



Comment identifier la part de l'introggression qui est due à la sélection ?

Ecole Doctorale GAIA : EERGP - Écologie, Evolution, Ressources Génétique, Paléobiologie

Doctorant : ROMIEU Jules

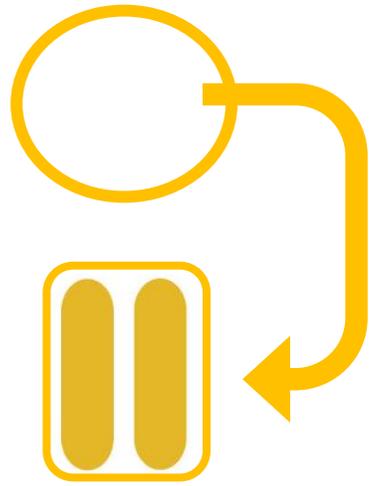
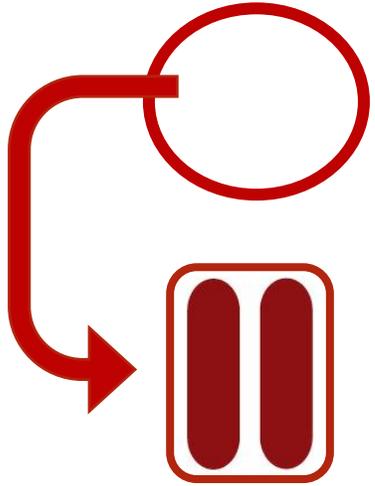
Encadrants : LEBLOIS Raphaël, ROUSSET François, DE NAVASCUES Miguel, CROCHET Pierre-André

10 Mai 2022

Introgression :

