

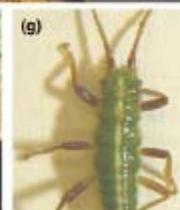
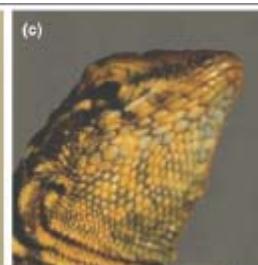
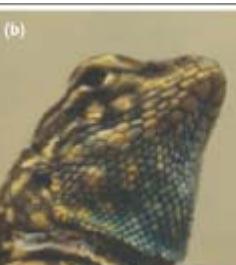
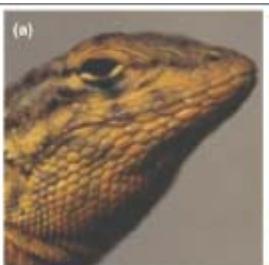


Evolution
& Diversité Biologique
EDB

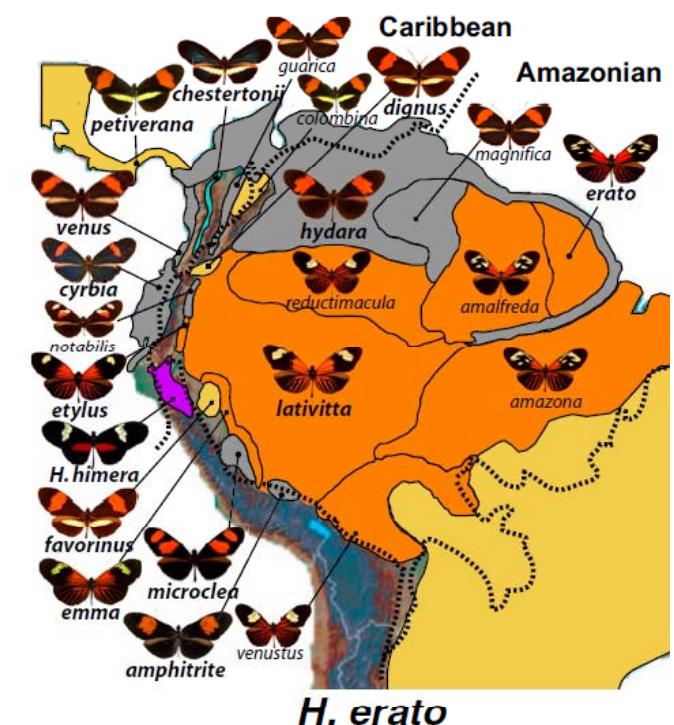
Caractérisation de SNPs par RAD-seq pour l'étude de la coloration d'un oiseau insulaire

Yann BOURGEOIS
Le 30/09/2013

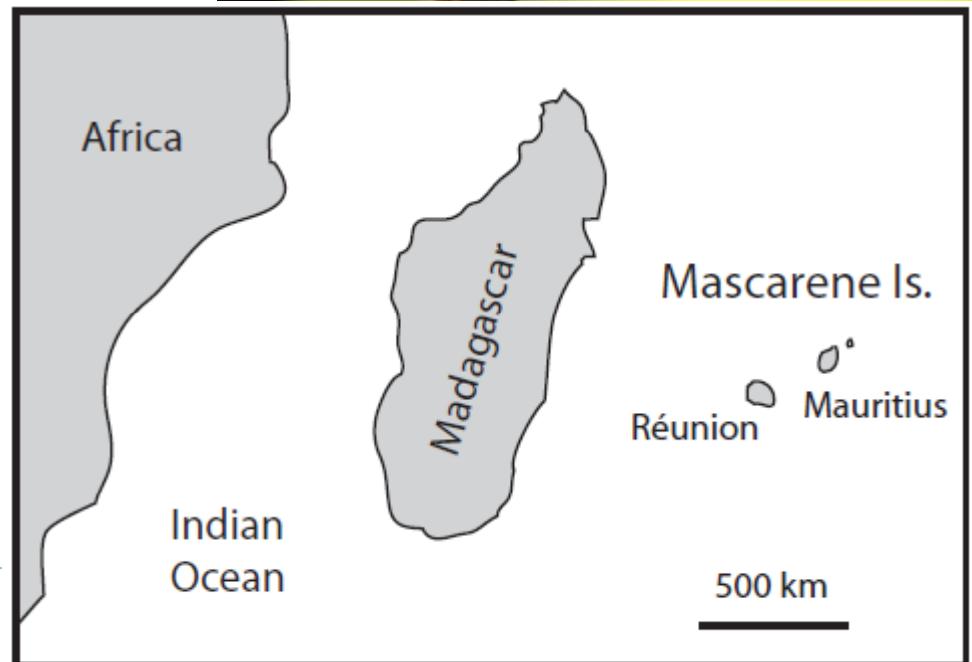
VARIATIONS DE COLORATION ET ÉVOLUTION



2



ZOSTEROPS BORBONICUS, OISEAU ENDÉMIQUE DE LA RÉUNION



ZOSTEROPS BORBONICUS, OISEAU ENDÉMIQUE DE LA RÉUNION

- ▶ Petite taille (8 grammes)
- ▶ Abondant
- ▶ Forme des groupes sociaux
- ▶ Régime alimentaire varié (fruits, nectar, insectes)
- ▶ Forte philopatrie

