

Evolution Moléculaire (Masters 1 Bioinformatique / Biotechnologie)

Evolution biologique : de la molécule à l'espèce

Maxime Bonhomme

Laboratoire de Recherche en Sciences Végétales

8 février 2017

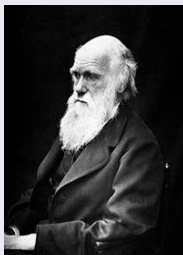
Evolution biologique : de la molécule à l'espèce

- 1 contexte
- 2 origines du polymorphisme
 - mutation
 - recombinaison et duplication
- 3 les forces évolutives
 - dérive génétique
 - sélection naturelle
- 4 la spéciation
 - définition
 - la spéciation allopatrique
 - la spéciation sympatrique
- 5 références

Evolution biologique

- la théorie de l'évolution est une explication scientifique de la diversification des formes de vie qui apparaissent dans la nature
 - l'**évolution biologique** désigne la transformation des espèces vivantes qui se manifeste par des **changements de leurs caractères génétiques au cours des générations**
 - les changements successifs peuvent aboutir à la formation de nouvelles espèces : **spéciation**
 - cette diversification depuis les premières formes de vie est à l'origine de la biodiversité actuelle
 - l'histoire des espèces peut se représenter sous la forme d'un **arbre phylogénétique**
- Charles Darwin : "On the origin of species" (1859)

Charles Darwin (1809-1882)

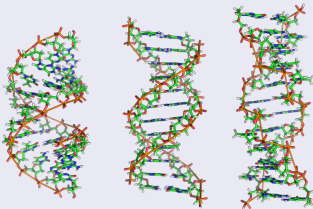


Alfred Russel Wallace (1823-1913)



Evolution moléculaire : pierre angulaire de l'évolution biologique

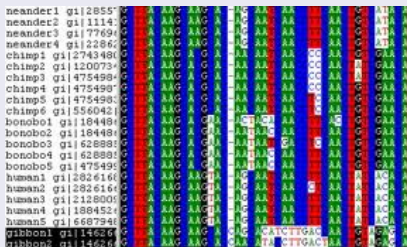
- ADN = support de l'information génétique



- hérédité = transfert de l'information à la descendance : un des prérequis pour la sélection naturelle (et l'évolution en général)
- **évolution moléculaire** = approche multidisciplinaire récente (1960...) qui vise à comprendre l'évolution de l'ADN et des génomes, de l'ARN et des protéines (structure et fonction)
- elle rassemble plusieurs disciplines : biologie moléculaire, biologie évolutive et génétique des populations
- exemples de thématiques :
 - **évolution des fonctions** enzymatiques, des gènes de l'immunité
 - **reconstruction phylogénétique**
 - concept d'"horloge moléculaire" pour étudier la divergence des espèces
 - origine et fonction de l'ADN non codant

Evolution moléculaire : pierre angulaire de l'évolution biologique

- quelle information peut-on extraire des séquences d'ADN ?



- avancées récentes en évolution moléculaire dues aux progrès technologiques :
 - rôle des duplications de gènes dans l'émergence de nouvelles fonctions
 - **poids de l'évolution moléculaire adaptative vs neutre**
 - changements moléculaires responsables de certains phénotypes (maladies, épidémiologie, cognition)
- quelques noms :
 - Motoo Kimura : théorie neutre
 - Masatoshi Nei : évolution adaptative
 - Walter M. Fitch : reconstruction phylogénétique
 - Walter Gilbert : RNA world
 - Joe Felsenstein : méthodes phylogénétiques
 - Susumu Ohno : duplication des gènes
 - John H. Gillespie : mathématiques de l'adaptation
 - Dan Graur, Wen-Hsiung Li : modèles neutres de l'évolution moléculaire