Espèce donneuse

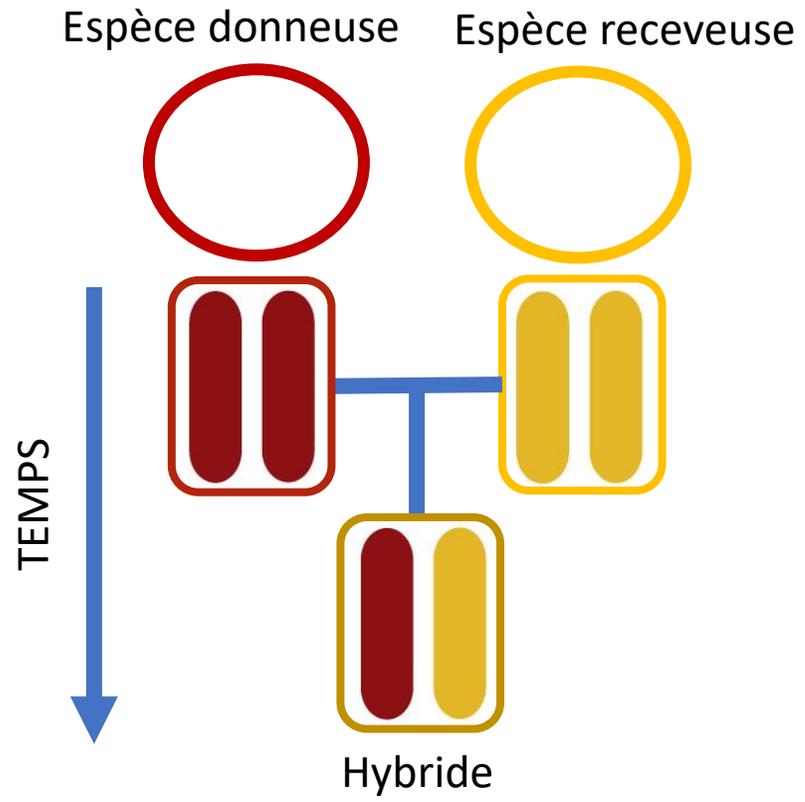
Espèce receveuse



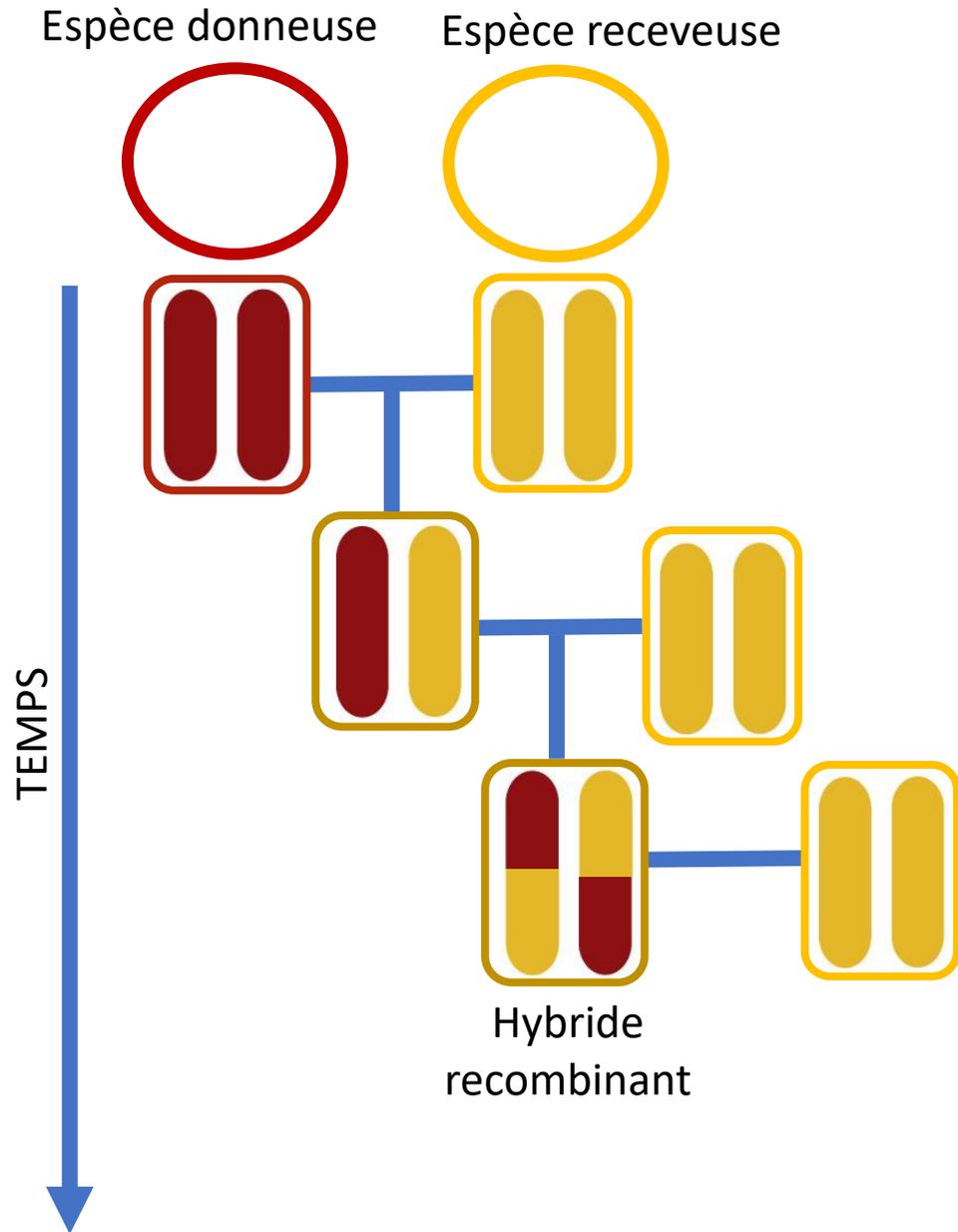
Individu