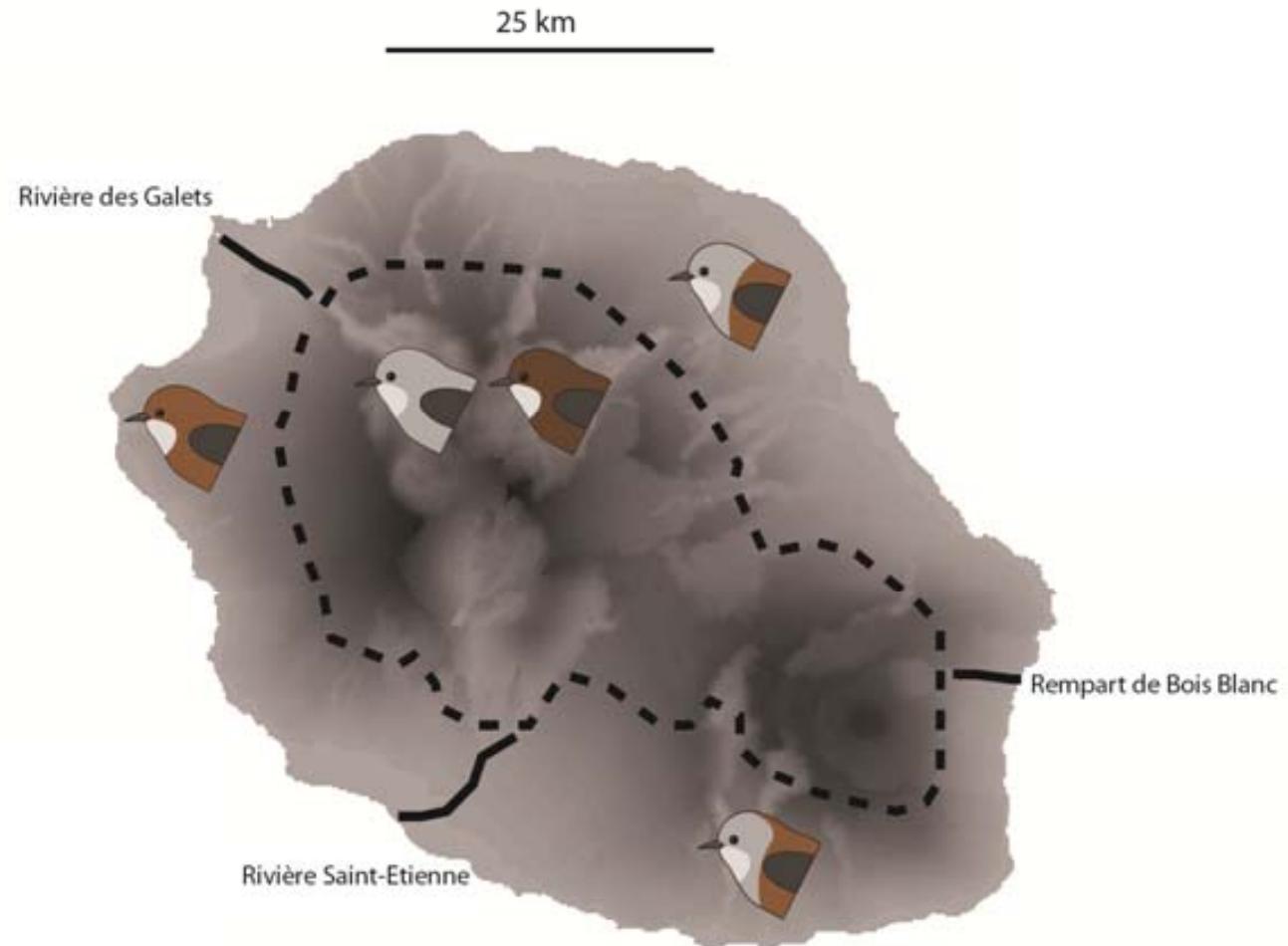


DES FORMES GÉOGRAPHIQUEMENT STRUCTURÉES

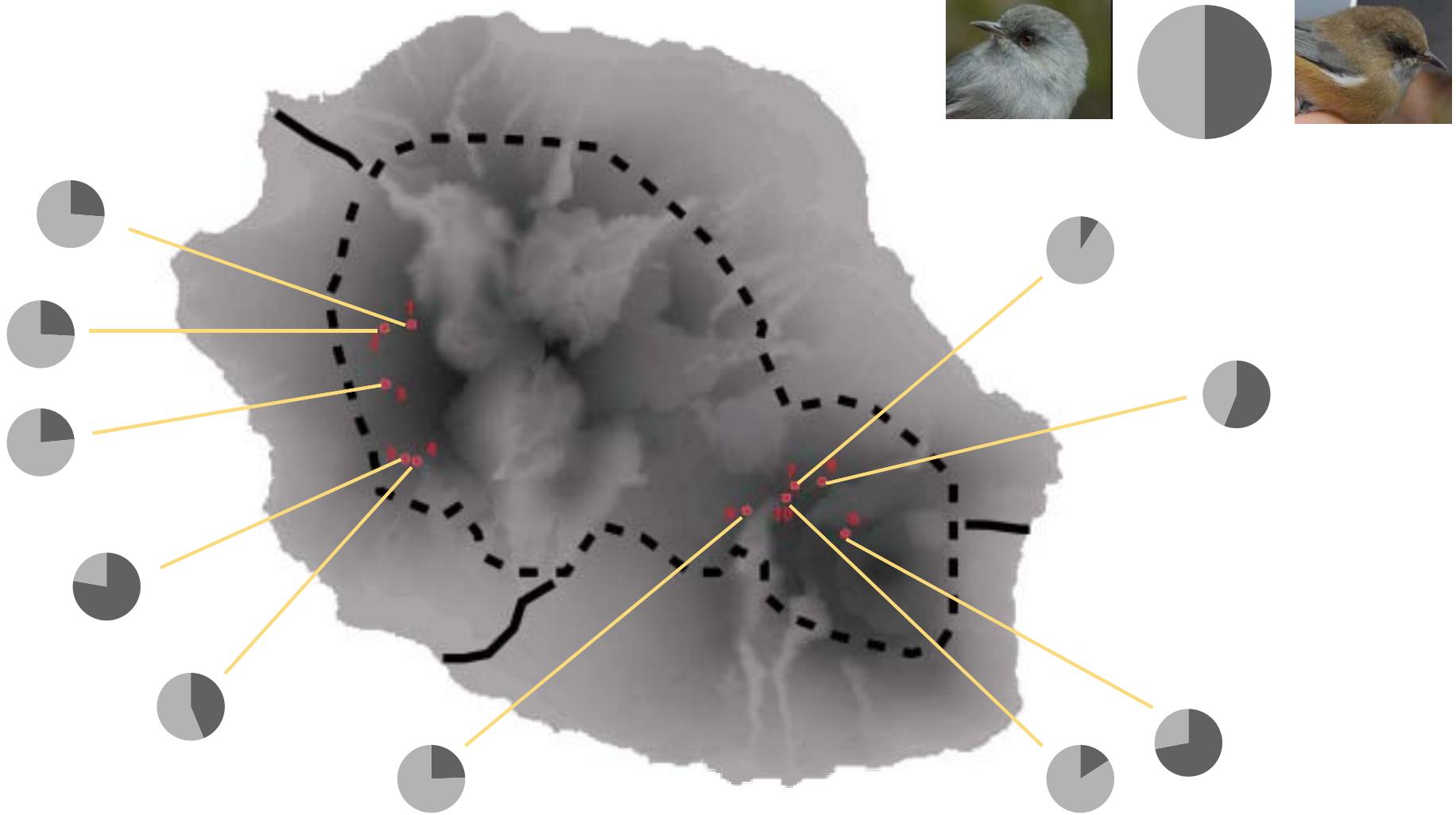
- ▶ Quatre formes distinctes

- ▶ Trois formes parapatriques

- ▶ Une forme dimorphique



DIMORPHISME STABLE À L'ÉCHELLE DE L'AIRE DE RÉPARTITION



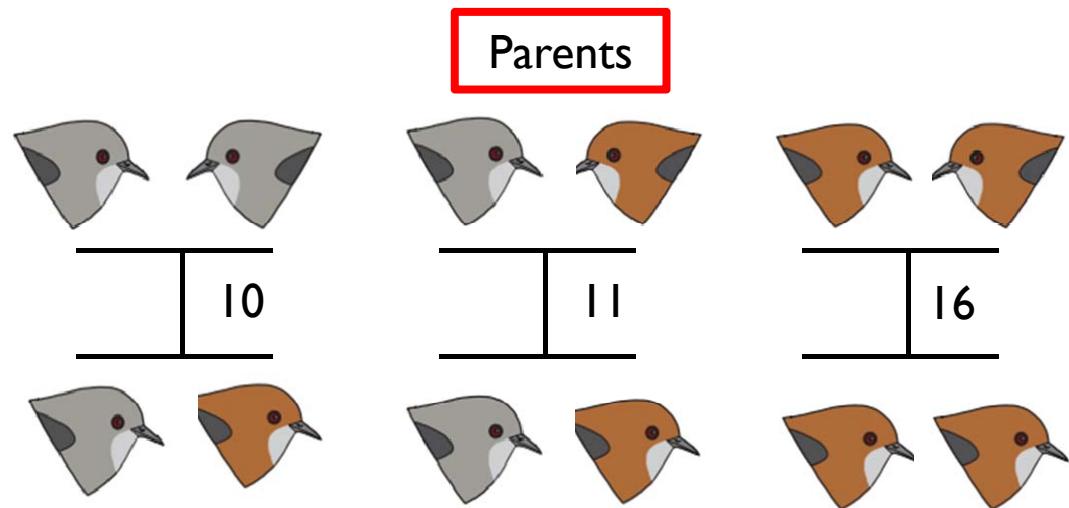
UN DÉTERMINISME GÉNÉTIQUE DE LA COULEUR SIMPLE

- ▶ Le déterminisme est-il simple ou complexe?

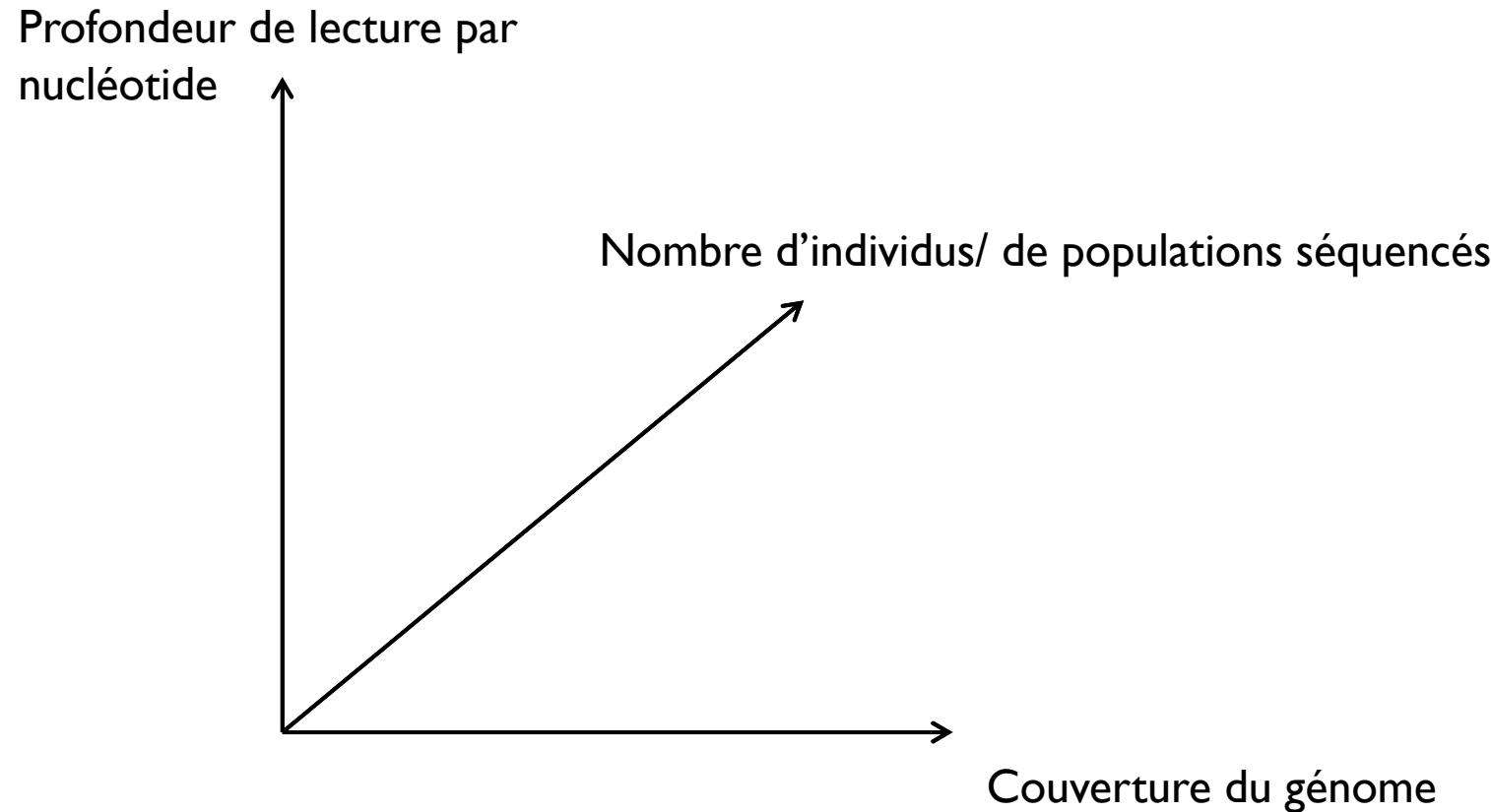
- ▶ Peu de gènes semblent liés aux variations de couleur

