

Demande de renouvellement du GDR 1928

GENOMIQUE DES POPULATIONS

"Interactions fonctionnelles au sein des génomes, évolution dans les populations et études comparatives"

Directeur : Michel Veuille <mveuille@snv.jussieu.fr>

web: <<http://gdrevol.snv.jussieu.fr/gdr.html>>

Résumé

La génomique des populations est l'étude des forces qui déterminent les profils de variation de l'ADN dans les populations. Ces forces comprennent la mutation, la recombinaison, la dérive génétique, la transposition, la sélection naturelle, les conflits génétiques, et l'histoire démographique des espèces.

Au cours d'un premier exercice, dont nous faisons le bilan, le GDR 1928 s'est donné pour tâche d'intégrer la communauté scientifique dispersée intervenant sur ces questions. Il a favorisé la coordination des recherches entre groupes et organisé plusieurs colloques annuels et deux rencontres internationales. Le GDR 1928 a également monté un projet de réseau d'excellence avec 45 équipes européennes qui a exprimé une manifestation d'intérêt dans le cadre du 6^{ème} programme cadre européen (FP6).

Nous demandons le renouvellement du GDR 1928 avec un effectif plus important (18 équipes au lieu de 8) et de nouveaux objectifs : I) nous encouragerons le développement de la théorie et de la bioinformatique, insuffisantes en France en ce domaine ; II) nous encouragerons la formation de consortiums pour la création de données à haut débit dans le domaine du polymorphisme nucléotidique et des profils d'expression pour des approches évolutives. le séquençage complet des génomes de plusieurs espèces modèles devrait permettre pour la première fois d'identifier les facteurs-clés dans l'évolution des profils de variation. Les connaissances dans ce domaine peuvent être utiles à des programmes plus appliqués (localisation de gènes responsables de maladies génétiques complexes, gestion des ressources génétiques des espèces domestiques) et aux programmes de biologie de la conservation visant à la protection des espèces menacées. III) Nous favoriserons le développement de recherches sur l'évolution de la composition en bases de l'ADN, les taux de mutations (favorables, neutres et délétères), et la dynamique évolutive du fardeau mutationnel.

I. BILAN 1999-2000 ET EVOLUTION

Le GDR 1928 « Génomique des populations » est parti d'une idée simple : ceux qui examinent les données génomiques ne peuvent pas ignorer l'évolution, et ceux qui s'intéressent à l'évolution et à l'adaptation des organismes ne peuvent plus ignorer l'évolution du génome. Au cours de ses quatre années d'existence, il a assuré le pilotage de la recherche dans un domaine émergent. Il a organisé des réunions internes et externes, suscité des collaborations entre laboratoires éloignés géographiquement ou du fait de l'utilisation d'espèces modèles différentes, et attiré dans ses séminaires un nombre croissant d'équipes concernées par ses thèmes.

1.1.- Réunions

* Un **colloque annuel** s'est tenu tous les ans : c'est une réunion scientifique ouverte sur l'extérieur et attribuant une part prédominante à la discussion. Ces réunions très suivies apportent un approfondissement des questions que l'on ne retrouve pas dans les autres réunions annuelles (du type "groupe de biologie des populations"), et explique pour beaucoup l'attachement des équipes à ce GDR. De nombreuses équipes ont adhéré au GDR après sa création sur la base du colloque annuel (Excoffier, Gouy-Duret, Vekemans, etc.)

* Des **colloques thématiques** ont été organisés en 1999 et en 2001, avec participation de chercheurs européens (à leur frais, sauf pour les invités) et de chercheurs français (pris en charge) débordant largement les limites des équipes du GDR.

- **Colloque Malécot** : ce fut le premier colloque théorique de génétique des populations tenu en France. Nous avons invité 10 grands théoriciens américains, anglo-australiens, japonais. Ce fut aussi de ce point de vue une réunion internationale sans précédent. Les conférences invitées sont sous-presses à *Oxford University Press* (Slatkin et Veuille ed., *Modern developments in theoretical population genetics : the legacy of Gustave Malécot* 259 p., à paraître en juin 2002). Les invités intervenaient chaque matin pendant trois jours. Chaque après-midi, de jeunes théoriciens français (beaucoup de thésards et CR) ou européens présentaient leurs travaux théoriques et répondaient aux questions des "seniors".

- **Colloque microarrays en génétique évolutive** : L'étude comparative des génomes par puces d'expression à *cDNA* est une technique d'avenir en biologie évolutive. Ce colloque n'était pas centré sur la technique mais essentiellement sur son application à l'étude de l'évolution. Il a permis d'associer à l'activité du GDR, en plus des chercheurs 30, de nombreux chercheurs des commissions 23 et 28 intéressés par l'évolution (voir liste sur le site web du GDR). Il a été l'occasion de contacts entre équipes européennes, les chercheurs allemands et suisses étant plus avancés que les français en ce domaine.

1.2.- Financement incitatif de recherches

Le budget du GDR ne peut à lui seul financer des recherches et telle n'est pas sa vocation. Sa fonction est d'inciter les chercheurs menant des études complémentaires à prendre contact entre eux, à se rencontrer, à échanger des idées, et à étendre leur vision vers un niveau plus général. Cet instrument est surtout efficace vis-à-vis les laboratoires de la 30, qui travaillent dans un domaine où n'existent pas de financements caritatifs. Cela explique sans doute que les équipes membres du GDR soient surtout des équipes 30, alors que des chercheurs relevant d'autres commissions participent à nos activités.

Chaque année, les crédits ont été distribués sur la base de demandes : le fait d'être une équipe constitutive du GDR n'assure pas d'un financement récurrent.

Plusieurs priorités ont été prises en compte :

1. collaborations entre équipes différentes sur un même projet,
2. mission d'étudiant dans un autre laboratoire que son laboratoire de thèse,
3. mission de visite entre chercheurs,
4. soutien spécifique, pour des équipes à aider temporairement à des moments critiques de changement de statut (Crouau-Roy à Purpan, Atlan déménageant à Rennes).

Les recherches de plusieurs des articles de la liste de publications ont bénéficié de l'aide du GDR 1928. Cependant, nous n'en avons pas fait la liste, estimant que le financement du GDR n'est intervenu que de façon minoritaire dans ces recherches, tandis que l'activité de réflexion permise par le GDR est intervenue (en principe) de manière plus importante pour l'ensemble des orientations de recherche des équipes concernées.

1.3.- Situation dans la communauté scientifique européenne

Des chercheurs étrangers francophones de Belgique et de Suisse ont rejoint le GDR dès sa première réunion. En particulier, l'équipe Excoffier de Genève (maintenant à Berne), l'un des leaders de la génétique des populations humaines en Europe, a activement participé à toutes nos réunions et a pris en charge l'organisation du *workshop* européen du GDR sur l'utilisation des *cDNA microarrays* en biologie évolutive. Cette équipe nous apporte beaucoup, et nous continuerons à l'inviter. L'équipe Vekemans, de Belgique, participera plus que jamais au GDR puisque Xavier Vekemans a été recruté comme professeur à Lille 1 (sous réserve de nomination).

Seul réseau de ce secteur en Europe, nous avons pris l'initiative de monter un réseau européen, lequel a émis une manifestation d'intérêt pour le 6^{ème} programme cadre (FP6). Ce projet intitulé « *Population genomics* » regroupe près de 180 chercheurs de 12 pays (45 équipes de recherche). Nous adjoignons le texte du projet en annexe. Plusieurs réunions sont prévues. Ce genre d'initiative a une faible probabilité d'aboutir, mais quelle qu'en soit l'issue, les contacts pris à cette occasion contribuent à insérer le GDR dans le contexte européen,.

1.4.- Situation du GDR 1928 dans la communauté scientifique française

Bien que regroupant surtout des équipes de la 30, le GDR 1928 est à l'interface des sections 30 (biodiversité) et 23 (génomique). C'est avant tout un outil d'animation de la recherche sur une question émergente : les mécanismes d'évolution du matériel génétique. Ces mécanismes comprennent:

1. la plasticité des taux de mutation, de recombinaison et de transposition,
2. les conflits intra-génomiques,
3. l'effet combiné de la sélection naturelle, de la dérive, et de l'histoire des populations sur la variabilité neutre et adaptative (ce qui implique leur étude à travers la recherche de la « signature moléculaire » des événements évolutifs passés),
4. l'incompatibilité entre génomes.

Ces préoccupations ne sont pas au cœur des thèmes des sections 23 et 30. Cependant, la biologie forme un réseau continu par-delà les découpages des systèmes de gestion et d'évaluation de la recherche. C'est pourquoi ces deux commissions avaient évalué positivement ce GDR pour sa création à l'automne 1998.

Depuis 1999, l'évolution des questions scientifiques a renforcé nos thèmes auprès des deux communautés. Nous en donnerons quelques exemples, sans prétendre à l'exhaustivité.

(a) Côté génome, les programmes de localisations des gènes se tournent de plus en plus vers l'information populationnelle. Par exemple, la caractérisation des facteurs impliqués dans les maladies multigéniques utilise aujourd'hui le déséquilibre de liaison entre marqueurs dans les populations. Le pedigree de familles est trop faible en information. Par contre, le

fractionnement des chromosomes par la recombinaison sur le long terme produit des haplotypes plus courts permettant d'utiliser un catalogue de sites polymorphes informatifs (SNPs) pour réduire la taille des régions candidates. L'utilisation de tels marqueurs est très sensible aux facteurs d'évolution génomiques: structuration et histoire des populations, taux de recombinaison local, fardeau mutationnel, balayages sélectifs. Ces facteurs n'empêcheront sans doute pas le succès d'une partie des programmes de génétique humaine en cours, mais ils seront utiles lorsque l'étude du génome devra gagner en précision. La "génomique des populations" pourrait intéresser à terme plusieurs commissions en ce domaine: 23, 27, 28.

