marta Ciccarella. Total : 119 424 euros.**
- 2015-2021 Porteur (100%) de l'ANR METHIS (ANR 15-CE32-0009-01): "Influence of admixture histories on the genetic evolution of hybrid populations". Inclus : genèse de données moléculaires sur P2GM, missions de terrain, et le contrat post-doctoral C Fortes-Lima. Total : 299 000 euros.**
- 2015-2018 Co-porteur (40%, avec T. J. Pemberton, University of Manitoba, Canada) du projet NSERC discovery DG2015: "Genetics of body size of West Central African Pygmies and non-Pygmies". Inclus : missions de terrain et genèse de données moléculaires. Total : 140 000 dollars canadiens.**
- 2014-2016 Co-porteur (50%, avec Noah A. Rosenberg, Stanford University, EUA) du Collaborative project at the France-Stanford Center for Interdisciplinary Studies: "Inference of demographic history using joint genetic and linguistic analyses in Cape Verde". Inclus : missions de terrain et mobilité inter-laboratoires. Total : 15 000 dollars EUA.**
- 2010-2014 Responsable (100%) des analyses des données génétiques du programme NSF (BCS-1025139) : "Anthropological-Genomic Effects of European Colonization on Native North Americans", portée par Ripan Malhi (University of Illinois, EUA). Pas de budget géré spécifiquement par P Verdu.**
- 2009-2013 Responsable (100%) du Workpackage 3 (/6) "Fragmentation and differentiation of pygmy hunter-gatherer populations" de l'ANR 6<sup>ème</sup> extinction, C3A (ANR- 09-PEXT-0) portée par Anne-Marie Lézine (LOCEAN, CNRS-Sorbonne Universités-IRD). Inclus : missions de terrain et genèse de données moléculaires. Total : 30 000 euros.**

#### 3.b. Responsabilités de missions d'échantillonnage sur le terrain

**2004-2018 Collectes de données ethnographiques, linguistiques, anthropologiques et génétiques :**

**13 missions de terrains (18 mois) en anthropologie biologique et culturelle, dont 10 comme coordinateur de mission :**

Autorisations éthiques et administratives, relations institutionnelles.

Logistique : voyages et déplacements, hébergements, équipement, budget.

Coordinations collaborateurs et informateurs, encadrement d'étudiants.

Collectes de données linguistiques, ethnographiques, anthropométriques, et génétiques.

Budget total approximatif engagé sur ressources propres et contractuelles : 130 000 euros.

2006-2016 : 6 terrains en Afrique Centrale (Cameroun, Gabon, Ouganda) : 7 mois ;

2010-2018 : 6 terrains au Cap Vert : 4 mois ;

2004 : 1 terrain au Mexique (Quintana Roo) : 7 mois.

## 4. Formation par la Recherche

### 4.a. Licence

1. **Antoine Cools** (Ecole Nationale Supérieure des Mines de Nantes), **2018, 2 mois, 50%** (co-dir. : Romain Laurent, MNHN - UMR7206)  
*Titre* : *Simulation de la diversité de microsattellites dans des modèles de mélanges complexes.*

### 4.b. Master 1

1. **Ferdinand Petit** (M1 Bio-informatique, Université de Paris), **2019, 4 mois, 50%** (co-dir. : Romain Laurent, MNHN - UMR7206)  
*Titre* : *Codage des calculs de  $F_{ST}$  multilocus pour les inférences en Approximate Bayesian Computation.*
2. **Noémie Becker** (AgroParisTech, anc. INA P-G), **2007, 4 mois, 100%**  
*Titre* : *Height determination in Central African Pygmy and non-Pygmy populations.*
3. **Héloïse Bastide** (M1 Bio-informatique, Univ. Paris Diderot), **2006, 4 mois, 100%**  
*Titre* : *Phylogenetic structure of the Y-chromosome in Central Asian human populations.*

### 4.c. Master 2

1. **Maël Pretet** (M2 Bio-informatique, Univ. de Paris), **2021, 6 mois, 100%**  
*Titre* : *Effective population size changes on the genomic admixture structure of hybrid populations.*
2. **François Mallordy** (Ecole Normale Supérieure, Lyon), **2019, 6 mois, 80%** (co-dir. : V. Thouzeau, Sorbonne Université)  
*Titre* : *Linguistic diversity across individuals within the Kriolu language from Cabo Verde.*
3. **Marta Ciccarella** (Univ. de Bologne, Italie), **2018, 6 mois, 100%**  
*Titre* : *Sex-specific genomic diversity in Cabo Verde.*
4. **Claire Stragier** (M2 Européen de Génétique, Univ. de Paris), **2015, 6 mois, 70%** (co-dir. : N. Machon, MNHN)  
*Titre* : *Hybridization history of *Arenaria grandiflora* reintroduced in Fontainebleau Forest.*
5. **Margueritte Lapierre** (Fonctionnement du Vivant), **2014, 4 mois, 100%**  
*Titre* : *Simulating genomic data under complex admixture histories.*
6. **Amy Goldberg** (University of Michigan), **2011, 6 mois, 70%** (co-dir.: N. A. Rosenberg, Univ. of Michigan)  
*Titre* : *A mechanistic model for sex-specific admixture history. 1 publication*
7. **Noémie Becker** (AgroParisTech, anc. INA P-G), **2008, 6 mois, 100%**  
*Titre* : *Height determination in Central African Pygmy and non-Pygmy populations. 1 publication*
8. **Viola Grugni** (Erasmus, M2 Européen de Génétique, Univ. de Paris), **2008, 6 mois, 100%**  
*Titre* : *Sex-specific genetic diversity in Central Africa. 1 publication*

### 4.d. Doctorat

1. **Juliette Sauvage**, ED227 MNHN (financement ANR ParisAncientDNA), **2021-présent, 36 mois, co-direction (30%)**.  
*Direction* : M-C. Kergoat (CEA), C. Bon (MNHN-UMR7206), et P. Verdu.  
*Titre* : *Histoire paléogénomique du peuplement du Bassin Parisien du Mésolithique à l'époque médiévale.*
2. **Marta Ciccarella**, International FCT-Université de Porto (Portugal) & UMR7206, **2020-présent, 48 mois, co-direction (80%)**.  
*Direction* : P. Verdu et J. M. Rocha (CIBIO-Univ. Porto).  
*Titre* : *Inferring sex-biased admixture processes in human populations with Approximate Bayesian Computations: the case of Atlantic Slave Trade admixture in Cabo Verde and São Tomé e Príncipe.*
3. **Gwenna Breton**, EBC, Uppsala University (Suède), **2015-2020, 60 mois, co-direction (40%)**.  
*Direction* : P. Verdu, M. Jakobsson, C. Schlebusch, P. Sjödin, (Uppsala University).

*Titre* : *Human demographic history: Insights on the human past based on genomes from Southern through Central Africa. **1 publication en préparation.***

*Situation 2022* : CDI Responsable d'Equipe analyse de données en génomique médicale, Ministère de la Santé, Göteborg Suède.