- ▶ Bases génétiques inconnues

Croisements inférés des données génétiques

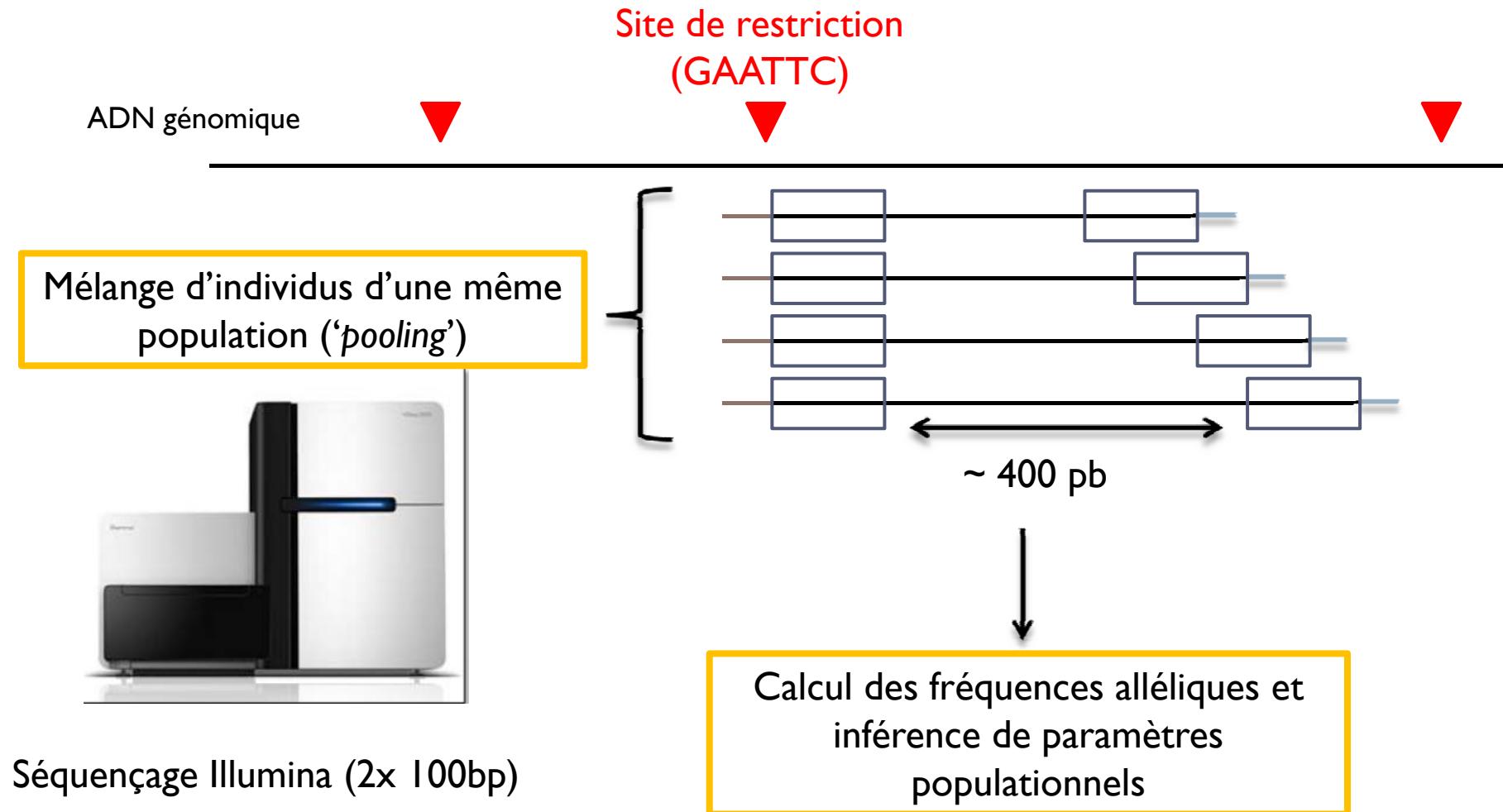


ALLOCATION DE L'EFFORT DE SÉQUENÇAGE



D'après Buerkle & Gompert 2012 Mol Ecol

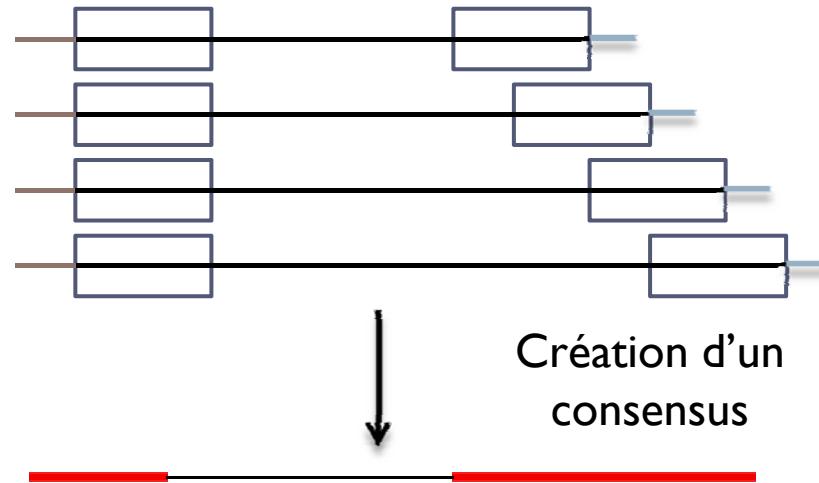
RESTRICTION-SITE ASSOCIATED DNA SEQUENCING OU RAD-SEQ : ÉTUDE GÉNOMIQUE D'ESPÈCES NON MODÈLES



REPLACER LES VARIANTS SUR UN GÉNOME PROCHE



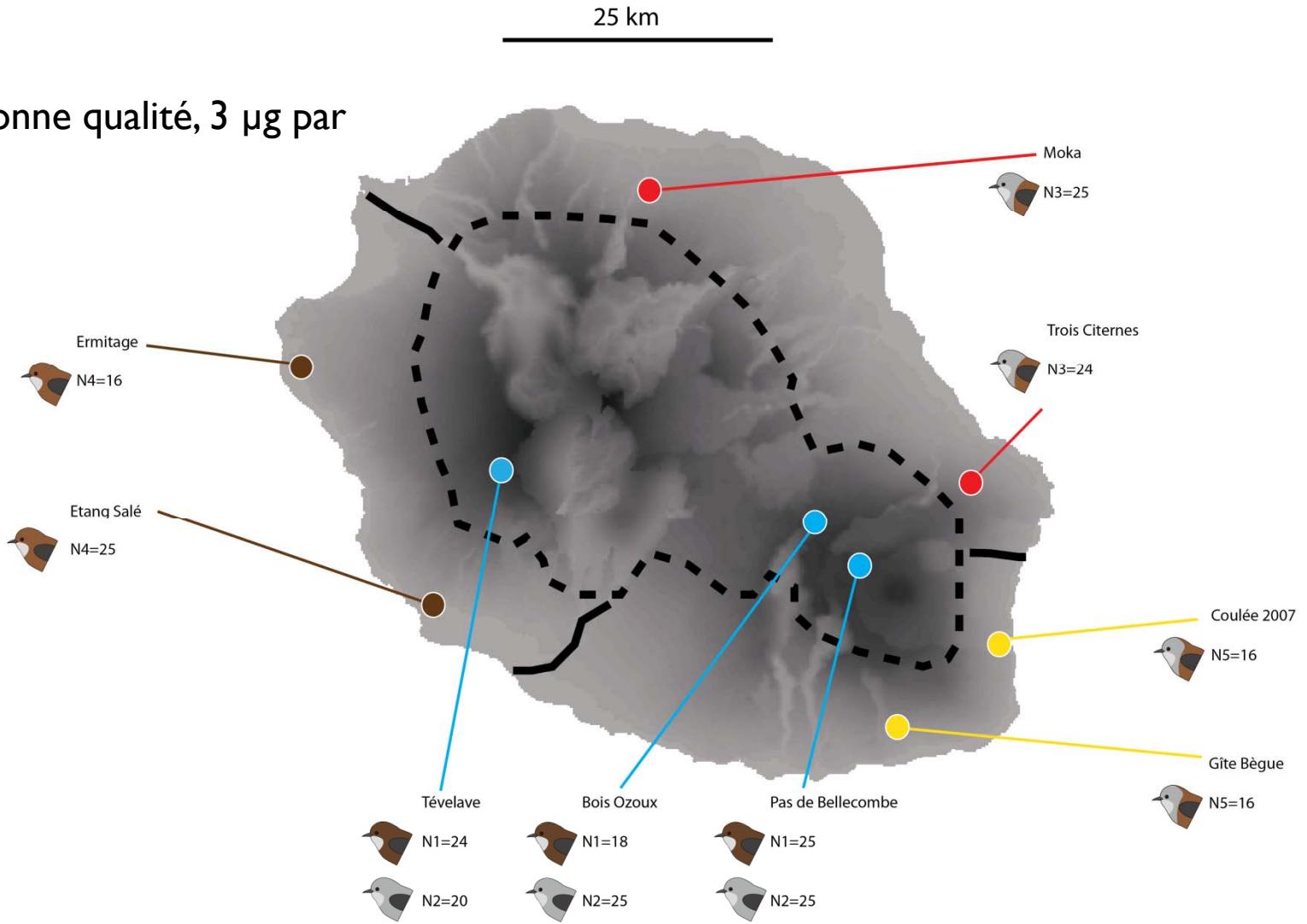
Pas de génome séquencé pour *Z. borbonicus*