(b) Côté biodiversité, l'avenir de nombreuses thématiques scientifiques dépendra de leur capacité à maîtriser les questions d'évolution moléculaire. Le problème n'est pas tant celui de l'acquisition de techniques nouvelles (que l'on arrive toujours à enseigner), que celui de l'interprétation de la culture moléculaire en termes pertinents en écologie. En effet, qu'on le veuille ou non, l'information génomique joue un rôle critique chez les êtres vivants. Sur de nombreux points, l'écologie fondamentale a besoin d'assimiler les connaissances sur les génomes, voire d'approfondir par elle-même des problèmes qui intéressent peu la biologie cellulaire et moléculaire : par exemple, nous ne savons toujours pas ce qui cause l'incompatibilité entre génomes d'espèces différentes. Par exemple encore, en biologie de la conservation, nous ne savons pas en quelle proportion le risque d'extinction des espèces menacées est accru par la consanguinité des individus : nous ignorons généralement quelle est la fréquence des mutations délétères au sein des génomes, et quel leur taux de renouvellement .

Cela n'est pas toujours perçu par la communauté "biodiversité", où certains voient dans le niveau structural des gènes des explications "réductionnistes", et préféreraient y voir une simple source de marqueurs des individus ou des populations, c'est-à-dire une réserve d'outils.

La « génomique des populations » a un problème de visibilité parce que le centre de gravité des communautés formalisées par les "sections" tend à capter l'attention et les crédits. Ainsi la 30 manque moins de crédits en biologie moléculaire aujourd'hui. Mais plutôt que d'attirer les écologues vers l'outil moléculaire, ces financements tendent à attirer les généticiens vers des thèmes appliqués à l'écologie. De ce fait, il perdent leur rôle pionnier de fondamentalistes en génétique, et la recherche en France est moins prompte que celle d'autres pays à remettre en cause la séparation entre biologie fonctionnelle et biologie de la diversité.

1.5.- Composition

De par la vocation des GDR, leur composition évolue. Notre GDR a essentiellement attiré de nouvelles équipes. A sa création en 1999, il était composé de huit équipes :

Chefs d'équipe	Ville (et déménagements)	Appartenance
Pierre Boursot	Montpellier (G&P)	30
Michel Raymond	Montpellier (ISEM)	30
Marie-Louise Cariou	Gif	30
Bernard Godelle	Orsay	30
C. Montchamp et A. Atlan	IJM	30
Brigitte Crouau-Roy	Purpan (Toulouse)	30
François Taddei	IJM	INSERM
Michel Veuille	Jussieu	30

En cours d'activité, le nombre d'équipes est passé de 8 à 18. Certaines l'ont rejoint en cours de mandat, d'autres à l'occasion de la présente demande de renouvellement. Comme pendant l'exercice précédent, le GDR ne sera pas un groupe cloisonné. Les équipes fondatrices sont le noyau stable du groupement, mais l'étude évolutive des génomes s'étend plus profondément

dans les communautés 23, 27 et 28. De même, la communauté 30 comprend de bons théoriciens de génétique des populations qui ne travaillent pas directement sur nos problématiques, mais que nous inviterons à nos réunions. Equipes demandeuses :

Chefs d'équipe	Ville (et déménagements)	Appartenance
Pierre Boursot	Montpellier (G&P)	30
Marie-Louise Cariou	Gif	30
C. Montchamp et A. Atlan	IJM	30
Brigitte Crouau-Roy	Toulouse	30
Michel Veuille	Jussieu	30
Heyer	Paris 7, MNHN	30
Excoffier	Berne	Suisse (équipe invitée)
Duret	Lyon	23
Christian Biéumont	Lyon	30
Luikart	Grenoble	30
Vekemans	Bruxelles	Recruté à Lille (30)
Bucheton	Montpellier (IGH)	23
Jarne	Montpellier (CEFE)	30
Lluis quintana-Murci	Lyon	30
A. Atlan et M. Aïnouche	Rennes	30
Catherine Laredo	Paris	INRA
Frédéric Hospital	Orsay	INRA
Frédéric Austerlitz	Bordeaux à Orsay	ENGREF à CNRS (30)

2. DEMANDE DE RENOUELEMENT 2003-2006

2.0.- Evolution du GDR

Pendant son premier exercice, le GDR 1928 se donnait pour tâche principale de jeter des ponts entre des équipes dispersées. Il s'était organisé autour de six opérations de recherche associant les équipes par binômes (tire de ces opérations : dynamique des conflits génétiques sur le sex-ratio, incompatibilité génomique et spéciation, évolution de la résistance aux xénobiotiques, évolution du système génétique des bactéries, évolution moléculaire des polymorphismes d'inversion, association gamétique et évolution des haplotypes).

Aujourd'hui, les équipes du GDR ont appris à travailler ensemble et à échanger des idées. Elles sont désormais assez organisées pour concentrer l'action du GDR sur trois initiatives de plus grande échelle et associant des équipes plus nombreuses. Si les équipes sont passées de huit à dix-huit, les thèmes de recherche proprement dite sont passés de six à trois. Sur les 5 thèmes présentés ci-dessous, trois sont en effet des opérations tournées vers la création de données. Le GDR consacra des crédits incitatifs à un travail d'amorçage encourageant les équipes à s'associer pour faire des demandes financières. Une aide initiale permettra de crédibiliser l'approche évolutive en génomique. Le quatrième thème est consacré au démarrage d'une recherche théorique et bioinformatique dans ce domaine en France. Le cinquième thème est la poursuite de notre initiative européenne dans le cadre FP6.

2.1.- Thème 1 : Composition et organisation des génomes (responsables : Duret, Biéumont, Jarne)

Les variations de composition et d'organisation des génomes résultent de diverses forces qui se sont exprimées au cours de l'évolution et continuent de s'exprimer dans les populations naturelles. Ces forces agissent sur la distribution et l'organisation des gènes mais aussi sur les multiples séquences qui les entourent et dont l'influence est loin d'être connue. Le séquençage des grands génomes eucaryotes a ainsi mis en lumière la faible proportion de gènes qui se trouvent dilués parmi un ensemble de séquences diverses dont de nombreuses séquences répétées. On sait que les grandes variations de tailles des génomes entre espèces et entre populations d'une même espèce dépendent de variations quantitatives de telles séquences. L'analyse des génomes doit ainsi non seulement s'intéresser aux gènes mais aussi aux séquences répétées, microsatellites, minisatellites, éléments transposables... qui déterminent une partie importante de la variabilité génétique. Deux grandes directions de recherches sont proposées:

* L'analyse des séquences des gènes (régions codantes et régulatrices) et de leur arrangement sur les chromosomes. *Via* l'analyse comparative de séquences homologues inter-espèces (substitutions) et intra-espèces (polymorphisme), notre objectif est de rechercher les traces laissées par la sélection naturelle. Ce travail implique d'étudier la variabilité le long du génome des paramètres qui affectent l'évolution des séquences (mutation, recombinaison, conversions géniques...).

* L'analyse des séquences répétées (microsatellites et minisatellites, éléments transposables), de leur fréquence et leur distribution le long des chromosomes, du choix des codons et d'autres caractéristiques de ces séquences (longueur, nombre de répétitions, taux local de recombinaison...) qui reflètent l'action de diverses forces sélectives ou non. Un point important de ces recherches sera la comparaison des forces en action sur les gènes avec celles en action sur les séquences répétées.

Ces deux grandes directions complémentaires de recherche seront associées à une analyse globale des génomes: composition en isochores, proportion des séquences répétées et leur impact sur la taille des génomes. Ces analyses impliqueront une approche de génomique comparative des espèces pour lesquelles les génomes sont séquencés, mais aussi une approche populationnelle des facteurs responsables des variations des génomes dans les populations. Enfin les variations génomiques seront mises en relation avec les facteurs de l'environnement de manière à faire le lien entre génomique et écologie des espèces.

2.2.- Thème 2 : Détection de la sélection dans les génomes modèles, polymorphisme de séquence. (responsables : Michel Veuille et Evelyne Heyer)

L'utilisation des polymorphismes naturels pour explorer les génomes, que ce soit dans un but fondamental, médical ou agronomique, a relancé les recherches en génétique des populations fondamentale. Il n'est pas facile de localiser précisément un gène impliqué dans un phénotype lorsqu'un génome comprend 30.000 locus : beaucoup de marqueurs coségrègent avec le gène recherché, et le taux de recombinaison par génération est trop faible pour l'isoler de son contexte génomique à l'échelle d'études familiales. Une solution repose sur des études de populations. Sur le long terme, la recombinaison fragmente le génome en ne laissant en place que de faibles associations de marqueurs autour d'un locus. A l'équilibre neutre mutation-dérive existe un déséquilibre de liaison rémanent dépendant de la taille efficace de la population et du taux de recombinaison local. C'est une consanguinité lointaine, par opposition à celle des études familiales. On pense aujourd'hui pouvoir localiser les

déterminants de maladies génétiques multifactorielles par ces marqueurs de voisinage qui permettraient de balisage du génome dans une perspective médicale, et d'impressionnants programmes d'étude de la répartition naturelle des haplotypes dans les chromosomes humains sont en cours. Il y a cependant des difficultés dues au fait que les populations naturelles ne sont pas un dispositif expérimental. Globalement, cinq autres facteurs ajoutent leurs effets sur la distribution prédite sous hypothèse neutre.

1. La « *background selection* » est un appauvrissement en marqueurs neutres dû à l'élimination des mutations délétères récurrentes. Il est inversement proportionnel au taux local de recombinaison. Il a été montré qu'il a une incidence importante chez la drosophile et chez l'homme.

2. Le « balayage sélectif » est la fixation de marqueurs neutres due à la fixation des mutations avantageuses voisines par effet d'« auto-stop » (*hitch-hiking*). Elle dépend du taux de recombinaison local et engendre de puissants déséquilibres de liaison.

3. Les aspects démographiques interviennent. L'histoire des populations se traduit par des fractionnements qui « structurent » les espèces en ensembles entre lesquels la limitation des migrations produit des associations alléliques locales. De plus, dans les espèces en expansion, les effets fondateurs dus aux invasions appauvrissent le polymorphisme des populations dérivées et y génèrent des associations alléliques nouvelles. C'est le cas dans les populations humaines suite à la « sortie d'Afrique » il y a environ 3.000 générations. Le mélange génétique (*admixture*) par fusion de populations antérieurement structurées crée lui aussi de forts déséquilibres de liaison. On en trouve notamment chez l'homme.