**4. Valentin Thouzeau**, ED227, MNHN (France),  
**2014-2017, 36 mois, co-direction (50%).**

*Direction* : P. Verdu et F. Austerlitz (CNRS, UMR7206).

*Titre* : *Reconstruire l'évolution biologique et culturelle des populations humaines par l'analyse simultanée des diversités linguistiques et génétiques. **3 publications, 1 en 2<sup>ème</sup> révision, 1 en préparation.***

*Situation 2022* : Maître de Conférence à Sorbonne Université.

**5. Noémie Becker**, ED227, MNHN (France),  
**2008-2012, 42 mois, Encadrement partiel (30%).**

*Direction* : E. Heyer.

*Titre* : *Faible stature des Pygmées d'Afrique Centrale : une approche évolutive. **5 publications.***

*Situation 2022* : Maître de Conférence à l'Univ. Ludwig-Maximilian Munich (Allemagne).

#### 4.e. Post-Doctorat

**1. Cesar A. Fortes-Lima**, financement propre P. Verdu - ANR METHIS,  
**2018-2018, 19 mois, direction (100%).**

*Direction* : P. Verdu

*Titre* : *Reconstructing human admixture history. **3 publications***

*Situation 2022* : Associate Scientist, EBC, Uppsala University (Suède).

#### 4.f. Comités de thèse

**2018-prés. Membre de 5 Comités de Thèse :**

**Mário Vicente** (EBC Uppsala Univ., Suède), direction : Mattias Jakobsson et Carina Schleich (EBC Uppsala Univ.) ; thèse soutenue en 2020. Discipline : génétique évolutive humaine

**Sebastian Cuadros** (ED515 Complexité du Vivant, UPMC), direction : Etienne Patin (UMR2000, Institut Pasteur) ; thèse soutenue en 2021. Discipline : génétique évolutive humaine

**Aurélie Jouvenel** (ED472 EPHE) ; direction : Robert Hawley (EPHE) ; thèse en cours. Discipline : Archéologie historique.

**Flora Vachon** (ED623 Savoirs, Sciences, Education, Université de Paris), direction : Catherine Bourgain (Cermes3, INSERM) et Claude Olivier Doron (UMR7219 SPHERE, Université de Paris) ; thèse en cours. Discipline : Histoire des Sciences

**Karl Zeller** (ED227 Diversité du Vivant, MNHN) ; direction : Sandrine Pratt (UMR7194, CNRS-MNHN) et Cécile Garcia (UMR7206, CNRS-MNHN) ; thèse en cours. Discipline : Primatologie.

#### 4.g. Rapporteur de thèse

**2019 Rapporteur de Thèse de Sandra Olivera**, Univ. Porto (Portugal) - Max Planck Institute for Evolutionary Anthropology (Allemagne); direction: J Rocha (CIBIO, Univ. Porto), Mark Stoneking (Max Planck Institute, Leipzig) et Brigitte Pakendorf (CNRS, Univ. Lyon 2)

#### 4.h. Jury d'évaluation

**2021 Jury** de candidature pour une thèse de doctorat MITI-CNRS en Primatologie-Neurologie

**2015 Jury** d'évaluation des Master 2, Génétique Humaine, Mention Européenne, Université de Paris

## **5. Implication dans les collectifs**

### **5.a. (Local) Implication dans le collectif UMR7206 Eco-Anthropologie**

**Dec. 2022** Elu à la Direction Adjointe de l'UMR7206 Eco-Anthropologie pour le contrat 2025-2030. 2023- Rédaction et coordination du projet d'UMR pour évaluation HCERES en 2024.  
2022- Construction du préprojet d'UMR et campagne électorale.

**2014-2019** Membre élu (C-EC) au Conseil de Laboratoire de l'UMR7206.

### **5.b. (Local) Responsabilités éthiques et déontologiques à l'UMR7206 Eco-Anthropologie**

**2021-2022** Responsable (100%) de l'audit RGPD de l'UMR7206, en collaboration avec le service juridique du MNHN (Estelle Bervas-Clerc).

**2015-prés.** Responsable (100%) de la déclaration CNIL-RGPD sur les données sensibles en génétique et anthropologie biologique et culturelle de l'UMR7206. En collaboration avec le service juridique du CNRS (Emilie Masson) et le COMETS.

**2015-prés.** Correspondant Ethique et Protection des Données Sensible de l'UMR7206.

### **5.c. (National) Construction et coordination du plateau technique mutualisé Paléogénomique et Génétique Moléculaire du MNHN**

**2015-prés.** Co-coordonateur (70%) du plateau Paléogénomique et génétique moléculaire P2GM du MNHN, avec Céline Bon (UMR7206). <https://www.ecoanthropologie.fr/fr/plateau-technique-6204>.

>**35 projets scientifiques/an** (60% UMR7206, 15% autres UMR MNHN, 15% autres EPST en France et Union Européenne, 10% non-académique); >**100 000 euros/an de flux financiers.**

P2GM est composé de deux coordinateurs scientifiques, deux ingénieurs d'étude (José Utgé-MNHN, Sophie Lafosse-CNRS), deux assistantes ingénieures (Amélie Chimènes-CNRS, Françoise Dessarps-Freichy-CNRS-retraite 2021), et d'un comité de pilotage scientifique.

Elaboration et mise en place des réglementations Hygiène et Sécurité, administratives, financières, tarifaires, et des conditions conventionnelles d'utilisation du plateau. Inscription du plateau dans la Plateforme Analytique du MNHN.

Coordination avec les services de la gestion du bâtiment et de la sécurité.

Organigramme et répartition des tâches, animation du Comité de Pilotage scientifique de P2GM.

Coordination des choix de projets et de leur mise en œuvre scientifique et technique.

Demandes de financements équipements, nouveaux, maintenances, jouvences.

Management des ressources humaines.

Rédaction des bilans annuels budgétaires et scientifiques et des rapports d'expertise.

**2012-2015** **Conceptualisation, coordination et supervision de la mise en œuvre de la construction du plateau Paléogénomique et génétique moléculaire P2GM du MNHN (100%).**

700 m<sup>2</sup> de laboratoires et d'espaces techniques : 5 laboratoires, 1 salle blanche de paléogénomique, 6 espaces de stockages sensibles chimie et organique, 5 galeries techniques.

En l'absence d'un cabinet d'architecte spécialisé dans la construction de laboratoires moléculaires pour la rénovation du Musée de l'Homme, j'ai été mandaté par la direction du MNHN et l'UMR7206 pour réaliser, en coordination avec la Rénovation du Musée de l'Homme et de l'OPPIC :

Design (Vectoriel et AutoCAD) des plans des laboratoires, des réseaux électrique et internet, des réseaux d'alimentation en eaux de ville et osmosée, des évacuations. Validation des plans d'architecte et contrôle de l'OPPIC (Mr Baudu maître d'oeuvre).

Choix et tests des matériaux (paillasse, sols, blindages murs, portes, vitres, peintures), des équipements de sécurité microbiologiques (9 PSM, 3 Hottes à recirculations, 3 sorbonnes), des systèmes de contrôles environnementaux (circulations d'air et sur/dépressions, température, humidité, décontamination UV).