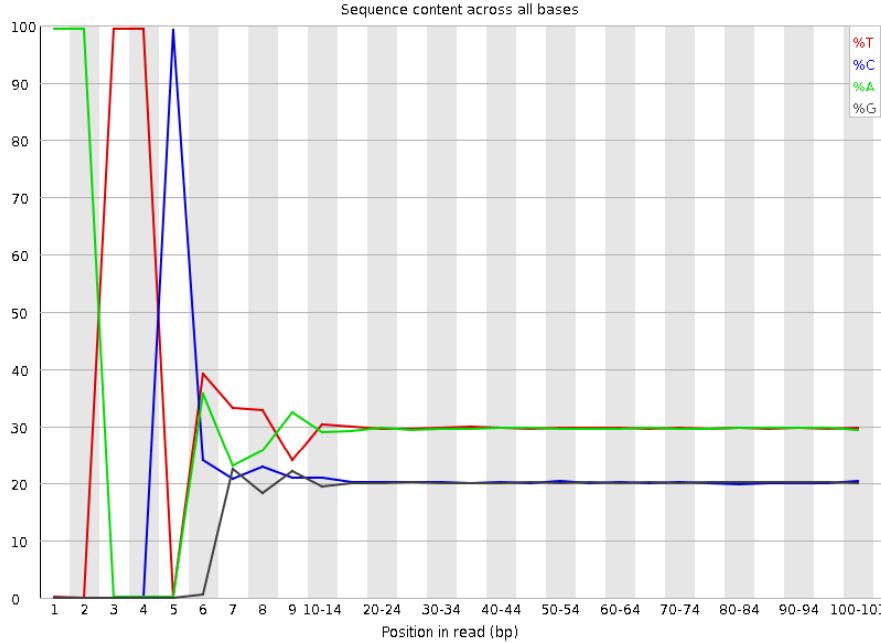
Alignement sur le génome du diamant mandarin (*Taeniopygia guttata*)

PLAN EXPÉRIMENTAL

ADN de bonne qualité, 3 µg par librairie

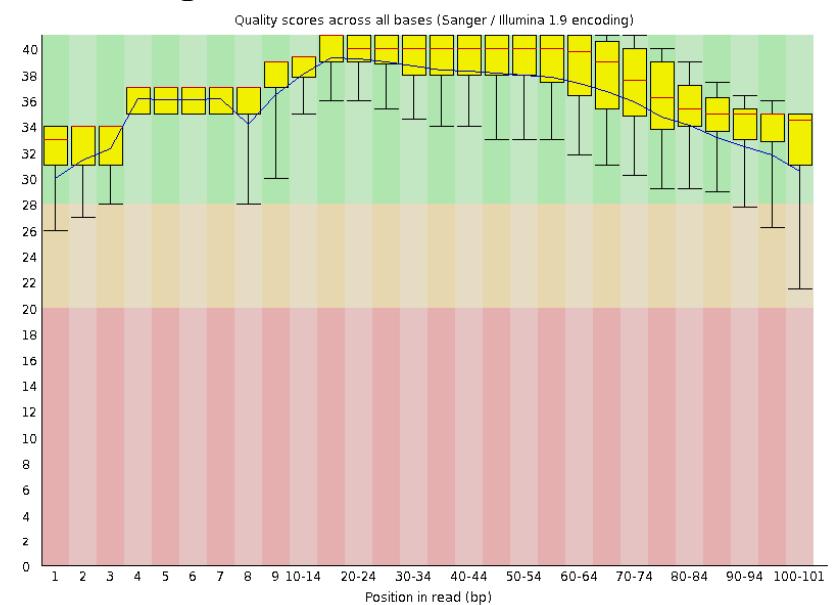


RÉSULTATS

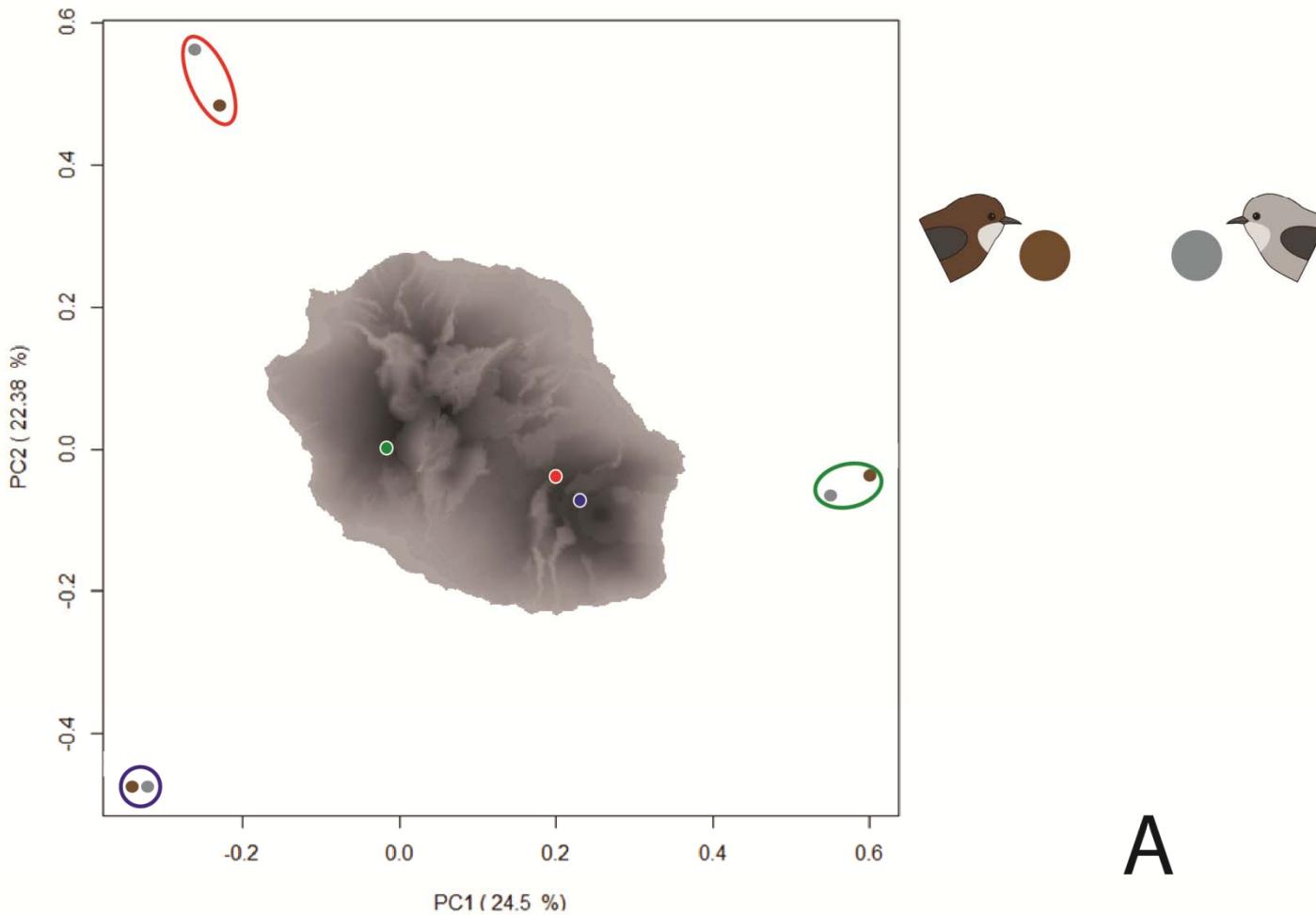


Critère d'appel de SNPs:

- Profondeur par librairie de 20X
- Compte minimal pour appeler un allèle rare: 3X
- Plus de 130 000 SNPs dont 81 000 à une position non ambiguë