Ces phénomènes étaient étudiés depuis un certain temps par les drosophilistes lorsque les généticiens de l'homme s'y sont trouvés confrontés. C'est pourquoi on a vu des équipes associer les deux matériels. Le matériel drosophile comprend plusieurs avantages pour des études fondamentalistes (génétique bien connue, génome compact, taux de recombinaison dont les variations locales sont connues, polymorphisme - $H \sim 1/100$ bp - quinze fois supérieur à celui de l'homme - $H \sim 7/10.000$ bp-, structuration des populations connue). Ce système génétique complète utilement le système humain.

Le but de ce programme sera d'encourager la création de données à haut débit dans des génomes modèles (humain et drosophiles dans un premier temps, des études sur les ruminants sont également envisagées) pour étudier la combinaison des facteurs qui agissent sur les profils de variabilité nucléotidique. Après une étape de lancement, ces programmes devraient pouvoir trouver des financements par eux-mêmes, le GDR jouant le rôle d'échangeur des logiciels d'exploitation des données, de discussion des résultats, et de tremplin des collaborations.

2.3.- Thème 3 : Profils d'expression et plasticité / puces d'expression et évolution

(responsables : Malika Aïnouche et Laurent Excoffier)

Jusqu'à récemment, l'étude génétique des traits adaptatifs reposait sur deux méthodes principales. Une méthode très performante est la « dissection génétique » de fonctions données chez des organismes modèles, par mutagenèse expérimentale. Cette méthode est lente et ne peut s'appliquer qu'à un petit nombre de gènes. L'autre méthode est l'analyse statistique des traits à variation quantitative. Elle peut fournir une estimation générale de la variabilité génétique d'un trait dans une population, mais elle ne dit pas quel est le nombre de gènes impliqués, lesquels ils sont, ni quel est le niveau moyen ou particulier de contribution de chaque gène à la variation du trait étudié. Les résultats obtenus d'une population dans un environnement donné ne peuvent pas facilement être extrapolés à la même population dans un autre environnement, ou à une autre population dans le même environnement. L'étude du transcriptome par utilisation de puces d'expression permet désormais de procéder dans un

ordre logique allant des gènes à leurs produits d'expression, et de ceux-ci aux traits étudiés. Dans les systèmes modèles de la génomique, il est possible d'effectuer des études exhaustives dénombrant les gènes impliqués dans l'expression d'une fonction, d'étudier leurs changements d'expression dans des conditions expérimentales ou naturelles contrôlées, et d'enregistrer les variations entre individus.

Ce programme sera chargé de promouvoir l'utilisation de données d'expression à haut débit pour résoudre des questions évolutives particulières. Comme pour le programme précédent, il jouera le rôle de tremplin : il pourra accorder des financements d'amorçage pour des recherches en collaboration, puis, après une période de rodage, devra encourager et aider les équipes à obtenir des financements.

2.4.- Thème 4 : Aspects théoriques et bioinformatiques

(Responsable : Galtier)

L'analyse des données de la biodiversité génomique nécessite (i) la gestion de ces données, publiques ou nouvellement produites, et (ii) le développement, l'implémentation et l'application des méthodes et algorithmes appropriés. Historiquement, les recherches dans ce domaine méthodologique ont deux origines assez distinctes. La génétique des populations, en effet, inclut de manière traditionnelle une composante théorique forte dans le domaine de la modélisation des processus de l'évolution et de l'analyse des données de polymorphisme génétique. L'émergence des données de la génomique, plus récemment, a stimulé la collaboration entre biologistes et informaticiens pour une extraction optimale de l'information biologique contenue dans les séquences d'ADN. Les thématiques touchant à la biodiversité, et notamment l'évolution moléculaire, sont représentées dans cette communauté de bioinformaticiens.

Un intérêt important du GDR 1928 est de permettre la rencontre entre ces deux communautés autour d'un objectif commun, celui de la caractérisation des forces évolutives (mutation, sélection, dérive, recombinaison) qui structurent les génomes. Les outils mathématiques et statistiques discutés incluent la théorie de la coalescence, les modèles markoviens, l'estimation de paramètres, les tests de neutralité. La communauté française autour de ces thématiques est encore naissante mais dynamique. Plus que par des moyens d'équipement, c'est par l'animation scientifique que des progrès devraient être réalisés, et des interactions émerger dans les années à venir. L'organisation, en 2002, d'une session intitulée "Bioinformatique pour l'Analyse de la Diversité des Génomes" (soutenue par l'action "Informatique, Mathématique, et Physique pour la Génomique" du CNRS) au sein du Petit Pois Dérivé (la réunion annuelle du groupe Français de Biologie des Populations) est un premier pas dans la constitution de ce groupe de travail.

2.5.- Thème 5 : Réseau européen.

(responsable : Michel Veuille)

Voir en annexe le texte de l'EoI « population genomics » et la composition des équipes. Ces informations sont également disponibles sur le site web du réseau : <http://gdrevol.snv.jussieu.fr/pgmics.html>

3. COMPOSITION

Nous donnons ci-dessous la composition des équipes. Les équipes comprennent des chercheurs directement intéressés à l'activité du GDR. Les chefs d'équipe en sont les correspondants locaux. Ce ne sont pas forcément les responsables d'une structure CNRS

Equipe Atlan-Aïnouche

UMR CNRS 6553 Ecobio, Université de Rennes 1, Bât. 14, Campus Scientifique de Beaulieu. 35 042 Rennes Cedex (France). Tel : 02 23 23 51 11 Fax : 03 23 23 50 47 email : Malika.Ainouche@univ-rennes1.fr

AINOUCHE Malika	MCF – HDR
ATLAN Anne	CR CNRS
AINOUCHE Abdel-Kader	MCF
BALOCHE Sylvie	ITA
MISSET Marie-Thérèse	PR
TARAYRE Michèle	MCF

Equipe Austerlitz

Laboratoire de Génétique et Amélioration des Arbres Forestiers, Unité de Recherches Forestières UR 911 INRA, Domaine de l'Hermitage, Pierroton B.P. 45, 33611 Cestas cedex, tel : 05 57 12 28 19 (secretariat 05 57 12 28 43), fax : 05 57 12 28 81, email : austerli@pierroton.inra.fr

Frédéric Austerlitz, CR CNRS (admissible 2002)

Equipe Biémont

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, UMR 5558 CNRS - Université Claude Bernard, 43, Bd du 11 Novembre 1918, 69622 Villeurbanne cedex, Tél 04 72 44 62 97, Fax: 04 78 89 27 19, E-mail: duret@biomserv.univ-lyon1.fr

Biémont Christian	Directeur de Recherche, CNRS
Carante Jean Pierre	Maître de Conférence, IUT
Vieira Cristina	Maître de Conférence, Université
Lerat Emmanuelle	ATER
Bubenshchikova Ekaterina	Post-doc. Ministère de la Recherche
Lepetit David	IE CNRS
Nardon Christiane	IE CNRS

Equipe Boursot

Equipe "Génétique et Génomique Evolutive", UMR 5000 - "Génome, Populations, Interactions", Université Montpellier 2, Place E. Bataillon, 34095 Montpellier cedex 05, tel: +33 (0)4 67 14 46 86 , fax: +33 (0)4 67 14 45 54, Email: boursot@univ-montp2.fr

K. Belkhir	(IR)
F. Bonhomme	(DR)
P. Boursot	(DR)
P. Caminade	(T)
E. Desmarais	(IR)
B. Dod	(CR)
N. Galtier	(CR)
A. Orth	(AI)
Y. Pauplin	(CR)

Equipe Bucheton

Institut de génétique Humaine, CNRS, 141 rue de la Cardonille, 34396 Montpellier cedex 5, Tél. : 33 4 99 61 99 50, Fax : 33 4 99 61 99 27, E-mail : Alain.Bucheton@igh.cnrs.fr, Web :

<http://www.igh.cnrs.fr/equip/retrotransposition/>

Alain Bucheton DR CNRS

Isabelle Busseau	CR CNRS
Alain Péliçon	DR CNRS
Danielle Teninges	CR CNRS
Christophe Terzian	CR CNRS
Maryvonne Mével-Ninio	CR CNRS
Christine Brun	ITA CNRS
Geneviève Payen	ITA CNRS

Equipe Duret

Même adresse que l'équipe Biéumont

Laurent Duret	CR
Dominique Mouchiroud	PR
Manolo Gouy	DR
Christian Gautier	PR

Equipe Cariou

Laboratoire Populations, Génétique et Evolution – UPR 9034, CNRS, Avenue de la Terrasse, 91198 Gif-sur-Yvette cedex. Tel : 01 69 82 37 10 Fax : 01 69 07 04 21 e-mail : cariou@pge.cnrs-gif.fr

Marie-Louise CARIOU	DR CNRS
Cath. MONTCHAMP-MOREAU	CR CNRS
Dominique JOLY	CR CNRS
Frédérique MACZKOWIAK	IE
David OGEREAU	AI
Béatrice DEJONGHE	T

Equipe Crouau-Roy

UMR 5576, 118 Route de Narbonne- Bat IVR3, 31062 Toulouse cédex 4, Tél : 05 61 55 62 59 ; Fax 05 61 55 60 96 ; Email : bcrouau@cict.fr.