Individu

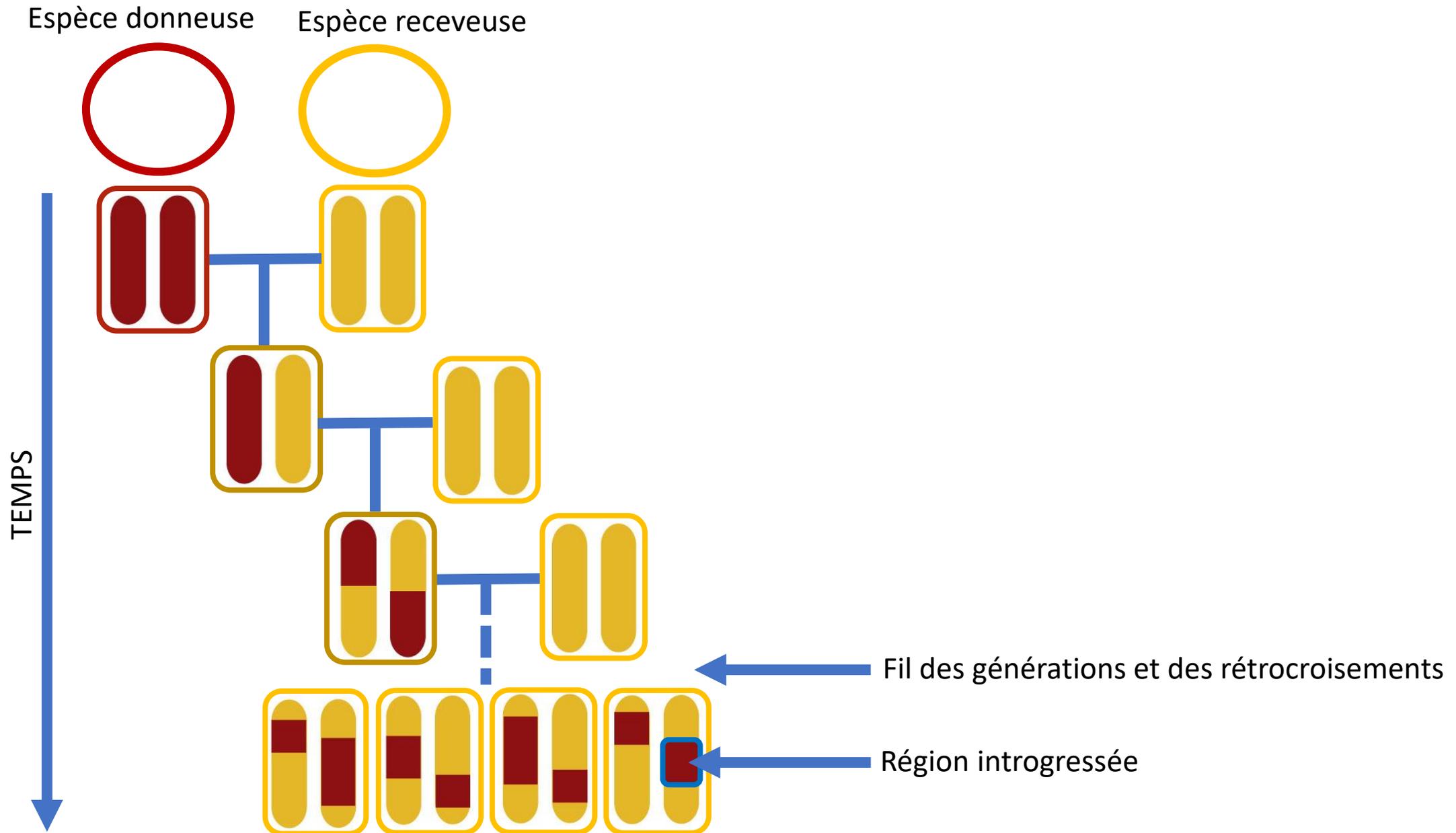
Introgression :



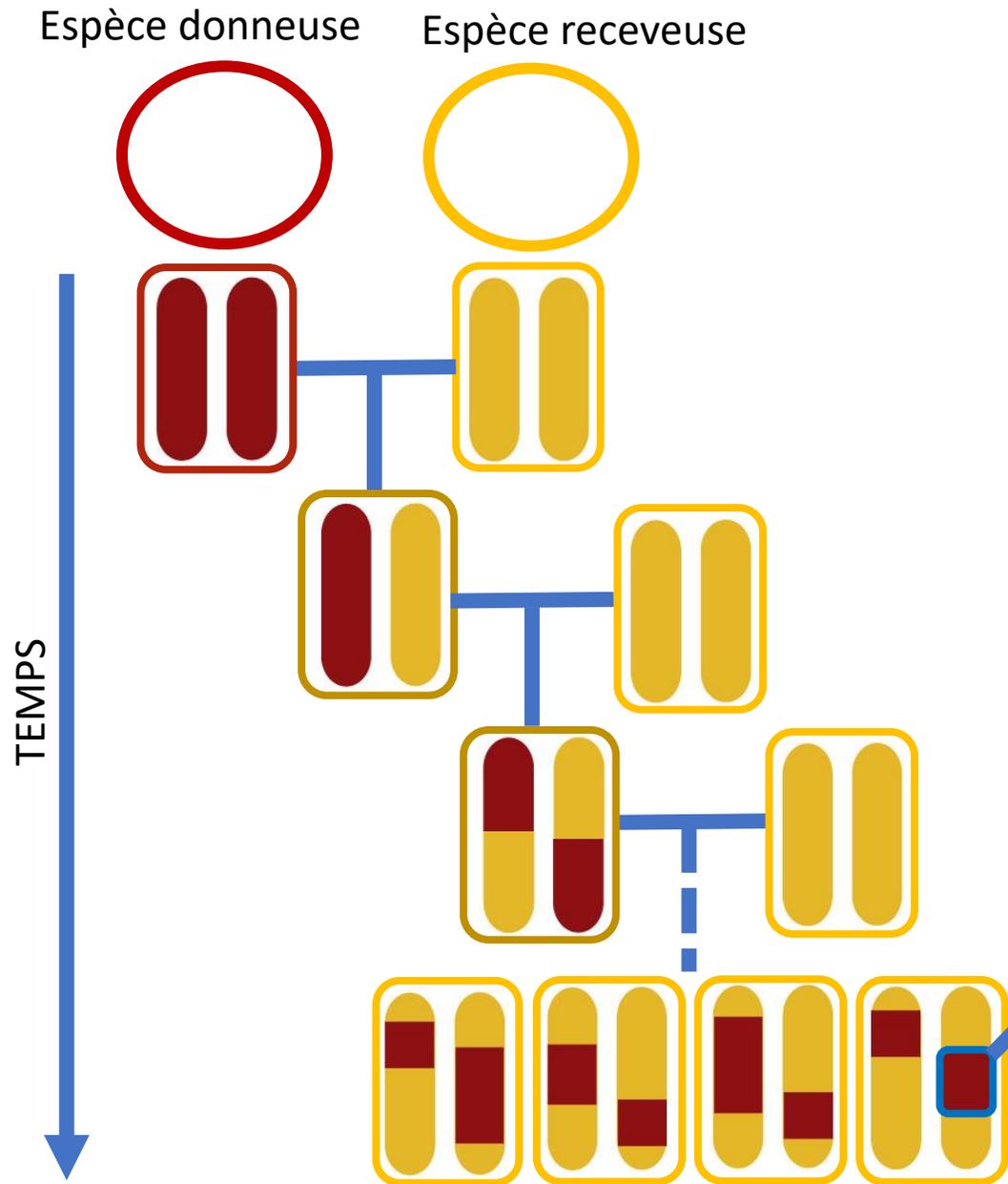
Introgression :