Supervision des travaux de constructions effectués par 7 entreprises de BTP ou spécialisées dans les équipements de laboratoires (Irian, Léon Grosse, Possémé, SDEL, ThermoFisher, UTB, Vulcain) et levées de réserves après travaux.

Coordination et assistance à la maîtrise d'œuvre pour les plateaux de préhistoire (UMR7194, dir. J-J Bahain), partagés avec P2GM au Musée de l'Homme.

#### **5.d. Autres implications dans les collectifs**

**2022-2023** (*National*) **Co-responsable de l'Atelier** « Migrations Humaines et Impacts sur l'Environnement non Humain » **aux Prospectives 2022 de l'INEE.**

**2022-prés.** (*Local*) **Membre du Groupe de Recherche sur l'Intégrité Scientifique du MNHN.**

**2020-prés.** (*National*) **Membre du groupe de travail PAOHCE (Ministère de la Culture)** sur la mise en place de protocoles de conservations, prélèvements et analyses sur l'os humain, co-dirigé par C Cribellier (sous-directeur Archéologie au Ministère de la Culture), C Billard (conservateur régional-adjoint SRA Normandie) et P Chambon (CNRS, UMR7206). Rapport publié en Mai 2022 : <https://www.vie-publique.fr/sites/default/files/rapport/pdf/285302.pdf>

**2020-prés.** (*National*) **Membre du CHP Labs.** Think-tank « Cadres à Haut Potentiel » du CNRS rattaché au Directoire. Rapport « La Médiation au CNRS » 2021.

**2015-prés.** (*National*) **Membre de la Plateforme Analytique du MNHN.**

**2015-prés.** (*National*) **Membre des commissions « Equipements »** (Petits, Lourd et mi-lourd) **du MNHN.**

#### **5.e. Jury de recrutements**

**2022** **Jury** de recrutement au poste (CDD) d'Ingénieur de Recherche en Calcul Scientifique et Intelligence Artificielle pour l'UMS2700 2AD du MNHN.

**2021** **Jury** de recrutement BTS Apprentissage Biotechnologies P2GM.

**2019** **Jury** d'évaluation des dossiers de candidature aux postes (CDD) d'Ingénieur de Recherche en Bio-informatique et en Génétique évolutive pour l'UMS2700 2AD du MNHN.

**2013** **Jury** de recrutement au poste de Maître de Conférence du MNHN en Muséologie.

## 6. Rayonnement

*Voir détails dans la liste complète des productions*

### 6.a. Responsabilités éditoriales

- 2018** Co-organisation d'un symposium (1 j) à la conférence internationale : Evolution-ESEB joint Meeting, Montpellier, France
- 2016** Co-organisation d'un symposium (1 j) à la conférence internationale : Molecular Anthropology in the Genomic Era, Paris, France
- 2013** Organisation d'un symposium (1/2 j) invité à la conférence internationale : 10th International Conference on Hunting and Gathering Societies (CHaGS), Liverpool (UK)
- 2009-prés.** Activités de relecteur (~5/an) pour les revues scientifiques à comité de lecture : *Am J Hum Gen* – *Am J Phys Anthro* – *Biol Let* – *BMC Gen* – *Curr Anthro* – *Curr Biol* – *Eur J Hum Gen* – *Genetics* – *Heredity* – *Hum Biol* – *Hum Mol Gen* – *Mol Biol Evol* – *Mol Ecol* – *Mol Ecol Res* – *Phil Trans B* – *PLoS Gen* – *Proc Roy Soc B* – *Sci Rep* – *Theor Pop Biol*.
- 2012-2018** Membre du bureau éditorial de la revue *Hunter Gatherer Research*, Liverpool Univ Press.

### 6.b. Communications orales invitées à des conférences internationales

- 2009-prés.** 16 communications invitées à des conférences internationales en génétique de l'évolution, en génétique humaine, en anthropologie biologique et culturelle, en linguistique computationnelle, et en archéologie.

### 6.c. Communications orales invitées à des séminaires de recherche internationaux

- 2009-prés.** 13 communications invitées à des séminaires internationaux de génétique de l'évolution et d'anthropologie génétique.  
*Institutions* : Université Libre de Bruxelles (Belgique) ; University of Manitoba (Canada) ; McGill University (Canada) ; Harvard-Broad Institute (EUA) ; University of Michigan (EUA) ; Stanford University (EUA) ; Washington State University (EUA) ; University of Porto (Portugal) ; Uppsala University (Suède) ; Université de Berne (Suisse).

### 6.d. Communications orales invitées à des séminaires de recherche nationaux

- 2009-prés.** 7 communications invitées à des séminaires nationaux de génétique de l'évolution, d'anthropologie génétique, et d'archéologie.  
*Institutions* : ESPE Aquitaine ; Université de Bordeaux, Archéologie ; ENS Ulm, EvolMol ; ENS Ulm, Labex EFL-HTL ; Université de Paris, URMIS ; Université de Paris, Institut Pasteur.

### 6.e. Articles scientifiques distingués

- 2** Articles sélectionnés par les éditeurs pour faire partie de numéros spéciaux.
- 2** Articles sélectionnés en « issue highlight » par les éditeurs.
- 6** Articles ayant fait l'objet d'articles de diffusion auprès du grand public dans la presse spécialisée nationale et internationale (Science News, Nature News, Science et Avenir, Science et Vie, La Recherche), dans la presse nationale non spécialisée (Le Figaro, Le Monde), ou de communiqués de presse institutionnels (CNRS, MNHN, Institut Pasteur et/ou University of Michigan)
- 10** Articles et Chapitres d'Ouvrages invités par les éditeurs, tous à comité de lecture.
- 1** Article sélectionné pour la première de couverture

### 6.f. Autre (National)

- 2017-2018** Cadre à Haut Potentiel du CNRS (*anc. Promotion Jeune Talents du CNRS*), Promotion "Pierre de Fermat". Rapport « Les Sciences Participatives au CNRS » 2019.

## 7. Enseignement, formation et diffusion de la culture scientifique

### 7.a. Enseignement académique

#### **2013-prés. 35h/an niveaux L2 à M2-ED, et formation permanente des enseignants du secondaire.**

- **MNHN (9h/an)** : Cours magistraux et TD en anthropologie et génétique des populations. Licence 2 *Anthropologie Biologique (3h/an)*, Master 1 *Tronc Commun (3h/an)*, Master 2 *EBE – DGAE (3h/an)*
- **Université de Paris (9h/an)** : Cours magistraux en anthropologie et génétique des populations. Licence 2 *Sciences Interdisciplinaires appliquées à la Santé (3h/an)*, Master 2 *Human Evolutionary Genetics (6h/an)*
- **Institut Pasteur (3h/an)** : Cours magistraux en anthropologie et génétique des populations. Cours Pasteur *School of Population Genomics and Genetic Epidemiology (3h/an)*
- **ENS Ulm (5h/an)** : Cours magistraux et TP en anthropologie et génétique des populations. Master 1 Module *Génétique Evolutive* (Introduction : **2h/an**, TP informatique **3h/an**)
- **AgroParisTech (6h/an)** : Cours magistraux en anthropologie et génétique des populations. Master 1 Module *Ce que nous apprennent les génomes (3h/an)*, Module *Polymorphisme des populations humaines et facteurs de prédisposition (3h/an)*
- **Formation Permanente des enseignants du secondaire en SVT**. MNHN-Académie de Créteil. Cours magistral sur Races et Génétique Humaine. Module *Penser, Trier, Classer, Normer. (3h/an)*.