Brigitte Crouau-Roy	PR UPS Toulouse
Alexandre Riberon	MC UPS
Lounas Chikhi	CR1 CNRS (admissible 2002)
Frederic Magne	AJTP UPS

Equipe Jarne

CEFE – CNRS, 1919 route de Mende, 34293 Montpellier cedex 5, tél 33 (0)4 67 61 32 27, fax 33 (0)4 67 41 21 38, jarne@cefe.cnrs-mop.fr

Patrice DAVID	Maître de Conférences Montpellier II
Thomas LENORMAND	Chargé de Recherche 2 CNRS
Philippe JARNE	Directeur de Recherche 2 CNRS
Violette SARDA	ITA
Patricia SOURROUILLE	ITA

Equipe Heyer

Université Paris VII, Lab Anthropologie Biologique – FRE 2292, Musée de l'Homme, 17 pl du Trocadéro, 75016 Paris. tel : 01 44 05 72 52 fax : 01 44 05 72 41 email : eheyer@mnhn.fr

Evelyne Heyer	PR Paris 7
Bruno Toupance	MCF Paris 7

Equipe Hospital

Station de Génétique Végétale, INRA / Université Paris-Sud / INA PG, Ferme du Moulon, 91190 Gif-sur-Yvette, France. Tel : 0169332336, fax: 0169332340, e-mail: fred@moulon.inra.fr, web : <http://moulon.inra.fr>

HOSPITAL Frédéric	CR1 INRA
-------------------	----------

DILLMANN Christine
de VIENNE Dominique
DECOUX Guy

MC INA PG
Prof. UPSud
IE INRA

Equipe Laredo

Laboratoire de Probabilités et Modèles Aléatoires, UMR 7599 CNRS-Universités ParisVI- Paris VII, Site Chevaleret, 16 rue de Clisson 75013 PARIS

Catherine Larédo

DR2 INRA

Equipe Luikart

Laboratoire de Biologie des Populations d'Altitude, UMR-CNRS 5553, Université J. Fourier, BP53, 38041 Grenoble Cedex 9, tel: 04 76 51 42 78, fax: 04 76 51 42 79, <http://www.ujf-grenoble.fr/LBPA/>

Luikart Gordon

CR1 CNRS

Taberlet Pierre

DR2 CNRS

Després Laurence

MCF UJF

Blanc-Manel Stéphanie

MCF UJF

Pompanon François

MCF UJF

Gielly Ludovic

ITA UJF

Equipe Quintana-Murci

Dynamique du Langage UMR 5596, Institut des Sciences de l'Homme, Lyon

Lluis QUINTANA-MURCI

CR1 CNRS

Equipe Vekemans-Touzet

Laboratoire de Génétique et Ecologie Végétales, Université Libre de Bruxelles, Chaussée de Wavre 1850, B-1160 Bruxelles, Belgique, Tel. 32 2 650 9166, Fax 32 2 650 9170, e-mail xvekema@ulb.ac.be, Web : <http://www.ulb.ac.be/sciences/lagev/>

Prévu: Génétique et Evolution des Populations Végétales, UPRESA-CNRS 8016, FR CNRS 1818, Bâtiment SN2, Université Lille 1, 59650 Villeneuve d'Ascq Cedex, Téléphone : 03.20.43.40.24, Fax : 03.20.43.69.79, Mail : Pascal.Touzet@univ-lille1.fr, Page web: <http://www.univ-lille1.fr/gepv>

Xavier Vekemans

Professeur (sous réserve de nomination à Lille)

Olivier Hardy

Chercheur postdoctoral

Pascal Touzet

MCF Lille

Equipe Veuille

Laboratoire d'Ecologie Cc237, Université Paris-6, 7 quai saint Bernard, 75252 Paris cedex 05. Tel 01 44 27 26 31, fax 01 44 27 35 16, mveuille@snv.jussieu.fr

Michel Veuille

PR EPHE

Frantz Depaulis

CR CNRS

Emmanuelle Baudry

ATER EPHE

Lionel Brazier

IE CNRS

Barbara Viginier

IE EPHE

ANNEXE 1 : Publications

Production des équipes dans des revues à comité de lecture pendant la période 1999-2001, pour des travaux proches des thèmes du GDR.

Equipe Atlan-Ainouche

- Atlan A., C. Capillon, D. Couvet, N. Derome, C. Montchamp-Moreau 2002. The evolution of autosomal suppressors of sex-ratio drive in *Drosophila simulans*. *Genetica* (in press).
- Baumel A., Ainouche M., Bayer R.J., Ainouche A., Misset M-T. 2002- Molecular Phylogeny of hybridizing species from the genus *Spartina Schreb.*(Poaceae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 22 (2):304-314 .
- Baumel A., Ainouche M., R. Kalendar, A. Schulman 2002- Retrotransposons and genomic stability in populations of the young allopolyploid species *Spartina anglica* C.E. Hubbard (Poaceae). *Molecular Biology and Evolution* (sous presse).
- Capillon C. and A. Atlan. 1999. Evolution of driving X chromosomes and resistance factors in experimental populations of *Drosophila simulans*. *Evolution* 53(2) 506-517.
- Montchamp-Moreau, C., V. Ginhoux, and A. Atlan. 2001. The Y chromosomes of *Drosophila simulans* are highly polymorphic for their ability to suppress *sex-ratio* drive. *Evolution* 55 (4), 728-737.
- Gigord, L., Lavigne C., Shykoff, J.A. and A. Atlan. 1999. Evidence for effects of restorer genes on male and female reproductive functions of hermaphrodites in the gynodioecious species *Thymus vulgaris* L. *Journal of Evolutionary Biology*, 12(3): 596-604.
- Montchamp-Moreau, C., V. Ginhoux, and A. Atlan. 2001. The Y chromosomes of *Drosophila simulans* are highly polymorphic for their ability to suppress *sex-ratio* drive. *Evolution* 55 (4), 728-737.
- Elamrani A., L. Marie, A. Ainouche, J. Nicolas, I. Couée. 2002 Genome-wide distribution and potential regulatory functions of *AtATE*, a novel miniature inverted-repeat transposable element (MITE) that is present in the promoter region of one of the *ARGININE DECARBOXYLASE* genes in *Arabidopsis thaliana*, *Mol. Gen. Genet.* (in press).
- Zaka R., Chenal C., Misset M.T. 2002 Study of external low irradiation dose effects on induction of chromosome aberrations in *Pisum sativum* root tip meristem. *Mutation Research-genetic toxicol. and environ.* (in press)
- Thompson J.D. and M. Tarayre, 2000. Exploring the genetic basis and proximate causes of female fertility advantage in gynodioecious *Thymus vulgaris*. *Evolution* 54 (5) : 1510-1520.

Equipe Austerlitz

- Austerlitz F. et Heyer E. (1999) Impact of demographic distribution and population growth rate on haplotypic diversity linked to a disease gene and their consequences for the estimation of recombination rate: example of a French Canadian population. *Genetic Epidemiology* 16: 2-14
- Klein E. K., Austerlitz F. et Larédo C. (1999) Some statistical improvements for estimating population size and mutation rate from segregating sites in DNA sequences. *Theoretical Population Biology* 55: 235-247.
- Austerlitz F., Mariette S., Machon N., Gouyon P.-H. et Godelle B. (2000) Effects of colonization processes on genetic diversity: differences between annual plants and tree species. *Genetics* 154: 1309-1321.
- Austerlitz F. et Heyer E. (2000) Allelic association is increased by correlation of effective family size. *European Journal of Human Genetics* 8: 980-985.
- Austerlitz F. et Smouse P. E. (2001) Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. II. Relation between σ_{ft} , pollen dispersal and inter-females distance. *Genetics* 157: 851-857.
- Austerlitz F. et Smouse P. E. (2001) Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. III. Impact of adult population structure. *Genetical Research* 78: 271-280.
- Hunter M., Heyer E., Austerlitz F., Angelicheva D., Nedkova V., Briones P., Gata A., de Rosario P., László A., Bosshard N., Gitzelmann R., Tordai A., Kalmar L., Szalai C., Balogh I., Lupu C., Corches A., Popa G., Perez-Lezaun A. et Kalaydjieva L. V. The P28T mutation in the *GALK1* gene accounts for galactokinase deficiency in Roma (Gypsy) patients across Europe. *Pediatric Research* (sous presse)
- Ferdy J.-B et Austerlitz F. Extinction and introgression in a community of partially cross-fertile plant species. *American Naturalist* (sous presse).
- Austerlitz F. et Smouse P. E. Two-generation analysis of pollen flow across a landscape. IV. Estimating the dispersal parameter. *Genetics* (sous presse).

Equipe Boursot

- Dawson, K., and K. Belkhir. 2001. A Bayesian approach to the identification of panmictic populations and the assignment of individuals. *Genetical Research, Cambridge* 78:59-77.

- Duret, L., and N. Galtier. 2000. The covariation between TpA deficiency, CpG deficiency, and G+C content of human isochores is due to a mathematical artifact. *Molecular Biology and Evolution* 17:1620-1625.
- Galtier, N. 2001. Maximum likelihood phylogenetic analysis under a covarion-like model. *Molecular Biology and Evolution* 18:866-873.
- Galtier, N., and P. Boursot. 2000. A new method for locating changes in a tree reveals distinct nucleotide polymorphism vs. divergence patterns in mouse mitochondrial control region. *Journal of Molecular Evolution* 50:224-231.
- Galtier, N., F. Depaulis, and N. H. Barton. 2000. Detecting bottlenecks and selective sweeps from DNA sequence polymorphism. *Genetics* 155:981-987.
- Galtier, N., G. Piganeau, D. Mouchiroud, and L. Duret. 2001. GC-content evolution in mammalian genomes: the biased gene conversion hypothesis. *Genetics* 159:907-911.
- Garza, C., and E. Desmarais. 2000. Derivation of a simple microsatellite locus from a compound ancestor in the genus *Mus*. *Mammalian Genome* 11:1117-1122.
- Hemberger, M., H. Kurz, A. Orth, S. Otto, A. Luttgies, R. Elliott, A. Nagy, S.-S. Tan, P. Tam, U. Zechner, and R. H. Fundele. 2001. Genetic and developmental analysis of X-inactivation in interspecific hybrid mice suggests a role for the Y chromosome in placental dysplasia. *Genetics* 157:341-348.
- Hemberger, M. C., R. S. Pearsall, U. Zechner, A. Orth, S. Otto, F. Ruschendorf, R. Fundele, and R. Elliott. 1999. Genetic Dissection of X-Linked Interspecific Hybrid Placental Dysplasia in Congenic Mouse Strains. *Genetics* 153:383-348.
- Karn, R. C., A. Orth, F. Bonhomme, and P. Boursot. 2002. The Complex History of a Gene Proposed to Participate in a Sexual Isolation Mechanism in House Mice. *Molecular Biology and Evolution* 19:462-471.
- Pauplin, Y. 2000. Direct calculation of a tree length using a distance matrix. *Journal of Molecular Evolution* 51:41-47.
- Raufaste, N., and F. Bonhomme. 2000. Properties of bias and variance of two multiallelic estimators of F_{st} . *Theoretical Population Biology* 57:285-96.
- Roemer, I., F. Grützner, H. Winking, T. Haaf, A. Orth, L. Skidmore, D. Antczak, and R. Fundele. 1999. Genome evolution: global methylation in eutherian hybrids. *Nature* 401:131-132.

