



**26**  
MAI.  
2014

🕒 de 15h30 à 16h30

## SÉMINAIRE

# De la délimitation moléculaire des espèces à l'étude de leur génome : l'hétérozygotie dans tous ses états

**Jean-François Flot**

La co-occurrence dans un même individu de deux demi-génomés semblables mais différents (hétérozygotie) est une caractéristique générale des organismes diploïdes qui pose de gros problèmes techniques lors du séquençage : double pics, échec de l'assemblage des données,... En dépit de ces difficultés apparentes, les séquences d'organismes hétérozygotes apportent une mine d'informations très utiles à la délimitation des espèces et à l'analyse de leurs génomes. Après avoir montré comment reconstruire les allèles d'individus hétérozygotes par séquençage direct, sans cloner, j'introduirai une approche nouvelle pour la délimitation moléculaire des espèces basée sur l'analyse de l'hétérozygotie : cette approche, appelée "haplowebs", ne repose pas sur le critère de monophylie et surpasse pour cette raison les méthodes actuellement utilisées en barcoding (GMYC, ABGD,...). Dans la deuxième partie de mon exposé, je montrerai comment l'analyse récente de l'hétérozygotie d'un rotifère bdelloïde a permis de prouver son asexualité et de mettre en évidence l'importance des conversions géniques et des transferts horizontaux dans l'évolution de son génome.