**2015-2019** MNHN, ED227 *Mécanismes de l'Evolution (3h/an)*

**2013-2018** MNHN, Master EDTS module *Identités Culturelles (3h/an)*

**2013-2015** ENS Lyon, L3 Biosciences, *UE S6 Génétique des Populations (4h/an)*

### 7.b. Enseignement MOOC (format vidéo avec évaluations et diplômants)

1. **Henry Stuart Talk: Master 2. *Admixture in Human Populations (1,5h)***
2. **MNHN-Orange** : Licence 1. *L'Homme actuel - Diversité génétique et adaptations (15 min)*
3. **Institut Pasteur-Orange** : Licence 1. *La dérive génétique (10 min) - Les métissages génétiques (10 min)*

### 7.c. Diffusion - Muséologie

- 2022-prés** **Conseiller scientifique de l'exposition temporaire « Migrations »** au Musée de l'Homme (MNHN), ouverture prévue en janvier 2024.
- 2017-2018** **Conseiller scientifique de l'exposition temporaire « Nous et les autres : des préjugés aux racismes »** au Musée de l'Homme (MNHN). Responsable scientifique du segment « Génétique et Racisme ».
- 2015-prés.** **Conseiller scientifique de l'exposition permanente du Musée de l'Homme (MNHN).** Responsable scientifique du segment « L'Homme évolue-t-il toujours ».
- 2006-2007** **Responsable technique** du dispositif « ADN ancien » de l'exposition « Néandertal : Hypothèses d'une disparition » au Musée de l'Homme (MNHN).

### 7.d. Diffusion - Conférences, débats et ateliers auprès du grand public

#### **2016-prés. 27 conférences, débats et ateliers auprès du grand public sur les thèmes de :**

- Evolution et diversité génétique humaine (FRB ; Forum du CNRS ; Fêtes de la Science 2005-2006 ; Lycée Franco-Bolivien de La Paz et Lycée Technique de St Ouen ; Musée de La Chapelle aux Saints ; Un chercheur au balcon du Musée de l'Homme 2016-2017)
- Atelier extraction de l'ADN de banane (Fêtes de la Science 2007-2008, puis 2020-2022)
- Les origines et migrations d'*Homo sapiens* (L'Arbre de la Connaissance ; Association TRACES)
- Le racisme et la couleur de peau (Maison d'Arrêt de Bois d'Arcy ; Rencontres et conférences au Musée de l'Homme ; Conférence à la Société des Amis du Musée de l'Homme)
- Ciné-Débat : *Bienvenu à Gattaca* (Carte Blanche à un chercheur au Musée de l'Homme ; Conférences de l'exposition « Aux Frontières de l'Humain » au Musée de l'Homme)

- Les tests ADN commerciaux et l'Eugénisme (Université Populaire CM98 ; La Voix des Adoptés ; Les Conférences Agitées du MNHN)
- Le transhumanisme (Association des étudiants en Biologie de Bordeaux et La 42ème Dimension)
- Le métier de chercheur en Anthropologie Génétique (Les métiers du MNHN ; Lycée Franco-Bolivien de La Paz)

**2019**      **Jury de la demi-finale nationale de Ma Thèse en 180 secondes** (56 candidats)

### **7.e. Diffusion - Articles grand public et interventions presse écrite, radio, télévision, web**

**2015-prés.**

- **40 interviews dans la presse écrite spécialisée** (Science et Vie, Science et Vie Junior, Science et Avenir, La Recherche) **et généraliste** (Le Monde, Libération, Le Figaro, Le Point, Le Parisien, Ouest France, France-Info web, Capital, Télérama, Philosophie Magazine, Heidi.news, Marianne).  
*Sujets* : Evolution génétique humaine, Racisme et Génétique, les tests ADN médicaux et commerciaux, commentaires sur des articles scientifiques en génétique humaine...
- **6 interventions radio** (France Culture *La Matinale*, *La Méthode Scientifique*, *Le Journal des Sciences* ; France Inter *Le Téléphone Sonne* ; RFI *Autour de la Question*) sur ces mêmes thématiques
- **8 interventions télévision** (Arté *Tu mourras moins bête* ; Arté-Vortex *Live Dirty Biology (3,5h)* ; M6 *E=M6 junior* ; France 5 *C pas Sorcier*, *le Magazine de la Santé* ; TF1 – journal télévisé 20h ; BFM TV, LCI) sur ces mêmes thématiques

**2015**      **10 articles dans le projet web du Musée de l'Homme** : [www.lhommeenquestions.fr](http://www.lhommeenquestions.fr)

Ségurel L and **Verdu P** (2015). "Peut-on voir nos différences génétiques ?" in *Une Belle Histoire de l'Homme*, Ed. Evelyne Heyer ; Flammarion–MNHN, p. 24–26

## **8. Transfert technologique et valorisation**

- 2021**    **Logiciel sous licence GNU General Public License v3.0:**  
***MetHis* : Complex genetic admixture histories reconstructed with Approximate Bayesian Computation**  
Open Source available at <https://github.com/romain-laurent/MetHis>  
*Fortes-Lima C\**, *Laurent R\**, *Thouzeau V*, *Toupance, B* and *Verdu P*. 2021. *Molecular Ecology Resources* 21 (4), 1098-1117.
- 2015–prés.**    **9 rapports d'expertise** en génétique moléculaire et analyse de génétique des populations produits par P2GM, supervisés scientifiquement et co-rédigés par P Verdu, pour :
- 3 entreprises de droit privé dans le domaine de la conservation de la biodiversité (Chimpanzés en Afrique de l'Ouest x4 rapports), ou de la biologie médicale et cosmétique (Algues en Bretagne x1)
  - la famille Royale et le Gouvernement de la République de Madagascar dans le cadre d'une demande de restitution de restes humains (x3)
  - Le Tribunal de Grande Instance de Reims dans le cadre d'une enquête criminelle.

## Liste complète des productions et valorisations scientifiques

Paul Verdu

<b>1. ARTICLES ORIGINAUX DANS DES JOURNAUX A COMITE DE LECTURE.....</b>	<b>16</b>
<b>2. ARTICLES DE REVUES DANS DES JOURNAUX A COMITE DE LECTURE.....</b>	<b>19</b>
<b>3. CHAPITRES D’OUVRAGES A COMITE DE LECTURE.....</b>	<b>20</b>
<b>4. OUVRAGES DISPONIBLES EVALUES PAR DES COMITES DE LECTURE .....</b>	<b>20</b>
<b>5. COMMUNICATIONS ORALES INVITEES .....</b>	<b>21</b>
5.a. Communications orales invitées à des congrès internationaux .....	21
5.b. Communications orales invitées à des séminaires de recherche .....	22
<b>6. RAPPORTS D’EXPERTISE ET LOGICIEL .....</b>	<b>24</b>

## 1. Articles originaux dans des journaux à comité de lecture

\* contribution ou supervision égale des auteurs

Les étudiants encadrés ou co-encadrés (voir Curriculum Vitae section 7.) sont soulignés

(30- article non comptabilisé dans les synthèses du Curriculum Vitae).