Equipe Bucheton

- Benos P.,..., Brun C., ..., Bucheton A.... and Glover D.M. (47 authors) (2000). From sequence to chromosome: the tip of the X chromosome of *D. melanogaster*. *Science* 287, 2220-2222.
- Benos P.,..., Brun C., ..., Bucheton A.... and Glover D.M. (47 authors) (2001). The sequence of the tip of the X chromosome of *Drosophila melanogaster*, a comparison of two sequencing strategies. *Genome Res.* 11, 710-730.
- Berezikov E., Bucheton A. and Busseau I. (2000). A search for reverse transcriptase-coding sequences reveals new non-LTR retrotransposons in the genome of *Drosophila melanogaster*. *Genome Biology* 1, 0011.1-0011.15.
- Busseau I., Berezikov E. and Bucheton A. (2001). Identification of *Waldo-A* and *waldo-B*, two closely related non-LTR retrotransposons in *Drosophila*. *Mol. Biol. Evol.* 18, 196-205.
- Chaboissier M.-C., Finnegan D.J. and Bucheton A. (2000). Retrotransposition of the I factor, a non-long terminal repeat retrotransposon of *Drosophila*, generates tandem repeats at the 3' end. *Nucl. Acids Res.* 28, 2467-2472.
- Chalvet F., Teyssset L., Terzian C., Prud'homme N., Santamaria P., Bucheton A. and Péliisson A. (1999). Proviral amplification of the Gypsy endogenous retrovirus of *Drosophila melanogaster* involves env-independent invasion of the female germline. *EMBO J.* 18, 2659-2669.
- Chambeyron S., Bucheton A. and Busseau I. (2002). Tandem UAA repeats at the 3' end of the transcript are essential for the initiation of reverse transcription of the I factor in *Drosophila melanogaster*. *J. Biol. Chem.* (in press).
- Laprevotte I., Pupin M., Coward E., Didier G., Terzian C., Devauchelle C. and Henaut A. (2001). HIV-1 and HIV-2 LTR nucleotide sequences: assessment of the alignment by N-block presentation, "retroviral signatures" of overrepeated oligonucleotides, and a probable important role of scrambled stepwise duplications/deletions in molecular evolution. *Mol. Biol. Evol.* 18, 1231-1245.
- Malinsky S., Bucheton A. and Busseau I. (2000). New insights on homology-dependent silencing of I factor activity by transgenes containing ORF1 in *Drosophila melanogaster*. *Genetics* 156, 1147-1155.
- Mejlumian L., Péliisson A., Bucheton A. and Terzian C. (2002). Comparative and functional studies of *Drosophila* species invasion by the gypsy endogenous retrovirus. *Genetics* 160, 201-209.
- Peter A., ..., Brun C., ..., Bucheton A.... and Schäfer U. (47 authors) (2002). Mapping and identification of essential gene functions on the X chromosome of *Drosophila*. *EMBO reports* 3, 34-38.

- Pélicissier T., Tatout C., Lavigne J.-M., Busseau I., Bucheton A. and Deragon J.-M. (2002). Utilization of the *IR* hybrid dysgenesis system in *Drosophila* to test *in vivo* mobilization of synthetic SINEs sharing 3' homology with *I* factor. *Gene* 285, 239-245.
- Pélicisson A., Mejlumian L., Robert V., Terzian C. and Bucheton A. (2002). *Drosophila* germline invasion by the endogenous retrovirus gypsy: involvement of the viral env gene? *Insect Biochem. Mol. Biol.* (in press).
- Robert V., Prud'homme N., Kim A., Bucheton A. and Pélicisson A. (2001). Characterization of the *flamenco* region of the *Drosophila melanogaster* genome. *Genetics* 158, 701-713.
- Seleme M.C., Busseau I., Malinsky S., Bucheton A. and Teninges D. (1999). High-frequency retrotransposition of a marked *I* factor in *D. melanogaster* correlates with a dynamic expression pattern of the ORF1 protein in the cytoplasm of oocytes. *Genetics* 151, 761-771.
- Terzian C., Ferraz C., Demaille J. and Bucheton A. (2000). Evolution of the Gypsy endogenous retrovirus in the *Drosophila melanogaster* subgroup. *Mol. Biol. Evol.*, 17, 908-914.

Equipe Cariou

- Cariou, M.L., Silvain, J.F., Daubin, V., Da Lage, J.L., Lachaise, D. 2001. Divergence between *Drosophila santomea* and allopatric or sympatric populations of *D. yakuba* using paralogous amylase genes and migration scenarios along the Cameroon volcanic line. *Mol. Ecol.*, 10, 649-660.
- Cazemajor M., Joly D., Montchamp-Moreau C., 2000. Sex-ratio meiotic drive in *Drosophila simulans* is related to equational nondisjunction of the Y chromosome. *Genetics* 154 :229-236.
- Cazemajor M., D. Joly, and C. Montchamp-Moreau, 2000 Sex-ratio meiotic drive in *Drosophila simulans* is related to equational nondisjunction of the Y chromosome. *Genetics* 154 :229-236.
- Da Lage J.L., Renard E., Chartois F., Lemeunier F., Cariou M.-L. *Amyrel*, a divergent amylase related gene in *Drosophila melanogaster* and the *Sophophora* subgenus. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 1998, 95, 6848-6853.
- Da Lage, J.L., Maczkowiack, Cariou, M.L. 2000. Molecular characterization and evolution of the amylase multigene family of *Drosophila ananassae*. *Journal of Molecular Evolution*, 51,391-403.
- Jutier, D., N. Derome and C. Montchamp-Moreau, 2002 The sex-ratio trait and its evolution in *Drosophila simulans*. *Genetica*, in press
- Lachaise D., Harry M., Solignac M., Lemeunier F., Benassi V., M.L. Cariou.. 2000. Evolutionary novelties in islands: *Drosophila santomea*, a new *melanogaster* sister species from Sao Tome. *Proc. R. Soc. Lond. B.*, 267, 1485-1495
- Méry, F., Joly, D., 2002, Multiple mating, sperm transfer and oviposition pattern in the giant sperm species, *Drosophila bifurca*, *J. Evol. Biol.* 15:49-56.
- Montchamp-Moreau C. and Cazemajor M., 2002. Sex-ratio drive in *Drosophila simulans*: Variation in segregation ratio of X chromosomes from a natural population. *Genetics*, in press.
- Montchamp-Moreau C., V. Ginhoux and A. Atlan, 2001 The Y chromosomes of *Drosophila simulans* are highly polymorphic for their ability to suppress sex-ratio drive. *Evolution* 55: 728-737.
- Morton, R.A., Choudhary, M., Cariou, M.L., R. Singh. 2002. A reanalysis of allozyme variation in *Drosophila melanogaster*, *D. simulans*, *D. sechellia* and *D. mauritiana* : effects of population size and selection.. *Genetica* in press
- Poinsot D., C. Montchamp-Moreau and H. Merçot, 2000 Wolbachia segregation in *Drosophila simulans* naturally bi-infected cytoplasmic lineages. *Heredity* 85:191-198.
- Zhang Z., Inomata, N., Ohba T., Cariou, M.L., T. Yamazaki 2002. Codon bias differentiates between the duplicated *Amylase* loci following gene duplication in *Drosophila*. *Genetics*, in press

Equipe Crouau-Roy

- Crouau-Roy B. 1999. Trans-speciation maintenance in MHC region of a polymorphism which includes a polymorphic dinucleotide locus and a *de novo* arisal of a polymorphic tetranucleotide microsatellite. *Tissue Antigens* 54 : 560-564.
- Bickham, J.W., Sandhu, S., Hebert, P.D.N., Chikhi, L., Anthwal, R. (2000). Effects of chemical contaminants on genetic diversity in natural populations: implications for biomonitoring and ecotoxicology. *Reviews in Mutation Research*, 463: 33-51
- Clisson I., Lathuillere M. and Crouau-Roy B. 2000. Conservation and evolution of microsatellite loci in primate taxa. *American Journal of Primatology* 50 : 205-214.
- Crouau-Roy B., and Clisson I. 2000. Evolution of an Alu element of type Sx in the lineage of primates and the origin on an associated tetranucleotide microsatellite. *Genome* 43 : 642-648.
- Chikhi, L., Brudford M.W. Beaumont M.A. (2001). Estimating admixture : a likelihood-based method using Markov chain Monte Carlo. *Genetics*, 158 : 1347-62.