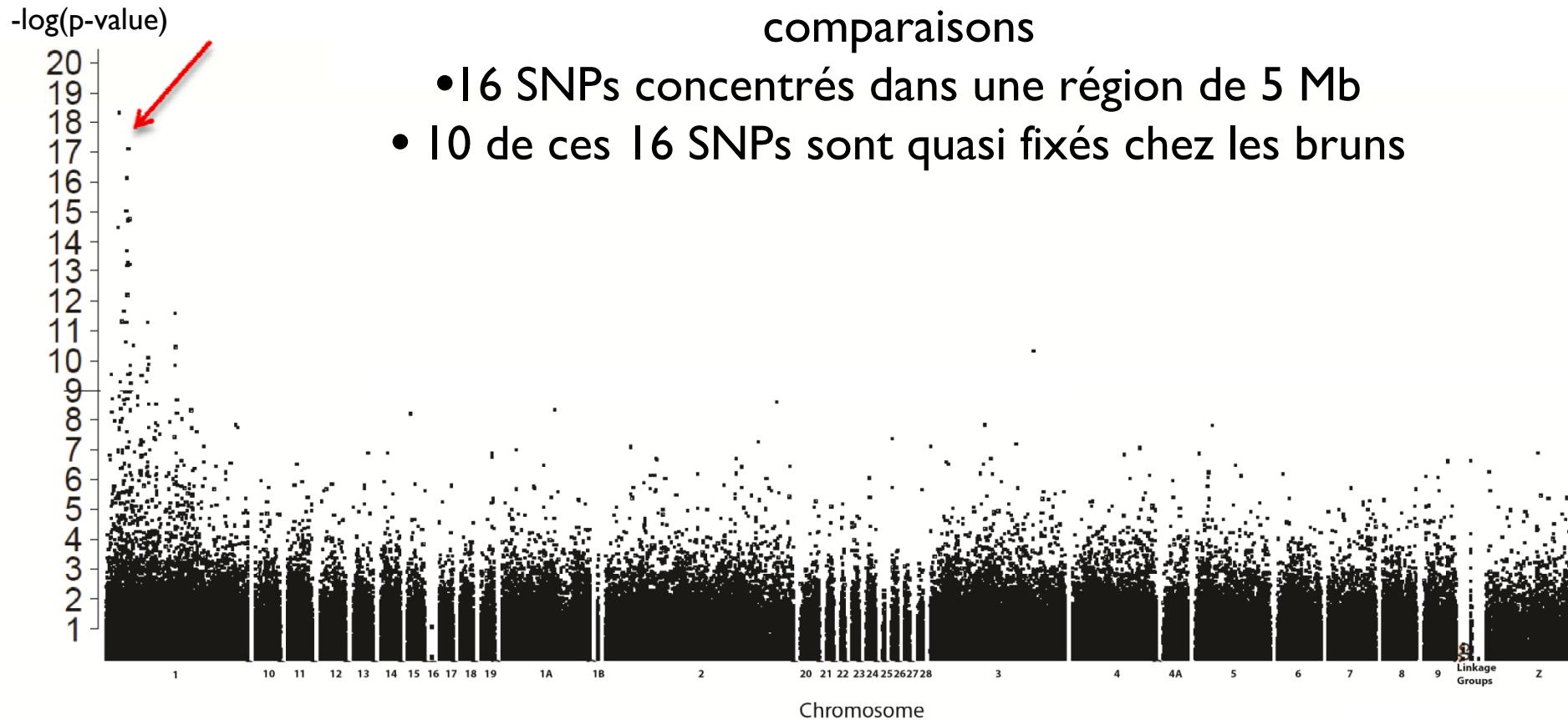


RÉSULTATS (POPULATIONS POLYMORPHES)



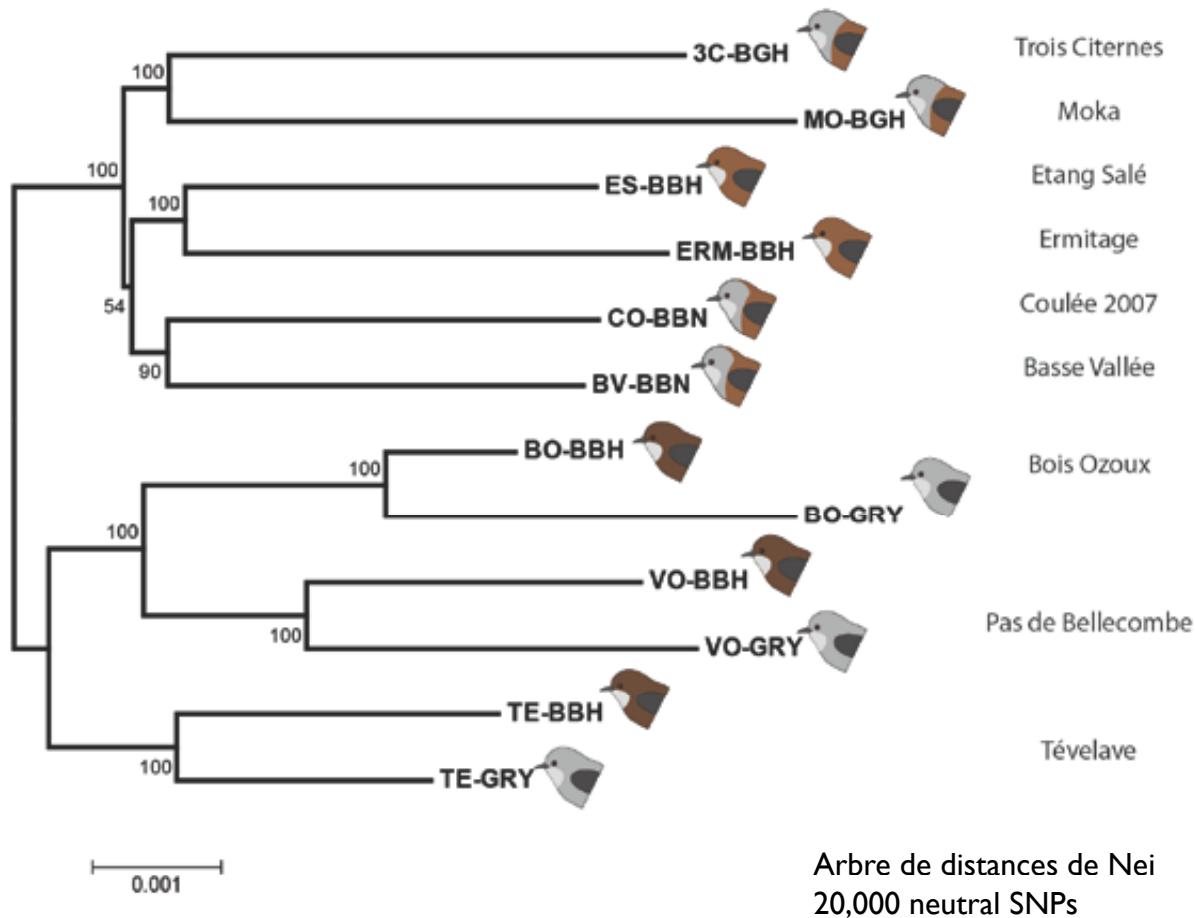
RÉSULTATS (POPULATIONS POLYMORPHES)