Laurent R, Szpiech ZA, da Costa SS, **Thouzeau V**, **Fortes-Lima CA**, Dessarps-Freichy F, Lemée L, Utgé J, Rosenberg NA, Baptista M, and **Verdu P**. 2022.

*Complex sociocultural dynamics during the Trans-Atlantic Slave Trade influenced the genetic and linguistic admixture histories of Cabo Verde.*

**eLife** under Review. Reviewed preprint (see comments edited by eLife) under the previous title “*The admixture histories of Cabo Verde*”: bioRxiv, <https://doi.org/10.1101/2022.04.11.487833>

29. **Thouzeau V**, Affholder A, Menecier P, **Verdu P**, and Austerlitz F. 2022.

*Inferring linguistic transmission between generations at the scale of individuals*

**Journal of Language Computation** *in Press*. Preprint: bioRxiv, <https://doi.org/10.1101/441246>

28. Choin J, Mendoza-Revilla J, Arauna LR, Cuadros-Espinoza S, Cassar O, Larena M, Min-Shan Ko A, Harmant C, Laurent R, **Verdu P**, Laval G, Boland A, Olaso R, Deleuze JF, Valentin F, Ko YC, Jakobsson M, Gessain A, Excoffier L, Stoneking M, Patin E, Quintana-Murci Ll. 2021.

*Genomic insights into population history and biological adaptation in Oceania*

**Nature** 592 (7855), 583-589. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03236-5>

> Communiqués de Presse CNRS et Institut Pasteur

27. **Fortes-Lima C\***, Laurent R\*, **Thouzeau V**, Toupance, B and **Verdu P**. 2021.

*Complex genetic admixture histories reconstructed with Approximate Bayesian Computation*

**Molecular Ecology Resources** 21 (4), 1098-1117. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13325>

> Editor's choice for Mol Ecol Res special issue "Machine Learning in Molecular Ecology"

26. Lopez M, Choin J, Sikora M, Siddle K, Harmant C, Costa HA, Silvert M, Mouguiama-Daouda P, Hombert JM, Froment A, Le Bomin S, Perry GH, Barreiro LB, Bustamante CD, **Verdu P**, Patin E and Quintana-Murci Ll. 2019.

*Genomic Evidence for Local Adaptation of Hunter-Gatherers to the African Rainforest*

**Current Biology** Vol 29 Issue 17, pp.2926-2935. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.07.013>

25. Pemberton TJ\*, **Verdu P\***, **Becker NS**, Willer CJ, Hewlett BS, Le Bomin S, Froment A, Rosenberg NA, and Heyer E. 2018.

*A genome scan for genes underlying adult body size differences between Central African hunter-gatherers and farmers*

**Human Genetics** 137 (6-7), 487-509. <https://doi.org/10.1007/s00439-018-1902-3>

24. **Fortes-Lima C**, Bybjerg-Grauholm J, Marin-Padrón LC, Gomez-Cabezas EJ, Bækvad-Hansen M, Sørholm Hansen M, Le P, Hougaard DM, **Verdu P**, Mors O, Parra EJ, and Marcheco-Teruel B. 2018.

*Exploring Cuba's population structure and demographic history using genome-wide data*

**Scientific Reports** 8 (1), 11422. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-29851-3>

23. Lopez M\*, Kousathanas A\*, Quach H, Harmant C, Mouguiama-Daouda P, Hombert J-M, Froment A, Perry G.H., Barreiro L.B., **Verdu P**, Patin E and Quintana-Murci LL. 2018.

*The demographic history and mutational load of African hunter-gatherers and farmers*

**Nature Ecology & Evolution** 2 (4), 721. <https://doi.org/10.1038/s41559-018-0496-4>

22. Buzbas EO and **Verdu P**. 2018.

*Inference on admixture fractions in a mechanistic model of recurrent admixture*

- Theoretical Population Biology** 122, 149-157. <https://doi.org/10.1016/j.tpb.2018.03.006>  
> Editor's choice for TPB special issue on Paul Joyce
21. Estoup A, Raynal L, **Verdu P**, and Marin JM. 2018.  
*Model choice using Approximate Bayesian Computation and Random Forests: analyses based on model grouping to make inferences about the genetic history of Pygmy human populations*  
**Journal de la Société Française de Statistique** 159 (3), 167-190.  
[http://www.numdam.org/item/JSFS\\_2018\\_159\\_3\\_167\\_0.pdf](http://www.numdam.org/item/JSFS_2018_159_3_167_0.pdf)
20. **Thouzeau V**, Menecier P, **Verdu P\*** and Austerlitz F\*. 2017.  
*Genetic and linguistic histories in Central Asia inferred using Approximate Bayesian computations*  
**Proceedings of the Royal Society B** 284 (1861), 20170706. <https://doi.org/10.1098/rspb.2017.0706>
19. **Verdu P\***, Jewett EM\*, Pemberton TJ, Rosenberg NA, and Baptista M. 2017.  
*Parallel Trajectories of Genetic and Linguistic Admixture in a Genetically Admixed Creole Population*  
**Current Biology** Vol 27, Issue 16, pp. 2529–2535. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2017.07.002>  
> Encart Numéro Spécial Science et Vie  
> Communiqués de Presse MNHN et University of Michigan
18. Patin E\*, Lopez M, Grollemund R, **Verdu P**, Harmant C, Quach H, Laval G, Perry GH, Barreiro LB, Froment A, Heyer E, Massougbdji A, Fortes-Lima C, Migot-Nabias F, Bellis G, Dugoujon J-M, Pereira JB, Fernandes V, Pereira L, Van der Veen L, Mougouma-Daouda P, Bustamante CD, Hombert JM, and Quintana-Murci LI\*. 2017.  
*Dispersals and genetic adaptation of Bantu-speaking populations in Africa and North America*  
**Science** 356 (6337), 543–546. <https://doi.org/10.1126/science.aal1988>  
> Communiqués de Presse CNRS et Institut Pasteur
17. **Verdu P** and Bahuchet S. 2015.  
*Comments on "Middle to Late Holocene Paleoclimatic Change and the Early Bantu Expansion in the Rain Forests of Western Central Africa" by K Bostoen, et al.*  
**Current Anthropology** 56 (3), 354–384. <https://doi.org/10.1086/681436>  
> Editor's invitation
16. **Goldberg A**, **Verdu P**, and Rosenberg NA. 2014.  
*Autosomal admixture levels are informative about sex bias in admixed populations*  
**Genetics** 198 (3), 1209–1229. <https://doi.org/10.1534/genetics.114.166793>
15. **Verdu P**, Pemberton TJ, Laurent R, Kemp BM, Gonzalez-Oliver A, Gorodezky C, Hughes CE, Shattuck MR, Petzelt B, Mitchell J, Harry H, William T, Worl R, Cybulski JS, Rosenberg NA, and Malhi RS. 2014.  
*Patterns of admixture and population structure in native populations of northwest North America*  
**Plos Genetics** 10(8):e1004530. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004530>
14. Patin E, Siddle KJ, Laval G, Quach H, Harmant C, **Becker NS**, Froment A, Régnault B, Lemée L, Gravel S, Hombert JM, Van der Veen L, Dominy NJ, Perry GH, Barreiro LB, **Verdu P**, Heyer E, and Quintana-Murci L. 2014.  
*The impact of agricultural emergence on the genetic history of African rainforest hunter-gatherers and agriculturalists*  
**Nature Communications** 5:3163. <https://doi.org/10.1038/ncomms4163>
13. Aimé C, **Verdu P**, Ségurel L, Martinez-Cruz B, Hegay T, Heyer E, and Austerlitz F. 2014.  
*Microsatellite data show recent demographic expansions in sedentary but not in nomadic human populations in Africa and Eurasia*  
**European Journal of Human Genetics** 22 (10), 1201-1207. <https://doi.org/10.1038/ejhg.2014.2>