- Grimaldi M.C., Crouau-Roy B., Amoros J.P., Cambon-Thomsen A. 2001. West Mediterranean islands (Corsica, Balears, Sardinia) and Basque population : contribution of HLA class I molecular markers. *Tissue Antigens*. 58 :281-292
- Langella, O., Chikhi, L., Beaumont M.A. (2001). LEA (Likelihood-based estimation of admixture) : a program to simultaneously estimate admixture and the time since admixture. *Molecular Ecology Notes*.1(4) : 357-358.
- Ribéron A., Miaud C., Grossenbacher K. and Taberlet P. 2001. Phylogeography of the Alpine salamander, *Salamandra atra* (Salamandridae), and the influence of the Pleistocene climatic oscillations on populations divergence. *Molecular Ecology* 10 : 2555-2560.
- Lathuillere M., Menard M, and Crouau-Roy B.. 2002. Testing the reliability of non-invasive genetic sampling by comparing analyses of blood and faecal samples in Barbary macaques (*macaca sylvanus*). *Am J of Primatol* 55 (3) :151-158.
- Crouau-Roy B, Clayton J 2002. Testing two possible mechanisms for gametic association in human : frozen haplotypes and segregation distortion. *Genetica* 114 : 17-23
- Dugoujon J.M., Sanchez-Mazas, Mourrieras B., Crouau-Roy B. and Hazout S. 2002. GM haplotype diversity for 82 populations over the world. Relationships between genetics, geography and human peopling history. *American Journal of Physical Anthropology* (accepté).
- Grimaldi M.C., Crouau-Roy B., Contu L. and Amoros J.P. 2002. Molecular variation of the HLA class I genes in the Corsican population : approach to their origin. *European J. Immunogenet* (sous presse).
- Pena J.A., Calderon R., Perez-Miranda A., Vidales C., Dugoujon J.M., Carrion Y and Crouau-Roy B. 2001. Microsatellite DNA markers from HLA region (D6S105, D6S265 and TNFa) in autochthonous Basques from northern Navarre (Spain). *Annals of Human Biology* 29 (2) : 176-196.
- Goldstein, D.B., Chikhi, L. (2002). Human migrations and population structure : what we know and why it matters. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*.

Equipe Duret

- Chureau C., Prissette M., Bourdet A., Barbe V., Cattolico L., Jones L., Eggen A., Avner P. Duret L. (2002) Comparative sequence analysis of the X-inactivation centre region in mouse, human and bovine. *Genome Res*. 12:894-908
- Piganeau G., Mouchiroud D., Duret L. Gautier C. (2002) Expected Relationship Between the Silent Substitution Rate and the GC Content: Implications for the Evolution of Isochores. *J. Mol. Evol.* 54:129-33.
- Ponger L. Mouchiroud D. (2002) CpGProD: identifying CpG islands associated with transcription start sites in large genomic mammalian sequences. *Bioinformatics* 18:631-63.
- Rizzon C., Marais G., Gouy M. Biemont C. (2002) Recombination rate and the distribution of transposable elements in the *Drosophila melanogaster* genome. *Genome. Res.* 12:400-47.
- Aouacheria A., Arnaud E., Venet S., Lalle P., Gouy M., Rigal D. Gillet G. (2001) Nrh, a human homologue of Nr-13 associates with Bcl-Xs and is an inhibitor of apoptosis. *Oncogene* 20:5846-555.
- Duret L. (2001) Why do genes have introns? Recombination might add a new piece to the puzzle. *Trends. Genet.* 17:172-175.
- Duret L. Hurst L.D. (2001) The Elevated GC Content at Exonic Third Sites Is Not Evidence Against Neutralist Models of Isochore Evolution. *Mol. Biol. Evol.* 18:757-62.
- Frendo P., Jimenez M.J., Mathieu C., Duret L., Gallesi D., Van de Sype G., Herouart D. Puppo A. (2001) A *Medicago truncatula* Homogluthathione Synthetase Is Derived from Glutathione Synthetase by Gene Duplication. *Plant. Physiol.* 126:1706-115.
- Galtier N., Piganeau G., Mouchiroud D. Duret L. (2001) GC-content evolution in mammalian genomes: the biased gene conversion hypothesis. *Genetics* 159:907-11.
- Hughes S. Mouchiroud D. (2001) High evolutionary rates in nuclear genes of squamates. *J. Mol. Evol.* 53:70-6.
- Katinka M.D., Duprat S., Cornillot E., Metenier G., Thomarat F., Prensier G., Barbe V., Peyretaillade E., Brottier P., Wincker P., Delbac F., El Alaoui H., Peyret P., Saurin W., Gouy M., Weissenbach J. Vivares C.P. (2001) Genome sequence and gene compaction of the eukaryote parasite *Encephalitozoon cuniculi*. *Nature* 414:450-43.
- Le Roux F., Lorenzo G., Peyret P., Audemard C., Figueras A., Vivares C., Gouy M. Berthe F. (2001) Molecular evidence for the existence of two species of *Marteilia* in Europe. *J. Eukaryot. Microbiol.* 48:449-54.
- Marais G. Duret L. (2001) Synonymous codon usage, accuracy of translation, and gene length in *Caenorhabditis elegans*. *J. Mol. Evol.* 52:275-80.
- Marais G., Mouchiroud D. Duret L. (2001) Does recombination improve selection on codon usage? Lessons from nematode and fly complete genomes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98:5688-592.
- Pierrugues O., Brutesco C., Oshiro J., Gouy M., Deveaux Y., Carman G.M., Thuriaux P. Kazmaier M. (2001) Lipid phosphate phosphatases in Arabidopsis. Regulation of the AtLPP1 gene in response to stress. *J. Biol. Chem.* 276:20300-2038.

- Ponger L., Duret L. Mouchiroud D. (2001) Determinants of CpG islands: expression in early embryo and isochore structure. *Genome Res.* 11:1854-1860
- Berthe F.C., Le Roux F., Peyretailade E., Peyret P., Rodriguez D., Gouy M. Vivares C.P. (2000) Phylogenetic analysis of the small subunit ribosomal RNA of *Marteilia refringens* validates the existence of phylum Paramyxea (Desportes and Perkins, 1990). *J. Eukaryot. Microbiol.* 47:288-93.
- Birot A., Duret L., Bartholin L., Santalucia B., Tigaud I., Magaud J. Rouault J. (2000) Identification and molecular analysis of BANP. *Gene* 253:189-96.
- Duret L. (2000) tRNA gene number and codon usage in the *C. elegans* genome are co-adapted for optimal translation of highly expressed genes. *Trends. Genet.* 16:287-29.
- Duret L. Galtier N. (2000) The covariation between TpA deficiency, CpG deficiency, and G+C content of human isochores is due to a mathematical artifact. *Mol. Biol. Evol.* 17:1620-165.
- Duret L., Marais G. Biemont C. (2000) Transposons but not retrotransposons are located preferentially in regions of high recombination rate in *Caenorhabditis elegans*. *Genetics* 156:1661-169.
- Duret L. Mouchiroud D. (2000) Determinants of substitution rates in mammalian genes: expression pattern affects selection intensity but not mutation rate. *Mol. Biol. Evol.* 17:68-74
- Goncalves I., Duret L. Mouchiroud D. (2000) Nature and Structure of Human Genes that Generate Retropseudogenes. *Genome Res.* 10:672-678
- Ott C., Duret L., Chemin I., Trepo C., Mandrand B. Komurian-Pradel F. (2000) Use of a TT virus ORF1 recombinant protein to detect anti-TT virus antibodies in human sera. *J. Gen. Virol.* 81:2949-2958
- Perriere G., Duret L. Gouy M. (2000) HOBACGEN: database system for comparative genomics in bacteria. *Genome. Res.* 10:379-385
- Robinson-Rechavi M., Ponger L. Mouchiroud D. (2000) Nuclear gene LCAT supports rodent monophyly. *Mol. Biol. Evol.* 17:1410-142.
- Voisset C., Bouton O., Bedin F., Duret L., Mandrand B., Mallet F. Paranhos-Baccala G. (2000) Chromosomal distribution and coding capacity of the human endogenous retrovirus HERV-W family. *AIDS Res. Hum. Retroviruses* 16:731-740
- Blond J.L., Beseme F., Duret L., Bouton O., Bedin F., Perron H., Mandrand B. Mallet F. (1999) Molecular characterization and placental expression of HERV-W, a new human endogenous retrovirus family. *J. Virol.* 73:1175-1185
- Charles H., Mouchiroud D., Lobry J., Goncalves I. Rahbe Y. (1999) Gene size reduction in the bacterial aphid endosymbiont, *Buchnera*. *Mol. Biol. Evol.* 16:1820-182.
- Duret L. Mouchiroud D. (1999) Expression pattern and, surprisingly, gene length shape codon usage in *Caenorhabditis*, *Drosophila*, and *Arabidopsis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96:4482-4487
- Galtier N., Tourasse N. Gouy M. (1999) A nonhyperthermophilic common ancestor to extant life forms. *Science* 283:220-221
- Goncalves I., Robinson M., Perrière G. Mouchiroud D. (1999) JaDIS: computing distances between nucleic acid sequences. *Bioinformatics* 15:424-425
- Hughes S., Zelus D. Mouchiroud D. (1999) Warm-blooded isochore structure in Nile crocodile and turtle. *Mol. Biol. Evol.* 16:1521-157.
- Rouault J.P., Kuwabara P.E., Sinilnikova O.M., Duret L., Thierry-Mieg D. Billaud M. (1999) Regulation of dauer larva development in *Caenorhabditis elegans* by *daf-18*, a homologue of the tumour suppressor PTEN. *Curr. Biol.* 9:329-332
- Tourasse N.J. Gouy M. (1999) Accounting for evolutionary rate variation among sequence sites consistently changes universal phylogenies deduced from rRNA and protein-coding genes. *Mol. Phylogenet. Evol.* 13:159-68.
- Wheelan S.J., Boguski M.S., Duret L. Makalowski W. (1999) Human and nematode orthologs - lessons from the analysis of 1800 human genes and the proteome of *Caenorhabditis elegans*. *Gene* 238:163-170

Equipe Heyer

- Gagnon A., Toupance B, 2002 – « Testing isonymy with paternal and maternal lineages in the early Québec population : the impact of polyphyletism and demographic differentials ». *American Journal of Physical Anthropology*, 117 : 334-341.
- Gagnon A. et Heyer E., 2001 – Fragmentation of Quebec's Genetic Pool (Canada) : Evidences from the Genetic Contribution of founders per region in 17th and 18th centuries. *American Journal of Physical Anthropology*, 114 : 30 – 41
- Gagnon A. et Heyer E., 2001 – Intergenerational correlation of effective family size in early Québec (1608-1800). *American Journal of Human Biology*, 13: 645 – 659.
- Austerlitz F., Heyer E., 1999 - Impact of Demographic Distribution and Population Growth Rate on Haplotypic Diversity Linked to a Disease Gene and Their Consequences for the Estimation of Recombination Rate : Example of a French Canadian Population. *Genetic Epidemiology*, 16(1) : 2-14.