Introgression :



Introgression :



Introgression (I) :

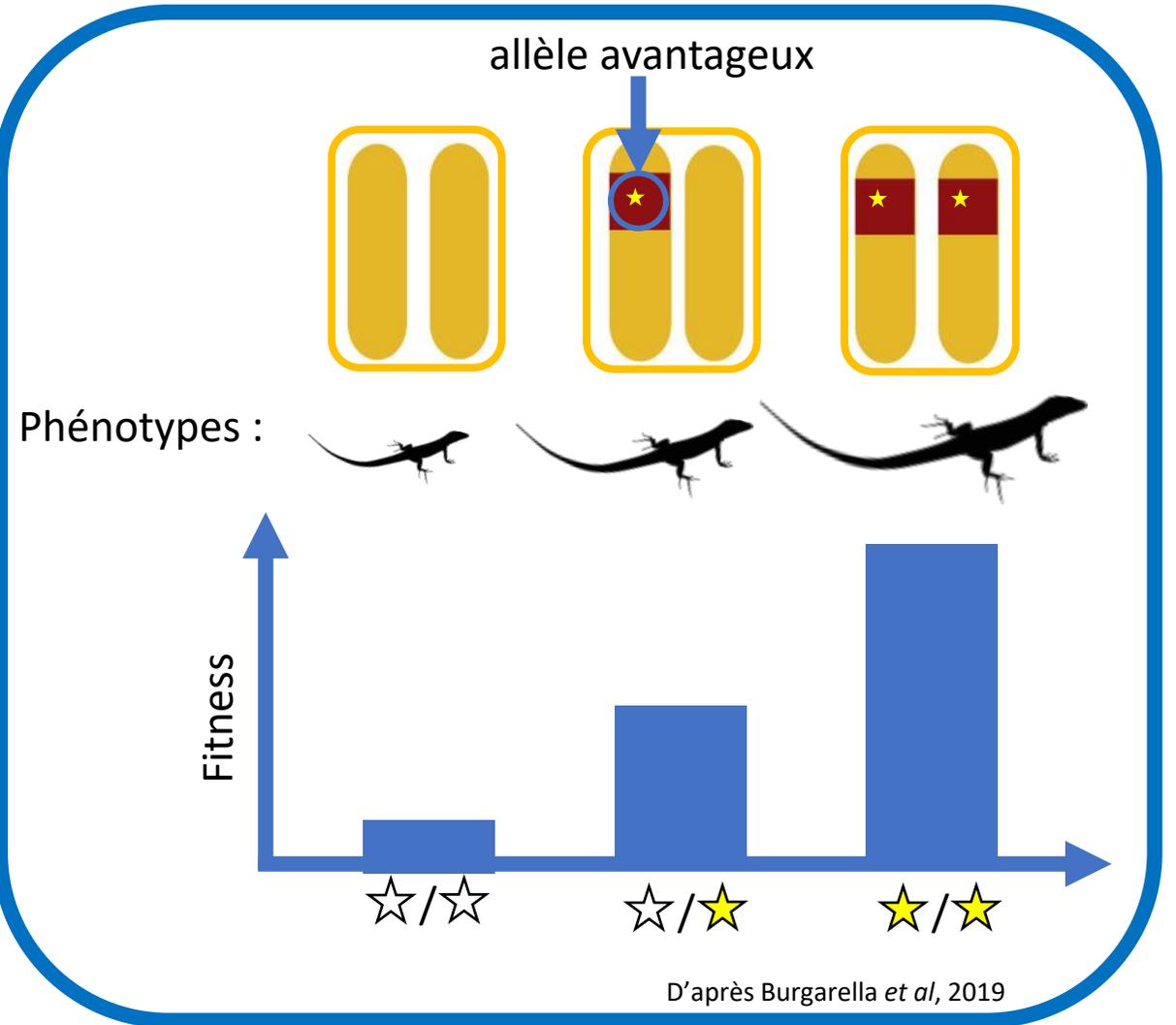
Incorporation de matériel génétique d'une population à une autre par le biais de rétrocroisements répétés.