12. Aimé C, Laval G, Patin E, **Verdu P**, Ségurel L, Chaix R, Hegay T, Quintana-Murci L, Heyer E, and Austerlitz F. **2013**.  
*Human genetic data reveal contrasting demographic patterns between sedentary and nomadic populations that predate the emergence of farming*  
**Molecular Biology and Evolution** 30(12):2629-44. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst156>
11. **Verdu P**, **Becker NS**, Froment A, Georges M, **Grugni V**, Quintana-Murci L, Hombert JM, Van der Veen L, Le Bomin S, Bahuchet S, Heyer E, and Austerlitz F. **2013**.  
*Sociocultural behavior, sex-biased admixture, and effective population sizes in Central African Pygmies and non-Pygmies*  
**Molecular Biology and Evolution** 30(4):918-937. <https://doi.org/10.1093/molbev/mss328>
10. **Becker NS**, **Verdu P**, Georges M, Duquesnoy P, Froment A, Amselem S, Le Bouc Y, and Heyer E. **2013**.  
*The role of GHR and IGF1 genes in the genetic determination of African pygmies' short stature*  
**European Journal of Human Genetics** 21(6):653-658. <https://doi.org/10.1038/ejhg.2012.223>
9. **Verdu P** and Destro-Bisol G. **2012**.  
*African Pygmies, what's behind a name ?*  
**Human Biology** 84(1):1-10. <https://doi.org/10.3378/027.084.0105>  
> Editor's invitation
8. **Verdu P** and Rosenberg NA. **2011**.  
*A general mechanistic model for admixture histories of hybrid populations*  
**Genetics** 189(4):1413-1426. <https://doi.org/10.1534/genetics.111.132787>  
> Editor's choice for the Decembre 2011 journal-issue highlights
7. **Becker NS\***, **Verdu P\***, Froment A, Le Bomin S, Pagezy H, Bahuchet S, and Heyer E. **2011**.  
*Indirect evidence for the genetic determination of short stature in African Pygmies*  
**American Journal of Physical Anthropology** 145(3):390-401. <https://doi.org/10.1002/ajpa.21512>  
> Communiqués de Presse MNHN
6. **Verdu P**, Leblois R, Froment A, They S, Bahuchet S, Rousset F, Heyer E, and Vitalis R. **2010**.  
*Limited dispersal in mobile hunter-gatherer Baka Pygmies*  
**Biology Letters** 6(6):858-861. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2010.0192>
5. **Becker NS\***, **Verdu P\***, Hewlett B\*, and Pavard S\*. **2010**.  
*Can life history trade-offs explain the evolution of short stature in human pygmies ? A response to Migliano et al. (2007)*  
**Human Biology** 82(1):17-27. <https://doi.org/10.3378/027.082.0101>
4. **Verdu P**, Austerlitz F, Estoup A, Vitalis R, Georges M, They S, Froment A, Le Bomin S, Gessain A, Hombert JM, Van der Veen L, Quintana-Murci L, Bahuchet S, and Heyer E. **2009**.  
*Origins and genetic diversity of pygmy hunter-gatherers from Western Central Africa*  
**Current Biology** 19(4):312-318. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2008.12.049>  
> Nature News  
> Science News  
> Le Figaro  
> Communiqués de Presse CNRS et MNHN
3. Quintana-Murci L, Quach H, Harmant C, Luca F, Massonnet B, Patin E, Sica L, Mougouma-Daouda P, Comas D, Tzur S, Balanovsky O, Kidd KK, Kidd JR, van der Veen L, Hombert JM, Gessain A, **Verdu P**, Froment A, Bahuchet S, Heyer E, Dausset J, Salas A, and Behar DM. **2008**.  
*Maternal traces of deep common ancestry and asymmetric gene flow between Pygmy hunter-gatherers and Bantu-speaking farmers*

**Proceedings of the National Academy of Sciences** 105(5):1596-1601.

<https://doi.org/10.1073/pnas.071146710>

> Le Monde

2. **Verdu P\***, Barreiro LB\*, Patin E, Gessain A, Cassar O, Kidd JR, Kidd KK, Behar DM, Froment A, Heyer E, Sica L, Casanova JL, Abel L, and Quintana-Murci L. **2006**.

*Evolutionary insights into the high worldwide prevalence of MBL2 deficiency alleles*

**Human Molecular Genetics** 15(17):2650-2658. <https://doi.org/10.1093/hmg/ddl193>

> Editor's choice for journal-issue cover image

1. Kim JJ, **Verdu P**, Pakstis AJ, Speed WC, Kidd JR, and Kidd KK. **2005**.

*Use of autosomal loci for clustering individuals and populations of East Asian origin*

**Human Genetics** 117(6):511-519. <https://doi.org/10.1007/s00439-005-1334-8>

### **Non comptabilisés dans les synthèses du Curriculum Vitae**

#### **“En préparation très avancée” - Décembre 2022**

- **Breton G**, Sjödin P, Zervakis PI, Laurent R, Froment A, Sjöstrand A, Hewlett BS, Barreiro LB, Perry GH, Soodyall H, Heyer E, Schlebusch CM, Jakobsson M\*, and **Verdu P\***.

*Deciphering early human history using Approximate Bayesian Computation and 74 whole genomes from Central and Southern Africa.*

<https://www.diva-portal.org/smash/record.jsf?pid=diva2%3A1455514&dswid=-8100>

- **Thouzeau V**, Tiret M, da Costa SS, Laurent R, **Fortes-Lima C**, Dessarps-Freichy F, Lémée L, Utgé J, Rosenberg NA, Baptista M, Austerlitz F and **Verdu P**.

*Joint inference of the genetic and linguistic histories of Kirolo speakers from Cabo Verde.*

## **2. Articles de revues dans des journaux à comité de lecture**

5. **Fortes-Lima C** and **Verdu P**. **2020**.