- Une unique région impliquée dans les 3 comparaisons



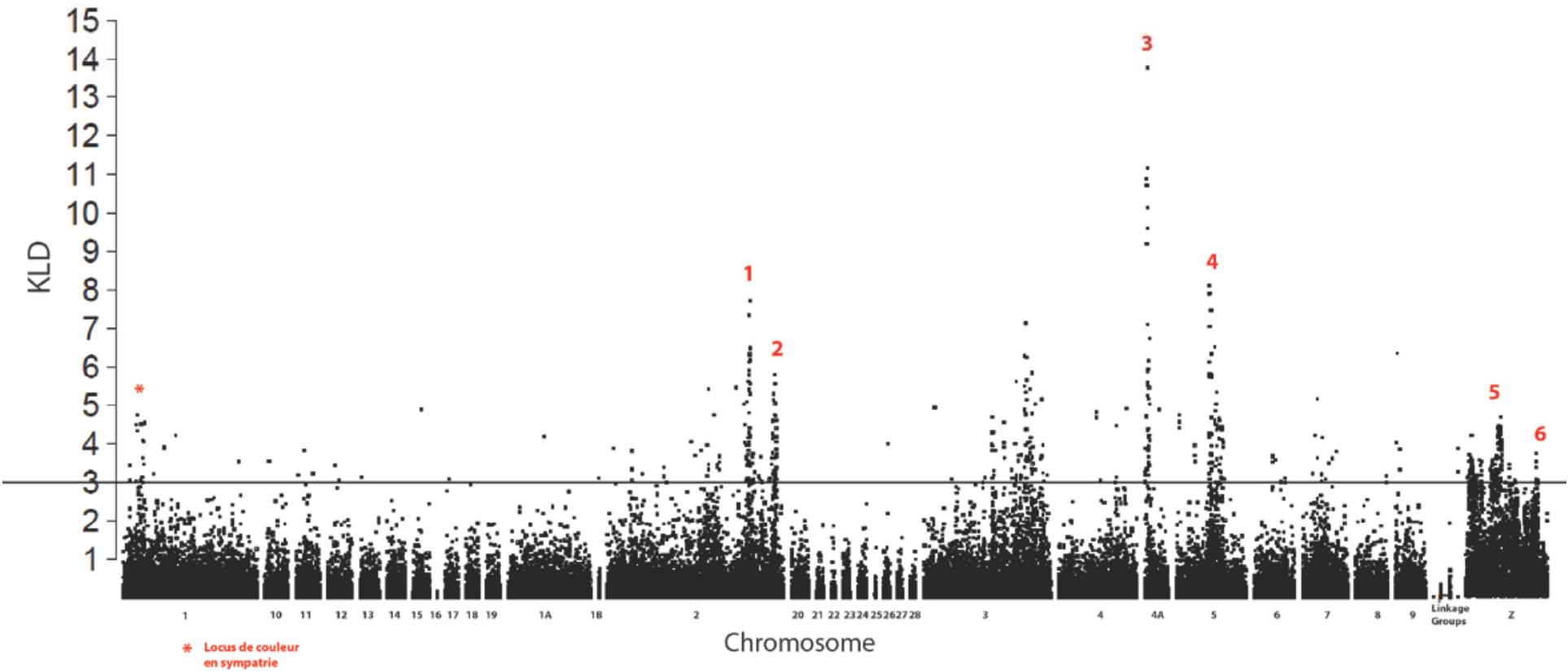
AUTRES APPLICATIONS POSSIBLES

▶ Histoire démographique des formes et des morphes



AUTRES APPLICATIONS POSSIBLES

- ▶ Étude des loci sous sélection à travers le génome



MERCI POUR VOTRE ATTENTION

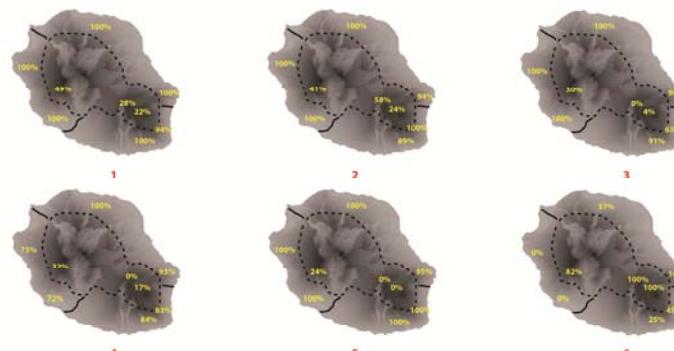
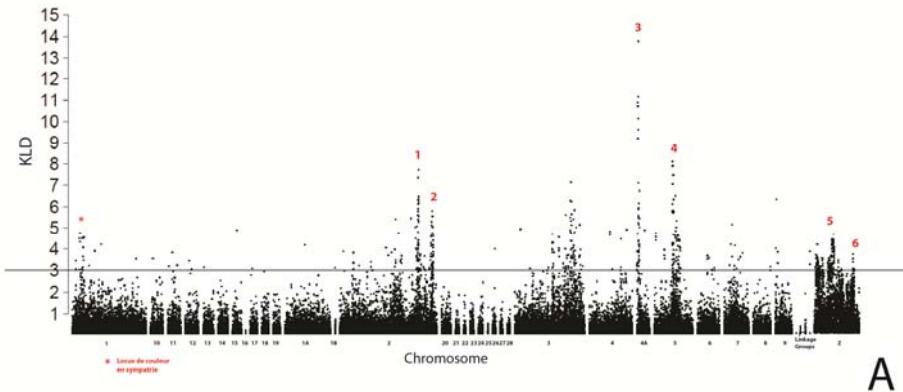
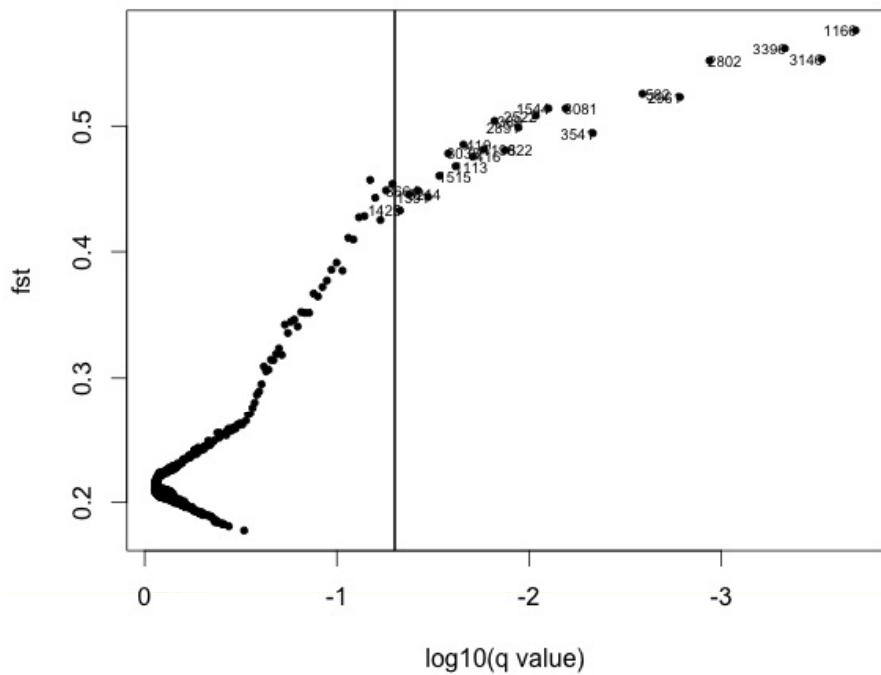


©Joris Bertrand, PhD (<http://www.jorisbertrand.com/>)

Recherche de loci sous sélection



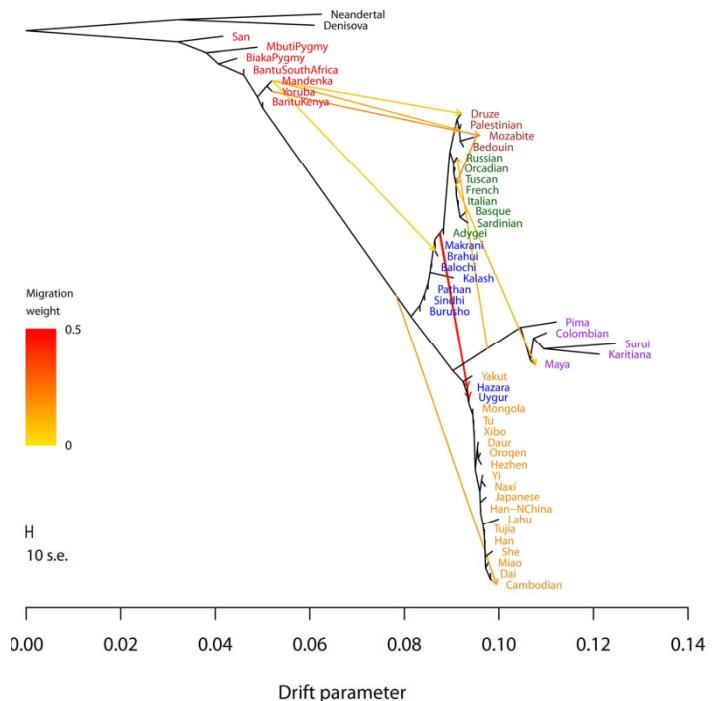
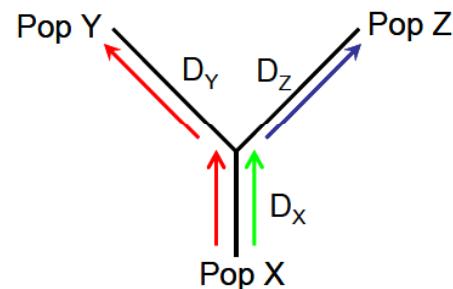
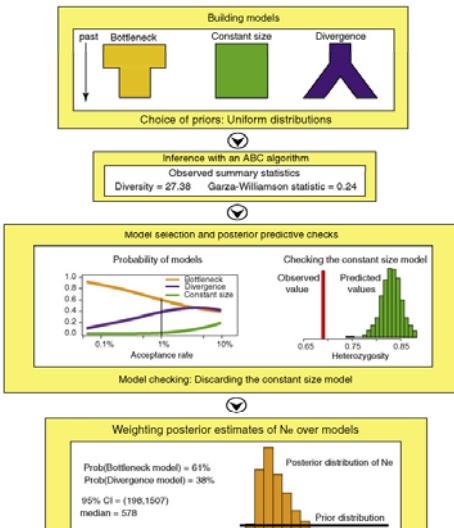
Analyses d'association
BSCAN (Gautier) :
Version adaptée aux données poolées de Bayescan (Foll & Gaggiotti)