Introgression adaptative :

Espèce receveuse



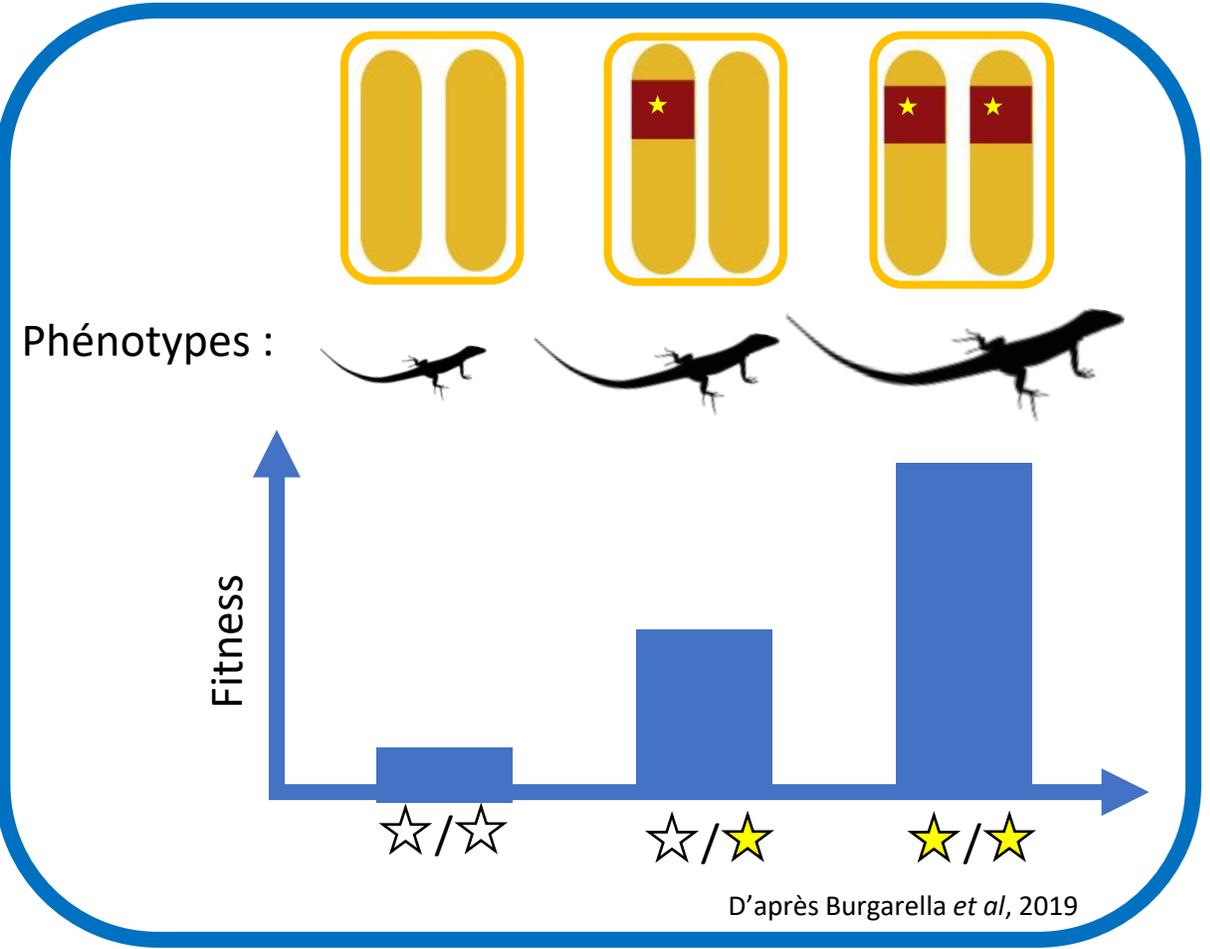
allèle avantageux



D'après Burgarella *et al*, 2019

Introgression adaptative :