*Anthropological Genetics perspectives on the Transatlantic Slave Trade*

**Human Molecular Genetics** 30 (R1), R79–R87. <https://doi.org/10.1093/hmg/ddaa271>

> Editor's invitation

4. George H Perry and **Verdu P**. **2017**.

*Genomic perspectives on the history and evolutionary ecology of tropical rainforest occupation by humans*

**Quaternary International** 448, 150-157. <https://doi.org/10.1016/j.quaint.2016.04.038>

> Editor's invitation

3. **Verdu P**. **2016**.

*African Pygmies*

**Current Biology** 26(1):R12-4. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2016.01.035>

> Editor's invitation

2. **Verdu P** and Austerlitz F. **2015**.

*Post marital residence behaviours shape genetic variation in hunter–gatherer and agricultural populations from Central Africa*

**Hunter Gatherer Research** 1 (1), 107–124. <https://doi.org/10.3828/hgr.2015.6>

> Editor's invitation

1. **Verdu P**. **2013**.

*Perspectives de la génétique humaine sur l'origine et la diversité des populations pygmées d'Afrique centrale.*

**Journal des Africanistes** Tome 82 - Fascicule 1-2 pp. 53-72. <https://doi.org/10.4000/africanistes.4269>

### 3. Chapitres d'ouvrages à comité de lecture

#### 5. Verdu P. 2019.

*Do You Consent to Participate in the Research Study?*

**in *The Secret Lives of Anthropologists: Lessons from the field.***

Ed. Bonnie L. Hewlett

**Routledge Taylor and Francis.** pp.279-298. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02410302>

ISBN: 978-1-138-50185-0 (hbk)

> Editor's invitation

#### 4. Verdu P. 2019.

*Pourquoi la génétique des populations ne dit-elle rien sur l'autochtonie des populations Pygmées d'Afrique Centrale ?*

**in *Quel devenir pour les pygmées à l'orée du XXIe siècle ?***

Ed. Kulesza P and Robillard M,

**Editions L'Harmattan.** pp. 109-117. <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02410312/>

ISBN : 978-2-343-16559-2

> Editor's invitation

#### 3. Estoup A, Verdu P, Marin J-M, Robert C, Dehne-Garcia A, Cornuet J-M, and Pudlo P. 2018.

*Application of ABC to infer the genetic history of Pygmy hunter-gatherer populations from Western Central Africa*

**in *Handbook of Approximate Bayesian Computation.***

Ed. Mark Beaumont

**Chapman and Hall/CRC.** pp. 541-567. <https://hal.inrae.fr/hal-02787321>

ISBN: 978-0-367-73372-8

#### 2. Verdu P. 2015.

*Sociocultural behaviors and human genetic diversity*

**in *International Encyclopedia of Anthropology.***

**Wiley Publishing Group** (Cambridge, UK). pp. 1-8.

<https://doi.org/10.1002/9781118924396.wbiea1891>

> Editor's invitation

#### 1. Verdu P. 2014.

*Population Genetics of Central African Pygmies and non-Pygmies*

**in *Hunter-Gatherers of the Congo Basin: Culture, History and Biology of African Pygmies.***

Ed. Barry S. Hewlett,

**Transaction Publishers**, New Brunswick (New Jersey, USA). pp. 31-58.

eBook ISBN: 978-0-203-78943-8.

<https://www.taylorfrancis.com/chapters/edit/10.4324/9780203789438-2/population-genetics-central-african-pygmies-non-pygmies-1-paul-verdu>

> Editor's invitation

### 4. Ouvrages disponibles évalués par des comités de lecture

**Ces deux ouvrages ne sont pas comptabilisés dans les synthèses du Curriculum Vitae**

#### 1. Verdu P. 2022.

*Histories of Admixture – Histoires de Métissages*

Thèse d'Habilitation à Diriger les Recherches en Anthropologie et Génétique des Populations  
MNHN

<https://hal.archives-ouvertes.fr/tel-03817698/>

**1. Verdu P. 2009.**

*Anthropologie génétique des populations d'Afrique centrale: histoire du peuplement Pygmée*

Thèse de Doctorat en Anthropologie Biologique et Génétique des Populations Humaines

Université Pierre et Marie Curie et MNHN

<https://scanr.enseignementsup-recherche.gouv.fr/publication/these2009MNHN0002>

## 5. Communications orales invitées

### 5.a. Communications orales invitées à des congrès internationaux

**16. Genetic Admixture: Inference and Evolutionary Consequences, Mai 2022**

Collège de France, Paris

*On the African shores of the Atlantic Slave Trade: The complex admixture histories of Cabo Verde reconstructed with Approximate Bayesian Computation*

**15. Qu'est-ce qu'être nomade au fil des temps passés, présents et futur ?, Nov. 2021**

(<https://nomads.sciencesconf.org/>)

MNHN, Paris

*Influence des mobilités humaines sur l'évolution génétique des populations de chasseurs cueilleurs d'Afrique Centrale*

**14. The Molecular Anthropology of Language: Results and Prospects Symposium, Sept 2021**

University of Zurich, Switzerland

*Joint inference of the genetic and linguistic histories of Kirolu speakers from Cabo Verde.*

Invited with Thouzeau V.

**13. International Conference of the Society of Africanist Archaeologists, Sept 2021**

Oxford, UK

*Anthropological Genetics Perspectives on the Peopling of Central Africa*

**12. Learning complex histories from genetic data, Avril 2021**

McGill University – Montréal, Canada

*MetHis: Reconstructing complex admixture histories with Approximate Bayesian Computation*

**11. International conference: “Africa, the cradle of human diversity”, Mai 2019**

Uppsala University – Uppsala, Suède

*From macro to micro linguistic and genetic evolution on the African shores of the transatlantic slave trade: A population linguistics and genetics history of Cape Verde.*

**10. Young Researchers in Life Science (YRLS), Mai 2019**

Institut Imagine – Paris, France

*When AI and Big Data Meet Life Sciences. Advances in research and ethical questions.*

**9. Rencontres Recherche et Création – Traversée des Mondes – Juillet 2019,**

Festival d'Avignon – ANR – Avignon, France

*Catégoriser l'autre ? Un point de vue génétique sur l'histoire du peuplement humain.*

**8. 1862<sup>èmes</sup> Journées de la Société d'Anthropologie de Paris:**

Paris, France, janvier **2017**. *Histoires parallèles des métissages génétiques et linguistiques au Cap Vert.*

Authors : **Verdu P**, Jewett EM, Pemberton TJ, Rosenberg NA and Baptista M

**7. SMBE annual conference,**

Puerto Rico juin **2014**.

*Parallel Trajectories of Genetic and Linguistic Admixture in Cape Verdean Kriolu Speakers.*

**6. 10<sup>th</sup> International Conference on Hunting and Gathering Societies (CHaGS).**

Liverpool (UK) juin **2013**.

*Post marital residence behaviours shape genetic variation in hunter-gatherer and agricultural populations from Central Africa.*

**5. Conférence Internationale La forêt d'Afrique centrale: Biodiversité, Présente et Passée. Quels enjeux pour le futur?**

ANR-IRD, Yaoundé, Cameroun, octobre **2013**.