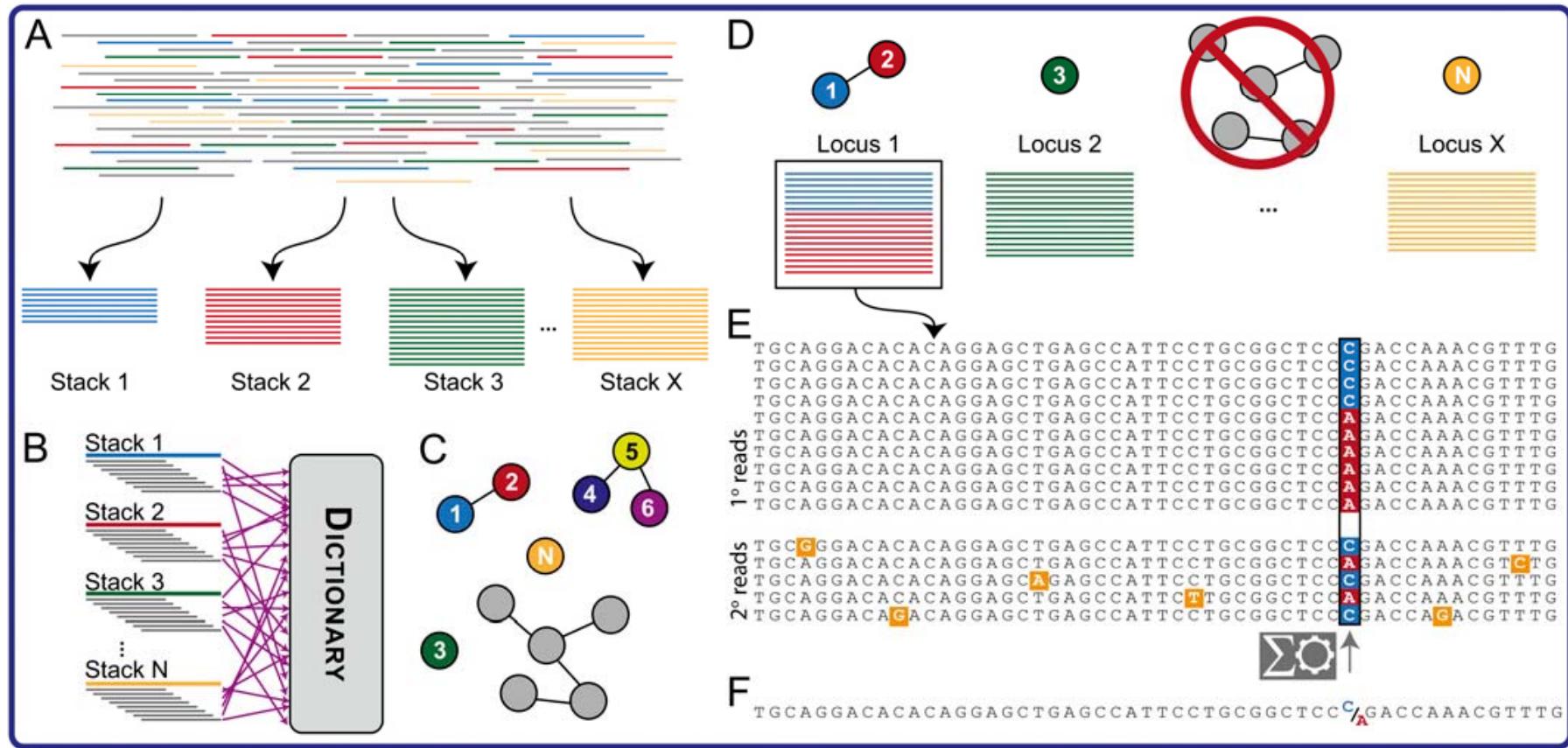
B

Histoire démographique

- Principalement: obtention de données de fréquences alléliques par population.
- Phylogénie sur mutations fixées (Emerson et al. 2010)
- Calcul d'arbres de distance, comparaison de topologie
- Détection de l'admixture: Treemix (Pickrell & Pritchard 2012).
- Simulations ABC possibles: D de Tajima, diversité allélique, allèles privés, Fst...

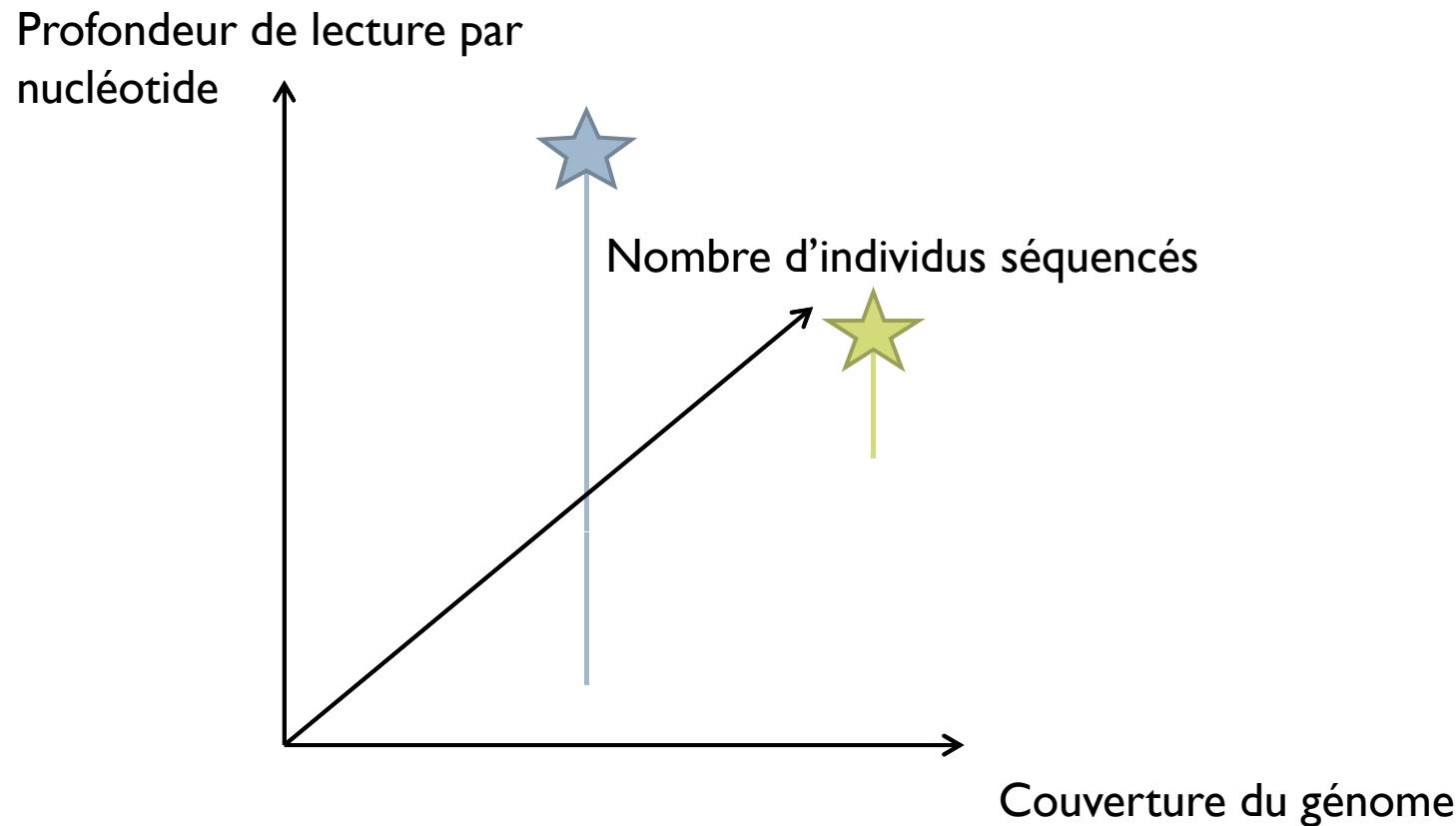


Reconstituer les contigs: stacks



Catchen et al. 2013 Mol Ecol

Où investir l'effort de séquençage?



D'après Buerkle & Gompert 2012 Mol Ecol

‘Pooling’ et séquençage individuel

- ▶ Profondeur par individu pour obtention de données individuelles de qualité: au moins 7X
- ▶ Quantité de matière par individu plus importante pour un même effort de séquençage
- ▶ Prix des adaptateurs (développement *de novo*)



‘Pooling’ et séquençage individuel

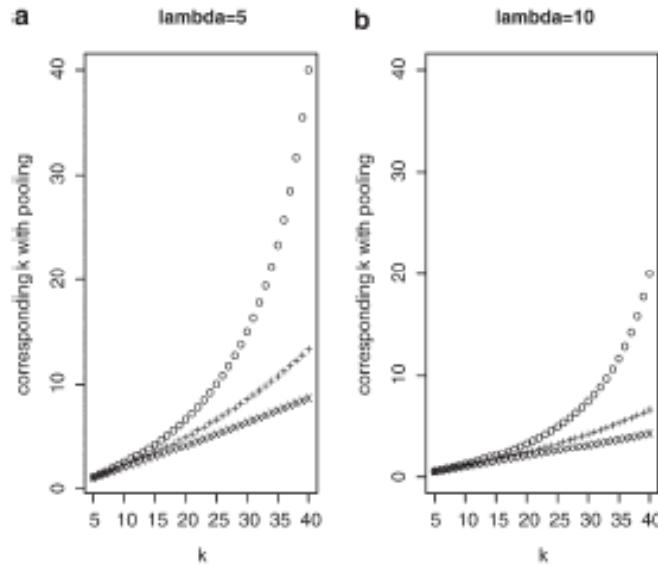


FIGURE 3.—Sequencing effort k^* of a pooling experiment to get allele frequency estimates with the same accuracy as in a standard experimental setup where k individuals are sequenced separately. ("o", pool size $n = 50$; "+", $n = 100$; "x", $n = 500$.)