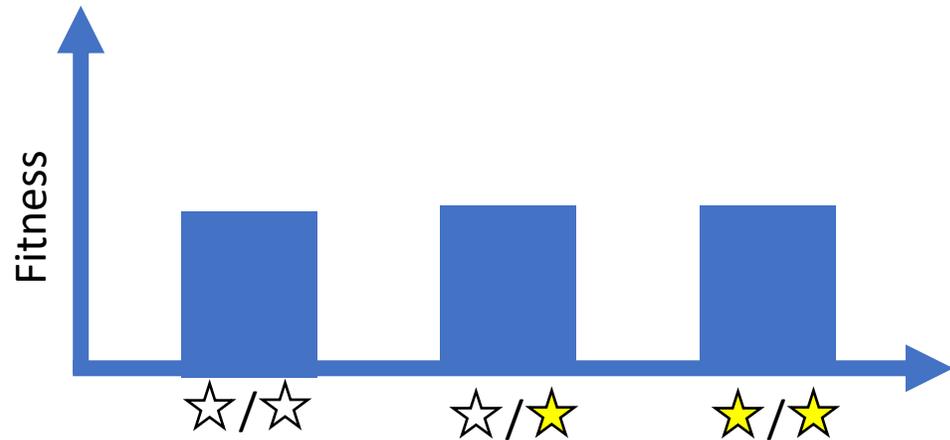
Espèce receveuse



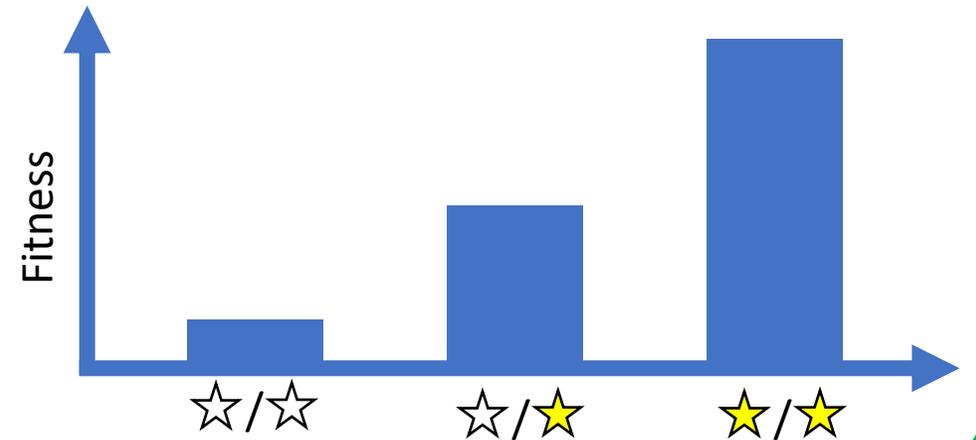
Introgression adaptative

introgression d'un allèle bénéfique entraînant une augmentation de la "fitness" des individus porteurs cet l'allèle.

Introgression adaptative :



Introgression neutre (IN)



D'après Burgarella et al, 2019

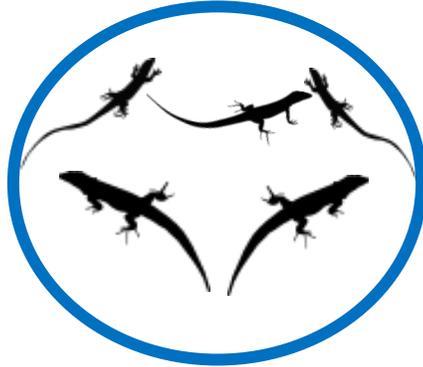
Introgression adaptative (IA)