- Heyer E., 1999 - One founder-one gene hypothesis in a new expanding population. The case of the Saguenay (Quebec, Canada). *Human Biology*, 71(1) : 99-109.
- Vezina H., Heyer E., Fortier I., Ouellette G., Robitaille Y., Gauvreau D., 1999 - A genealogical study of Alzheimer disease in Saguenay, Quebec. *Genetic Epidemiology*. 16 (4) : 412-425.
- Jobling M.A., Heyer E., Dieltjes P. and de Knijff P., 1999 – Y-chromosome-specific microsatellite mutation rates re-examined using minisatellite, MSY1. *Human Molecular Genetics*, 8(11) : 2117-2120.
- Austerlitz F., Heyer E., 2000 - Linkage disequilibrium depends on sociodemographic factors. *European Journal of Human Genetics*, décembre, 8 (12) : 980-985.
- Tremblay M., Gagnon N., Heyer E., 2000 – A genealogical analysis of two Eastern Quebec populations. *Canadian Studies in Population*, 27 – 2 : 307–327.
- Heyer E., Ewa Zietkiewicz E., Rochowski A., Yotova V., Puymirat J. and Labuda D (2001) Phylogenetic and familial estimates of mitochondrial substitution rates: study of control region mutations in deep rooting pedigrees. *American Journal of Human Genetics*, 69: 1113-1126.
- Quintana-Murci L., Krausz C., Heyer E., Gromoll J., Seifer I., Barton D., Skakkebaek N.E., Mitchell M., C. Lee A., Jobling M.A., McElreavey K., 2001 – The relationship between Y chromosome DNA haplotypes and Y chromosome deletions leading to male infertility. *Human genetics*, Janvier, 108 (1) : 55-58.
- Hunter M., Heyer E., Austerlitz F., Angelicheva D., Briones P., Tordai A., László A., Bosshard N., Gitzelmann R., Lupu C., Corches A., Popa G., Kalaydjieva L., 2002 - The P28T mutation in the GK1 gene accounts for galactokinase deficiency in Roma (Gypsy) patients across Europe. *Pediatric Research*, 51 (sous presse)
- Le Thierry d'Ennequin M., Toupance B., Robert T., Godelle B. et Gouyon Ph., 1999 – Plant domestication : a model for studying the selection of linkage. *Journal of Evolutionary Biology*, 12 : 1138-1147. (Les deux premiers auteurs ont contribué également au travail).
- Tenaillon O., Toupance B., Le Nagard H., Taddei F. et Godelle B., 1999 – Mutators, population size, adaptive landscape, and the adaptation of asexual populations of bacteria. *Genetics*, 152 : 485-493. (Les deux premiers auteurs ont contribué également au travail).
- Le Thierry d'Ennequin M., Panaud O., Toupance B., Sarr A., 2000 – Assessment of genetic relationships between *Setaria italica* and its wild relative *S. viridis* using AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 100 : 1061-1066.
- Sibert, A. Austerlitz F, Heyer E, 2002 - Wright-Fisher revisited : the case of fertility correlation. *Theoretical Population Biology*. (sous presse)

Equipe Hospital

- Bost B., de Vienne D., Moreau L., Hospital F., and Dillmann C. (2001). Genetic and non genetic bases for the L-shaped distribution of QTL effects. *Genetics* 157: 1773-1787.
- Bost B., Dillmann C., and de Vienne D. (1999). Fluxes and metabolic pools as model traits for quantitative genetics. I. The L-shaped distribution of gene effects. *Genetics* 153: 2001-2012.
- Bouchez, A., Hospital, F., Causse, M., Gallais, A. and Charcosset, A. (2002) Marker assisted introgression of favorable alleles at quantitative trait loci between maize elite lines. *Genetics*, accepté
- Consoli L., Lefèvre A., Zivy M., Vienne D. de, and Damerval C. (2002) QTL analysis of transcriptome and proteome variations for dissecting the genetic architecture of complex traits in maize. *Plant Molecular Biology* 48:575-581
- Dekkers J. C. M., and Hospital F. (2002) The use of molecular genetics in the improvement of agricultural populations. *Nature Reviews/ Genetics* 3: 22-32.
- Hospital F. (2001). Size of donor chromosome segments around introgressed loci and reduction of linkage drag in marker-assisted backcross programs. *Genetics* 158: 1363-1379.
- Hospital F., and Decoux G. (2002). Popmin : a program for the numerical optimization of population sizes in marker-assisted backcross programs. *Journal of Heredity*: in press..
- Hospital F., Goldringer I., and Openshaw S. (2000). Efficient marker-based recurrent selection for multiple quantitative trait loci. *Genetical Research* 75: 357-368.
- Prioul J.-L., Pelleschi S., Séne M., Thévenot C., Causse M., de Vienne D., and Leonardi A. (1999). From QTLs for enzyme activity to candidate genes in maize. *Journal of Experimental Botany* 50: 1281-1288.
- Roldan-Ruiz I., Van Eeuwijk F. A., Gilliland T. J., Dubreuil P., Dillmann C., Lallemand J., de Loose M., and Baril C. (2001). A comparative study of molecular and morphological methods of describing relationships between perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) varieties. *Theoretical and Applied Genetics* 103 : 1138-1150
- Servin B., and Hospital F. (2002) Optimal positioning of markers to control genetic background in marker assisted backcrossing. *Journal of Heredity*: in press

- Servin B., Dillmann C., Decoux G., and Hospital F. (2002) MDM : a program to compute fully informative genotype frequencies in complex breeding schemes. *Journal of Heredity*: in press.
- Thiellement H., Bahrman N., Damerval C., Plomion C., Rossignol M., Santoni V., de Vienne D., and Zivy M. (1999). Proteomics for genetic and physiological studies in plants. *Electrophoresis* 20: 2013-2026.
- de Vienne D., Bost B., Fiévet J., and Dillmann C. (2001) Optimization of enzyme concentrations for unbranched reaction chains: the concept of combined response coefficient. *Acta Biotheoretica* 49: 341-350.
- de Vienne D., Bost B., Fiévet J., Zivy M., and Dillmann C. (2001). Genetic variability of proteome expression and metabolic control. *Plant Physiology and Biochemistry* 39: 271-283.
- de Vienne D., Leonardi A., Damerval C., and Zivy M. (1999). Genetics of proteome variation as a tool for QTL characterization: application to drought-stress responses in maize. *Journal of Experimental Botany* 50: 303-309.
- Zivy M., and de Vienne D. (2000). Proteomics: a link between genomics, genetics and physiology. *Plant Molecular Biology* 44: 575-580.

Equipe Jarne

- Angers B., Estoup A., Jarne P. 2000. Microsatellite size homoplasy, SSCP and population structure: a case study in the freshwater snail *Bulinus truncatus*. *Mol. Biol. Evol.* 17: 1926-1932.
- Bierne, N., Tsitrone, A., & David, P. 2000 An inbreeding model of associative overdominance during a population bottleneck. *Genetics* 155:1981-1990.
- Estoup A., Cornuet J.-M., Jarne P. 2002. Homoplasy and mutation model at microsatellite loci and their consequence for population genetics analysis. *Molecular Ecology*, sous presse [invited review].
- Kirkpatrick M., Jarne P. 2000. The effects of a bottleneck on inbreeding depression and the load. *Am. Nat.* 155: 154-167.
- Lenormand, T., 2002 Gene flow and the limits to natural selection. *Trends in Ecology and Evolution* 17: 183-189.
- Lenormand, T., and S. P. Otto, 2000 The evolution of recombination in a heterogeneous environment. *Genetics* 156: 423-38.
- Lenormand, T., and M. Raymond, 2000 Analysis of clines with variable selection and variable migration. *The American Naturalist* 155: 70-82.
- Otto, S. P., and T. Lenormand, 2002 Resolving the paradox of sex and recombination. *Nature Review Genetics* 3: 252-261.
- Samadi S., Erard F., Estoup A., Jarne P. 1998. The influence of mutation, selection and reproductive systems on microsatellite variability: a simulation approach. *Genet. Res.* 71: 213-222.
- Tsitrone, A., Rousset, F., & David, P. 2001 Heterosis, marker mutation, and population inbreeding history. *Genetics* 149: 1845-1859

Equipe Laredo

- Genon-Catalot, V., Jeantheau, T. & Larédo, C. (1998). Limit Theorems for Discretely Observed Stochastic Volatility Models. *Bernoulli*. 4 (3),283-303.
- Genon-Catalot, V., Jeantheau, T. & Larédo, C. (1999). Parameter Estimation for Discretely Observed Stochastic Volatility Models. *Bernoulli*. 4 (1),1-18.
- Klein, E., Austerlitz, F. and Larédo, C. (1999). Statistical Properties of Watterson's Estimator for Studying Coalescence Models. *Theoretical Population Biology*. 55,235-247.
- Klein, E. and Larédo, C. (1999) Optimal Sampling Designs for Studies of Gene Flows : A reply to Assuncao and Jacobi. *Evolution* 53: 2002-2005.
- Genon-Catalot, V., Jeantheau, T. Larédo, C. (2000). Stochastic Volatility models as Hidden Markov Models and Statistical Applications. *Bernoulli*.
- Genon-Catalot, V., Larédo, C. and Nussbaum, M. (2000). Asymptotic equivalence for density and diffusion drift estimation. Preprint No 413 -Weierstrass-Institut, Berlin. *Annals of Statistics*.

Equipe Luikart

- Berthier P, Beaumont MA, Cornuet JM, Luikart G (2002) Likelihood-based estimation of the effective population size using temporal changes in allele frequencies: a genealogical approach. *Genetics*, sous presse.
- Cornuet JM, Piry S, Luikart G, Estoup A, Solignac M (1999) New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics*, 153, 1989-2000.
- Loreille O, Orlando L, Patou-Mathis M, Philippe M, Taberlet P, Haenni C (2001) Ancient DNA analysis reveals divergence of the cave bear, *Ursus spelaeus*, and brown bear, *Ursus arctos*, lineages. *Current Biology*, 11, 200-203.