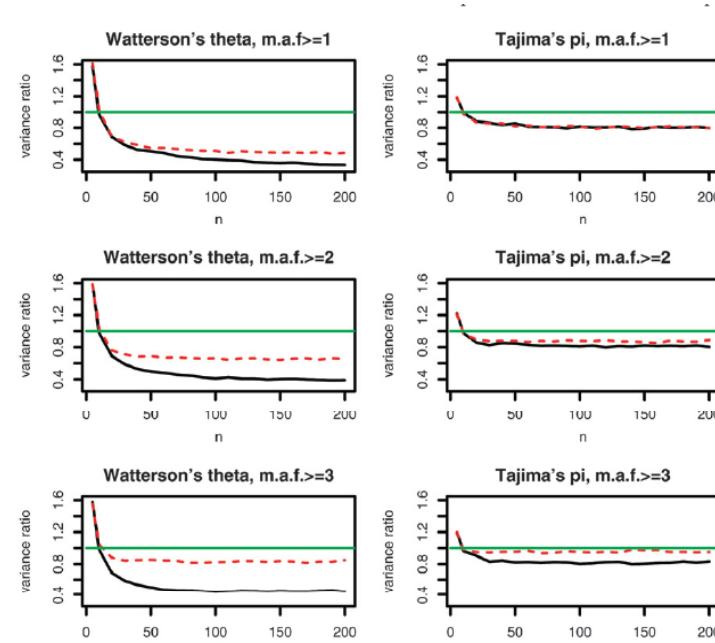
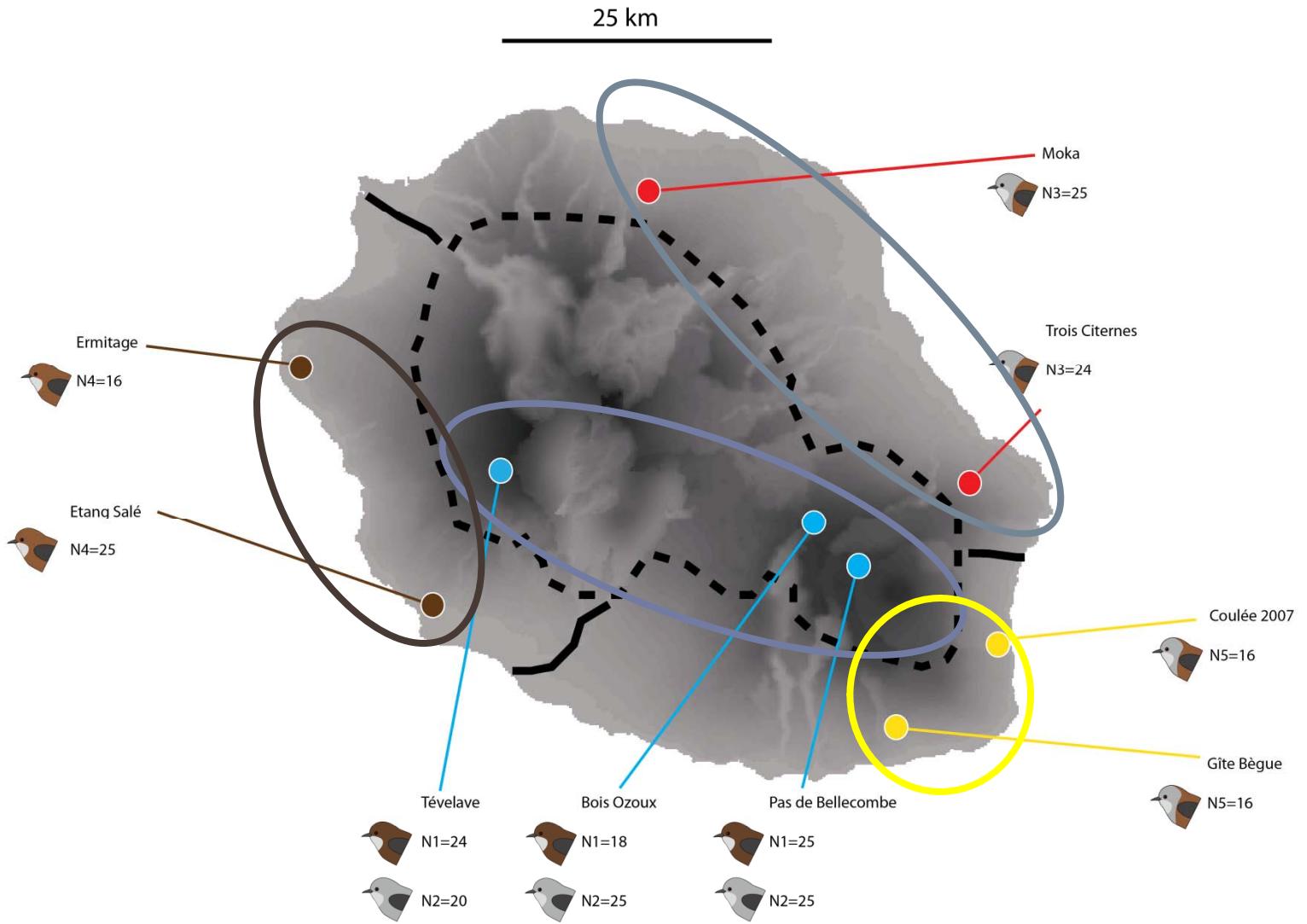


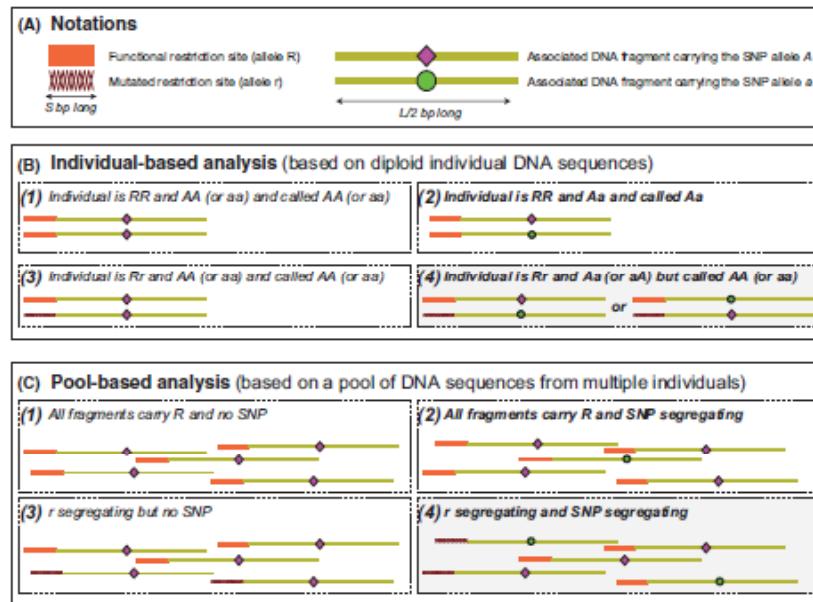
FIGURE 5.—Variance ratio ($\text{Var}_{\text{pooled}}/\text{Var}_{\text{standard}}$) of the bias-corrected version of Watterson's θ and Tajima's π depending on the pool size n . We consider pooling both without [minor allele frequency (MAF) ≥ 1] and with a protection (MAF ≥ 2 , MAF ≥ 3) against sequencing errors. (Only segregating sites with MAF above the stated threshold are included.) The horizontal green line denotes the break-even ratio of 1, where both the pooled and the classical experiment leads to estimates with equal variances. Pooling always performs better, as soon as the size of the pool exceeds the number of separately sequenced individuals. Solid black line, $\lambda = 30$; red dashed line, $\lambda = 5$. Standard setup is shown with $k = 10$ individuals sequenced separately.

Histoire démographique



Limites

Perte d'allèles et augmentation de l'hétérozygotie...



... pour des tailles efficaces très importantes
(Gautier et al. 2012)

Pooling

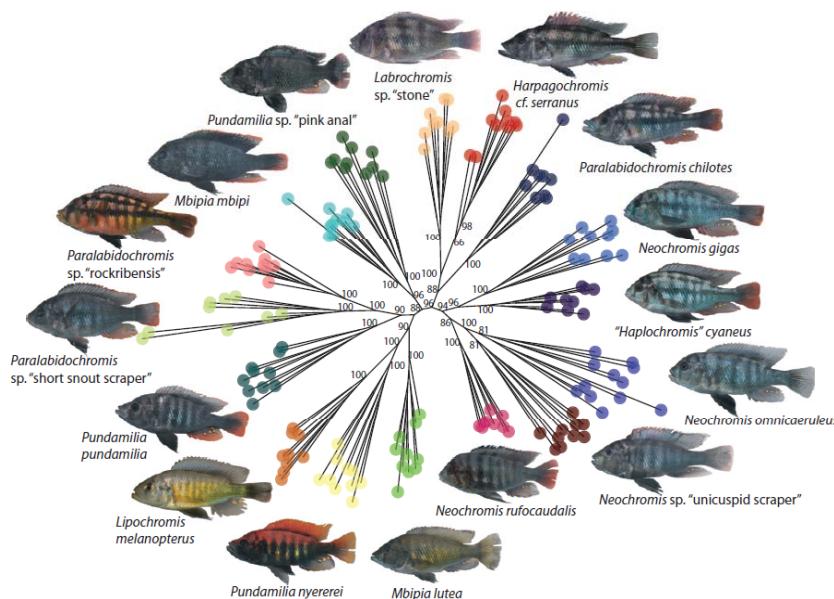


Déséquilibre de liaison

Détection des 'soft sweeps'

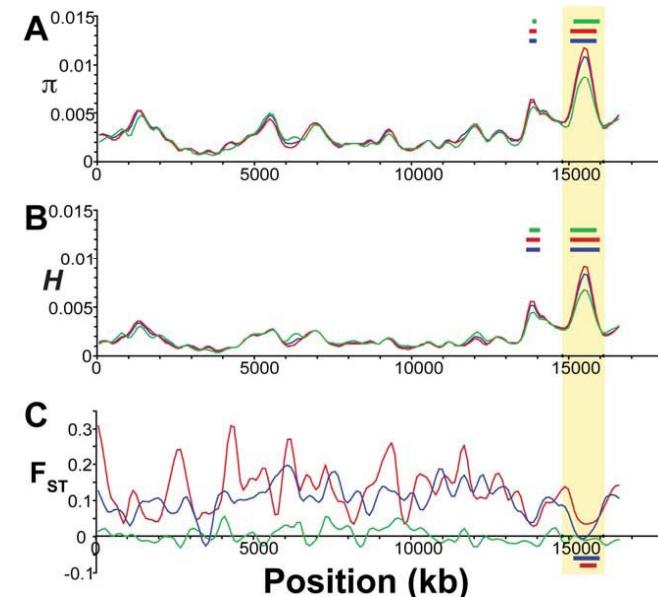
Événements d'admixture
Bottlenecks

Utilisation



Inférences démographiques et phylogénétiques (Wagner et al. 2013 Mol Ecol)

Etudes d'association, QTLs (Gagnaire et al. 2013 Mol Ecol)



Sélection le long du génome (Hohenlohe et al. 2010)