Modèle biologique : *Podarcis hispanicus*



Podarcis sp

Complexe d'espèces :
Podarcis hispanicus



Péninsule Ibérique

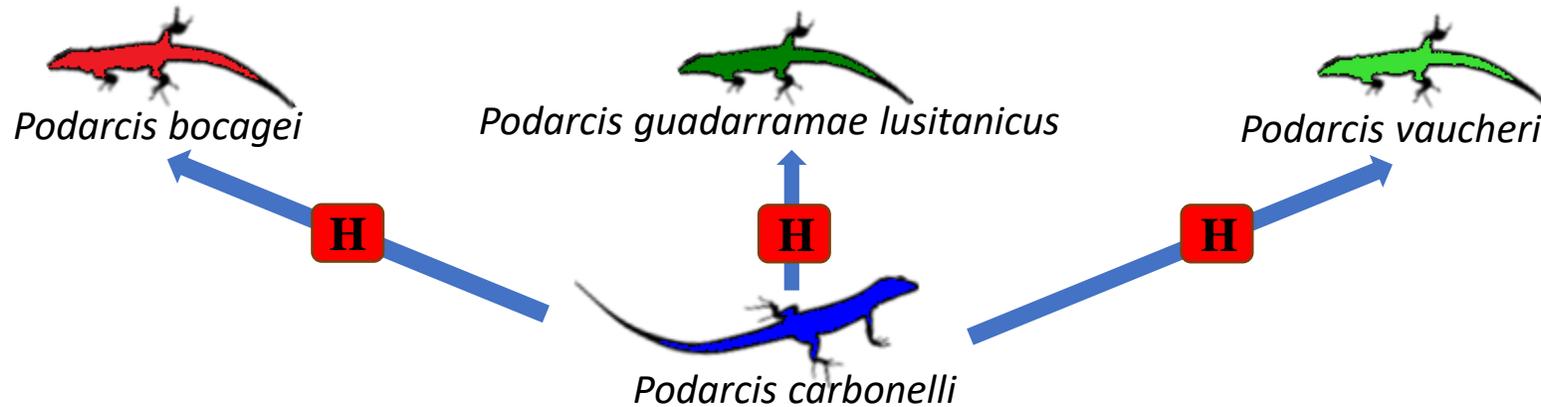


8 espèces

- *lusitanicus*
- *liolepis*
- *guadarramae*
- *virescens*
- *vaucheri*
- *hispanicus*
- *bocagei*
- *carbonelli*

Présence d'hybridation et d'introgession

Exemple :



Projet de recherche :



Thèse

anr[®]



Pierre-André Crochet

IntroSpec :

Impact génomique et causes évolutives de l'introgression aux stades avancés de la spéciation

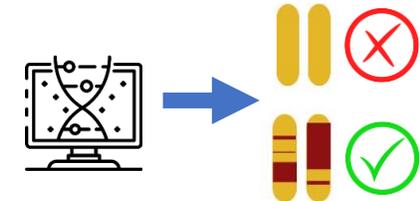
1 Echantillonner des individus des espèces du modèle biologique : *Podarcis sp*



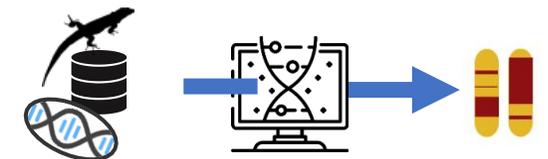
2 Séquencer des génomes entiers (WGS) des échantillons :



3 Tester et développer des approches permettant d'identifier et quantifier l'IA



4 Utiliser ces outils pour identifier les régions sous IA des les séquences des échantillons



Projet de recherche :



Thèse

anr[®]



Pierre-André Crochet

IntroSpec :

Impact génomique et causes évolutives de l'introggression aux stades avancés de la spéciation

1 Echantiller des individus des espèces du modèle biologique : *Podarcis sp*

2 Séquencer des génomes entiers (WGS) des échantillons :

3 Tester et développer des approches permettant d'identifier et quantifier l'IA

4 Utiliser ces outils pour identifier les régions sous IA des les séquences des échantillons

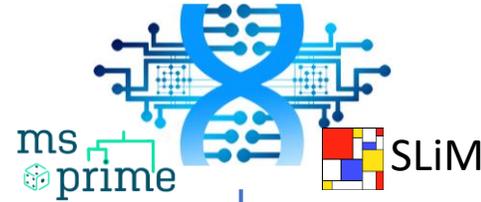
Le doctorant (Moi)



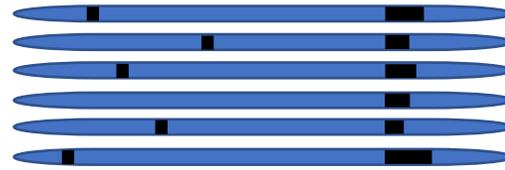
Objectif principale de la thèse :

Tester et développer des approches permettant d'identifier et quantifier l'IA

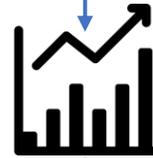
Simulations (*backward/forward*) :



Données simulées :



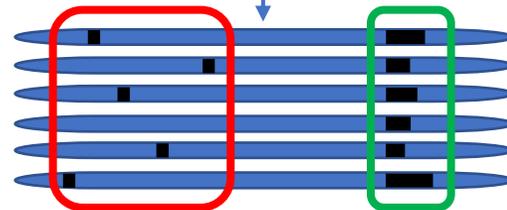
Statistiques résumantes :



Méthodes inférentielles :



Résultats :