- Luikart G, Biju-Duval MP, Ertugrul O, Yagdsuren Y, Maudet C, Taberlet P (1999) Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (*Capra hircus*). *Animal Genetics*, 30, 431-438.
- Luikart G, Cornuet JM (1999) Estimating the effective number of breeders from heterozygote excess in progeny. *Genetics*, 151, 1211-1216.
- Luikart G, Cornuet JM, Allendorf F (1999) Temporal changes in allele frequencies provide estimates of population bottleneck size. *Conservation Biology*, 13, 523-530.
- Luikart G, England P (1999) Statistical analysis of microsatellite DNA data. *Trends in Ecology and Evolution*, 14, 253-256.
- Luikart G, Gielly L, Excoffier L, Vigne JD, Bouvet J, Taberlet P (2001) Multiple maternal origins and weak phylogeographic structure in domestic goats. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 98, 5927-5932.
- Manceau V, Després L, Bouvet J, Taberlet P (1999) Systematics of the *Capra* genus inferred from mitochondrial DNA sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 13, 504-510.
- Piry S, Luikart G, Cornuet JM (1999) BOTTLENECK : A computer program for detecting recent reductions in effective population size from allele frequency data. *Journal of Heredity*, 90, 502-503.
- Rey D, Després L, Schaffer F, Meyran JC (2001) Mapping of resistance to vegetable polyphenols among *Aedes* taxa (Diptera, Culicidae) on a molecular phylogeny. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 19, 317-325.
- Ribéron A, Miaud C, Grossenbacher K, Taberlet P (2001) Phylogeography of the Alpine salamander, *Salamandra atra* (Salamandridae) and the influence of the Pleistocene climatic oscillations on population divergence. *Molecular Ecology*, 10, 2555-2560.
- Schwartz MK, Tallmon D, Luikart G (1999) Genetic estimators of population size: many methods, much potential, unknown utility. *Animal Conservation*, 2, 321-323.
- Sih A, Jonsson BG, Luikart G (2000) Habitat loss: ecological, evolutionary and genetic consequences. *Trends in Ecology and Evolution*, 15, 132-134.
- Waits LP, Luikart G, Taberlet P (2001) Estimating the probability of identity among genotypes in natural populations: cautions and guidelines. *Molecular Ecology*, 10, 249-256.
- Waits LP, Taberlet P, Swenson JE, Sandegren F, Franzen R (2000) Nuclear DNA microsatellite analysis of genetic diversity and gene flow in the Scandinavian brown bear (*Ursus arctos*). *Molecular Ecology*, 9, 421-431.

Equipe Vekemans - Touzet

- DJE, Y., FORCIOLI, D., ATER, M., LEFEBVRE, C., and VEKEMANS, X. 1999. Assessing population genetic structure of sorghum landraces from North-western Morocco using allozyme and microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 99: 157-163.
- DJE, Y., HEUERTZ, M., LEFEBVRE, C. and VEKEMANS, X. 2000. Assessment of genetic diversity within and among germplasm accessions in cultivated sorghum using microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics* 100: 918-925.
- FOFANA, B., BAUDOIN, J. P., VEKEMANS, X., DEBOUCK, D.G., and DU JARDIN, P. 1999. Molecular evidence for an Andean origin and a secondary gene pool for the Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) using chloroplast DNA. *Theoretical and Applied Genetics*, 98: 202-212.
- HARDY, O. J. and X. VEKEMANS. 1999. Isolation by distance in a continuous population: reconciliation between spatial autocorrelation analysis and population genetics models. *Heredity* 83: 145-154.
- HARDY, O. J. and X. VEKEMANS. 2001. Patterns of allozyme variation in diploid and tetraploid *Centaurea jacea* at different spatial scales. *Evolution* 55: 943-954.
- HARDY, O. J., M. DE LOOSE, X. VEKEMANS, and P. MEERTS. 2001. Allozyme segregation and inter-cytotype reproductive barriers in the polyploid complex *Centaurea jacea*. *Heredity* 87: 136-145.
- HEUERTZ, M., HAUSMAN, J.-F., TSVETKOV, I., FRASCARIA-LACOSTE, N. and VEKEMANS, X. 2001. Assessment of genetic structure within and among Bulgarian populations of the common ash (*Fraxinus excelsior* L.). *Molecular Ecology* 10: 1615-1623.
- MAHY, G., VEKEMANS, X., and JACQUEMART, A.-L. 1999. Patterns of allozymic variation within *Calluna vulgaris* populations at seed bank and adult stages. *Heredity*, 82: 432-440.
- MAQUET, A., VEKEMANS, X., and BAUDOIN, J.-P. 1999. Phylogenetic study on wild allies of Lima bean, *Phaseolus lunatus* (Fabaceae), and implications on its origin. *Plant Systematics and Evolution*, 218: 43-54.
- MAY, G., SHAW, F.K., BADRANE, H., and VEKEMANS, X. 1999. The Signature of Balancing Selection: Fungal Mating Compatibility Gene Evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 96: 9172-9177.

- SCHIERUP, M.H., CHARLESWORTH, D. and VEKEMANS, X. 2000 : The effect of hitch-hiking on genes linked to a balanced polymorphism in a subdivided population. *Genetical Research Cambridge*, 76: 63-73.
- SCHIERUP, M.H., VEKEMANS, X., and CHARLESWORTH, D. 2000. The effect of subdivision on variation at multi-allelic loci under balancing selection. *Genetical Research Cambridge*, 76: 51-62.
- TIEDEMANN, R, O. J. HARDY, X VEKEMANS and M. C MILINKOVITCH. 2000. Higher impact of female than male migration on population structure in large mammals. *Molecular Ecology* 9: 1159-1163.
- VEKEMANS, X., BEAUWENS, T., LEMAIRE, M. and ROLDAN-RUIZ, I. 2002. Data from amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers show indication of size homoplasy and of a relationship between degree of homoplasy and fragment size. *Molecular Ecology* 11: 139-151.
- Budar F., P. Touzet & R. De Paepe, sous-presses, The nucleo-mitochondrial conflict in cytoplasmic male sterilities revisited. *Genetica*.
- Ducos E., P. Touzet, P. Saumitou-Laprade, P. Vernet & J. Cuguen, 2001, Nuclear effect on mitochondrial protein expression of the CMS *Owen* cytoplasm in sugar beet. *Theoretical and Applied Genetics* 102: 1299-1304.
- Ducos E., P. Touzet & M. Boutry, 2001, The male sterile *G* cytoplasm of wild beet displays modified mitochondrial respiratory complexes. *The Plant Journal* 26: 171-180.
- Laporte V., F. Viard, G. Béna, M. Valero & J. Cuguen, 2001, The spatial structure of sexual and cytonuclear polymorphism in the gynodioecious *Beta vulgaris* ssp *maritima*: I/ at a local scale. *Genetics* 157: 1699-1710.
- Desplanque B., F. Viard, D. Forcioli, J. Bernard, J. Saumitou-Laprade, J. Cuguen & H. Van Dijk, 2000, The linkage disequilibrium between cpDNA and mtDNA haplotypes in *Beta vulgaris* subsp *maritima* (L.): the usefulness of both genomes for population genetic studies. *Molecular Ecology* 9: 141-154.
- Laporte, V., J. Cuguen & D. Couvet, 2000, Effective population sizes for cytoplasmic and nuclear genes in a gynodioecious species: The role of the sex determination system. *Genetics* 154: 447-458.

Equipe Veuille

- Hamblin, M. T., and M. Veuille. 1999. Population structure among African and derived populations of *D. simulans*: evidence for ancient subdivision and recent admixture. *Genetics* 153 : 305-317.
- Depaulis, F., L. Brazier, et M. Veuille 1999. Selective sweep at the *Drosophila melanogaster* *Suppressor of Hairless* locus, and its association with the *In(2L)t* inversion polymorphism. *Genetics* 152 : 1017-1024.
- Bénassi, V., F. Depaulis, G. K. Meghlaoui, et M. Veuille 1999. Partial sweeping of variation at the *Fbp2* locus, in a highly recombining region of the *Drosophila melanogaster* Genome. *Molecular Biology and Evolution*. 16 : 347-353
- Wirth, T., Le Guellec, R. and M. Veuille. 1999 Directional substitution and evolution of nucleotide content in the Cytochrome Oxidase II gene of Earwigs (dermapteran insects). *Molecular Biology and Evolution*, 16: 1645-1653.
- Depaulis, F., L. Brazier, S. Mousset, A. Turbé, et M. Veuille 2000. Selective sweep near the *In(2L)t* inversion breakpoint in an African population of *Drosophila melanogaster*. *Genetical research* 76 :149-158.
- Durand, J., L. Garnier, I. Dajoz, S. Mousset and M. Veuille. 2000. Gene flow in a facultative apomictic poacea, the savanna grass *Hyparrhenia diplandra*. *Genetics* 156(2):823-831.
- Galtier, N., F. Depaulis, et N. H. Barton 2000. Detecting bottlenecks and selective sweeps from DNA sequence polymorphism. *Genetics* 155 :981-987.
- Kliman, R. M., P. Andolfatto, J. A. Coyne, F. Depaulis, M. Kreitman, A. J. Berry, J. McCarter, J. Wakeley, et J. Hey 2000. The population genetics of the origin and divergence of the *Drosophila simulans* complex species. *Genetics* 156 :1913-1931.
- Barton, N. H., F. Depaulis et A. M. Etheridge 2001. Neutral evolution in spatially continuous populations. *Theoretical Population Biology (sous presse)*.
- Andolfatto, P., F. Depaulis et A. Navarro 2001. Inversion polymorphism and nucleotide variability in *Drosophila*. *Genetical Research*
- Depaulis, F, S. Mousset, and M. Veuille. 2001. Haplotype tests using coalescent simulations conditional on the number of segregating sites. *Molecular Biology and Evolution* 18: 1136-1138
- Baudry, E., C. Kerdelhue, H. Innan and W. Stephan. 2001. Influence of recombination rates and mating system on DNA variability in the tomato genus. *Genetics* 158(4):1725-35.