*Genetic origin, fragmentation and isolation among forest hunter and gatherer Pygmy populations from Western Central Africa.*

**4. International Conference on the impact of a major environmental crisis on species, populations and communities: the fragmentation of African forests at the end of the Holocene.**

Académie des Sciences, Paris, France, mars **2012**.

*Genetic origin, fragmentation and isolation among forest hunter and gatherer Pygmy populations from Western Central Africa.*

**3. International Conference on African Pygmies : Origins Biology and Culture,**

The Instituto de Antropologia, University La Sapienza, Rome, Italie, mai **2010**.

*Anthropological Genetics in Pygmy and Non-Pygmy populations from Central Africa.*

**2. The Mellon-Sawyer Foundation Conference:**

Center for African and Afro-American Studies, Ann Arbor MI USA, décembre **2010**.

*The binary categorization of Central African populations: Pygmies and Non-Pygmies*

**1. International Conference for the 150 years of the Société d'Anthropologie de Paris,**

Paris France, janvier **2009**.

*Origins and Genetic Diversity in Pygmy Hunter-Gatherer Populations from Central Africa*

**5.b. Communications orales invitées à des séminaires de recherche**

**20. PAOHCE Protocoles de prélèvements et d'Analyses sur l'Os Humain ainsi que sur la Conservation des Echantillons, Ministère de la Culture - Université Aix-Marseille**

Marseille, Juin **2022**

*Histoire du statut des données en génétique moderne*

**19. Seminars of the “Chaire MMB”, Ecole Polytechnique**

Saclay, France, avril **2022**.

*Reconstructing complex admixture histories using genetic data*

- 18. “Human Evolution” CIBIO-InBIO, Universidade do Porto,**  
Porto, Portugal, mars **2021.**  
*Complex genetic admixture histories reconstructed with Approximate Bayesian Computations*
- 17. “Human Evolutionary History” Senior Researchers’ Seminar, Uppsala University**  
Uppsala, Suède, mars **2021.**  
*Complex genetic admixture histories reconstructed with Approximate Bayesian Computations*
- 16. “Evolutionary Biology and Ecology” Senior Researchers’ Seminar, Université Libre de Bruxelles**  
Bruxelles, Belgique février **2021.**  
*Complex genetic admixture histories reconstructed with Approximate Bayesian Computations*
- 15. Rosenberg Lab Senior Researchers’ Seminar, Stanford University,**  
Stanford, Californie, EUA, février **2021.**  
*Complex genetic admixture histories reconstructed with Approximate Bayesian Computations*
- 14. Séminaire de l’Equipe Génétique Évolutive Humaine, UMR2000, Institut Pasteur,**  
Paris, France, novembre **2019.**  
*Complex genetic admixture histories reconstructed with Approximate Bayesian Computations*
- 13. Séminaire invité : « Migrations, Ethnicité, Santé », URMIS – Université de Paris,**  
Paris, France, février **2019.**  
*Facteurs socioculturels influençant la diversité génétique humaine en Afrique Centrale.*
- 12. « Population genetics and Bioinformatics », Population Genetics Division (Dir. Laurent Excoffier) - Universität Bern,**  
Berne, Suisse, décembre **2018.**  
*Parallel studies of genetic and linguistic diversities: reconstructing the biological and cultural histories of human populations.*
- 11. « Séminaire de recherche HTL » (Histoire des Théories Linguistiques), Labex EFL 2017-2019 – Université de Paris,**  
Paris, France, novembre **2018.**  
*Parallel studies of genetic and linguistic diversities: reconstructing the biological and cultural histories of human populations.*
- 10. « Les Jeudis de l’archéologie à l’ENS » - Méthodes et recherches actuelles ENS Ulm - AOrüc - UMR8546,**  
Paris, France, octobre **2018.**  
*Inférences historiques en génétique des populations humaines.*
- 9. “Human Evolution” CIBIO-InBIO, Universidade do Porto, Porto,**  
Porto, Portugal, février **2018.**  
*Parallel studies of genetic and linguistic diversities: reconstructing the biological and cultural histories of human populations.*
- 8. The Evolutionary Biology Centre Department Seminar: Uppsala Universitet,**  
Uppsala, Suède, octobre **2017.**  
*Parallel studies of genetic and linguistic diversities: reconstructing the biological and cultural histories of human populations*
- 7. Journée Thématique de l’ESPE Aquitaine: Interdisciplinarité Biologie-Linguistique, Université de Bordeaux,**  
Bordeaux, France, mars **2017.**

*Parallel studies of genetic and linguistic diversities: reconstructing the biological and cultural histories of human populations.*

**6. Human Genetics Special Seminar Series : University of Manitoba,**  
Canada, février 2017.

*Parallel trajectories of genetic and linguistic admixture histories in Cape Verde.*

**5. The EBC graduate school seminar series: Uppsala Universitet,**  
Uppsala, Suède, février 2014.

*The peopling and evolutionary history of Central African Pygmy and non-Pygmy populations from an anthropological genetics perspective.*

**4. Séminaire EvolMol de l'ENS Ulm,**  
Paris, France, octobre 2012.

*Genetic differentiation of Central African Pygmies and Non-Pygmy neighbors and the determination of adult height*

**3. Invited Lecture at the Washington State University: Anthropology Department,**  
Vancouver, Washington, EUA, juillet 2012.

*Anthropological Genetics of Central African Populations: Origins and Genetic Diversity of the “Pygmies”.*

**2. Human Genetics Department Senior Researchers' Seminar of the University of Michigan,**  
Ann Arbor MI EUA, Février 2009.

*Origins and Genetic Diversity in Pygmy Hunter-Gatherer Populations from Central Africa,*

**1. Joint Harvard Medical School and Broad Institute at MIT Senior Researchers' Seminar,**  
Cambridge, Massachusetts, EUA, Avril 2009.

*Origins and Genetic Diversity in Pygmy Hunter-Gatherer Populations from Central Africa,*

## 6. Rapports d'expertise et Logiciel

**2021 Logiciel sous licence GNU General Public License v3.0:**

***MetHis : Complex genetic admixture histories reconstructed with Approximate Bayesian Computation***

Open Source available at <https://github.com/romain-laurent/MetHis>

*Fortes-Lima C\*, Laurent R\*, Thouzeau V, Toupance, B and Verdu P. 2021. Molecular Ecology Resources 21 (4), 1098-1117.*

**2015–prés. 9 rapports d'expertise** en génétique moléculaire et analyse de génétique des populations produits par P2GM, supervisés scientifiquement et co-rédigés par P Verdu, pour :

- 3 entreprises de droit privé dans le domaine de la conservation de la biodiversité (Chimpanzés en Afrique de l'Ouest x4 rapports), ou de la biologie médicale et cosmétique (Algues en Bretagne x1)
- la famille Royale et le Gouvernement de la République de Madagascar dans le cadre d'une demande de restitution de restes humains (x3)
- Le Tribunal de Grande Instance de Reims dans le cadre d'une enquête criminelle.