Introgession neutre

Introgession adaptative

-Neutre/sélection

-Spatialisé/non-spatialisé

Informatives sur diff. processus

-Existantes

-À Développer

-Régions sans I

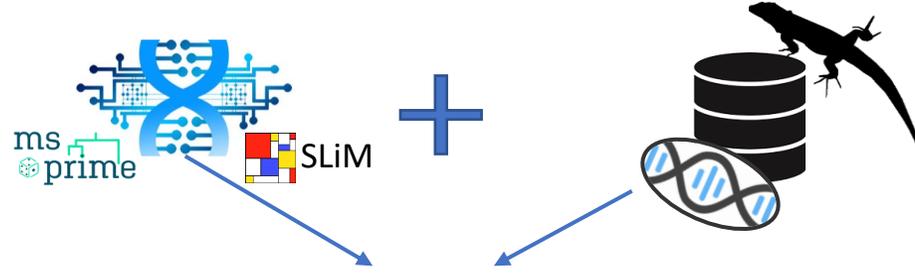
-Régions sous I neutre

-Régions sous IA

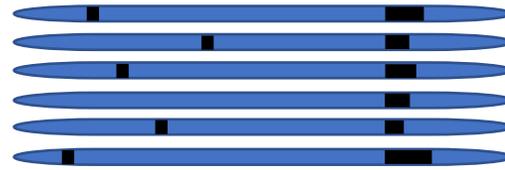
Objectif principale de la thèse :

Identifier les régions sous IA chez les individus de *Podarcis sp* échantillonnés

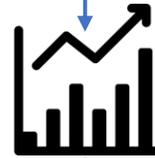
Simulations (*backward/forward*) :



Données simulées :



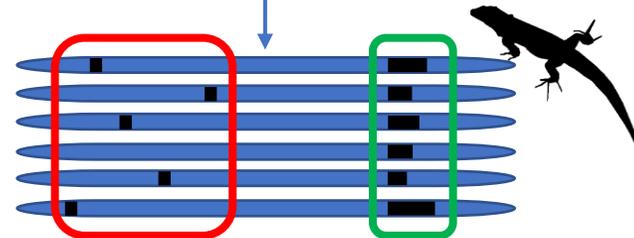
Statistiques résumantes :



Méthodes inférentielles :



Résultats :



Introgression neutre

Introgression adaptative

Données réelles de *Podarcis sp*





Comment identifier la part de l'introggression qui est due à la sélection ?

Ecole Doctorale GAIA : EERGP - Écologie, Evolution, Ressources Génétique, Paléobiologie

Doctorant : ROMIEU Jules

Encadrants : LEBLOIS Raphaël, ROUSSET François, DE NAVASCUES Miguel, CROCHET Pierre-André

10 Mai 2022

Parcours universitaire :



Licence :
Biologie, **écologie**
et Science de la
Terre (BEST)

2015



Master :
Biodiversité, Ecologie
Et **Evolution**
(B2E)

2017



Master :
Science et Numérique
pour la Santé (SNS)
parcours
Bioinformatique,
Connaissance , Données
(BCD)

2018

2020



Thèse
*Comment
identifier la part
de l'introgression
qui est due à la
sélection ?*

2021

t :

Ecologie

Biologie évolutive

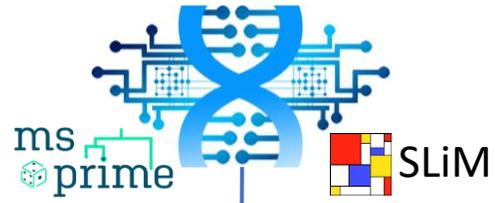
Bioinformatique/génomique

Génétique des population

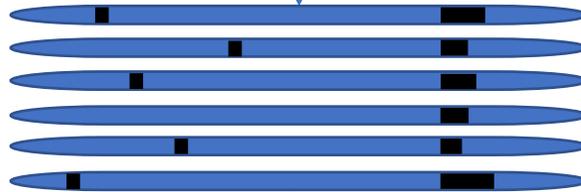
Objectif principale de la thèse :

Tester et développer des approches permettant d'identifier et quantifier l'IA

Simulations (*backward/forward*) :



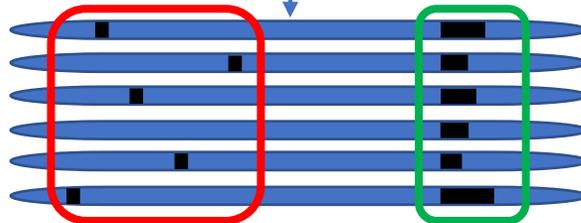
Données simulées :



Méthodes inférentielles :



Résultats :



Introgession neutre Introgession adaptative

- Neutre/sélection
- Spatialisé/non-spatialisé

- Niveau d'introgession
- Statistiques résumantes

- Existant
- À Développer

- Régions sans I
- Régions sous I neutre
- Régions sous IA