Mutation de l'ADN

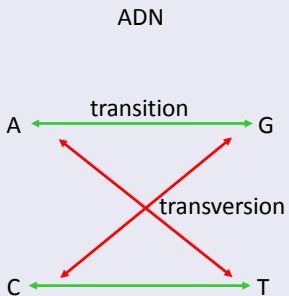
Types de mutations

- changement héréditaire dans le matériel génétique.
- source fondamentale de variation génétique.
 - **mutations géniques** : changement dans la séquence nucléotidique (**mutation ponctuelle** - **substitution, indels, transposons**).
 - mutations chromosomiques : réarrangements chromosomiques (inversions, translocations).
 - mutations génomiques : polyploïdisation
- distinguer mutations somatiques (cancers, ...) de germinales (cellules sexuelles, donc transmissibles).
- distinguer mutations neutres (sans impact sur le phénotype par rapport aux autres allèles) de favorable/délétère (dépend des conditions du milieu)

Fréquence des substitutions dans l'ADN

- événement rare.
 - 10^{-8} à 10^{-9} nouvelles mutations par nucléotide par génération.
 - 10^{-4} à 10^{-6} nouvelles mutations par copie de gène par génération.
- innovation génétique.
 - nombre de mutations par génération = $2Nu$, non négligeable si population grande.
 - nombre important de gènes dans les génomes (ex : 20 000 - 30 000 chez l'homme), donc plusieurs gènes mutés chez un zygote.

Types de substitutions : ADN et acides aminés



acides aminés

VSCCQSTQYCQP

VSCCPTPQYCQP

- $\mathbb{P}(\text{transition}) > \mathbb{P}(\text{transversion})$

Types de substitutions : ADN et acides aminés

- sur un cadre de lecture, les substitutions peuvent conduire ou non à un changement d'a.a (substitutions non synonymes, synonymes - troisième position du codon)

le code génétique

		Deuxième lettre							
		U		C		A		G	
U	UUU	Phe	UCU	Ser	UAU	Tyr	UGU	Cys	U
	UUC	Phe	UCC	Ser	UAC	Tyr	UGC	Cys	C
	UUA	Leu	UCA	Ser	UAA	Stop	UGA	Stop	A
	UUG	Leu	UCG	Ser	UAG	Stop	UGG	Trp	G
C	CUU	Leu	CCU	Pro	CAU	His	CGU	Arg	U
	CUC	Leu	CCC	Pro	CAC	His	CGC	Arg	C
	CUA	Leu	CCA	Pro	CAA	Gln	CGA	Arg	A
	CUG	Leu	CCG	Pro	CAG	Gln	CGG	Arg	G
A	AUU	Ile	ACU	Thr	AAU	Asn	AGU	Ser	U
	AUC	Ile	ACC	Thr	AAC	Asn	AGC	Ser	C
	AUA	Ile	ACA	Thr	AAA	Lys	AGA	Arg	A
	AUG	Met	ACG	Thr	AAG	Lys	AGG	Arg	G
G	GUU	Val	GCU	Ala	GAU	Asp	GGU	Gly	U
	GUC	Val	GCC	Ala	GAC	Asp	GGC	Gly	C
	GUA	Val	GCA	Ala	GAA	Glu	GGA	Gly	A
	GUG	Val	GCG	Ala	GAG	Glu	GGG	Gly	G

Première lettre (côté 5') Troisième lettre (côté 3')

codon d'initiation codon de terminaison

- existence de biais d'usage du codon = utilisation préférentielle d'un des triplets :
 - hypothèse neutraliste : **biais mutationnel**, lié aux probabilités de transitions et de transversion
 - hypothèse sélectionniste : **sélection traductionnelle**, sélection de certains codons (dits optimaux) parce qu'ils permettraient une plus grande efficacité de réplication et de traduction. Chez la drosophile, le nématode et l'arabette, on observe que les codons optimaux sont très souvent ceux dont les ARNt complémentaires sont les plus fréquents dans la cellule

Autres polymorphismes

séquences répétées : exemple des microsatellites

- origine du polymorphisme de longueur : "replication slippage" (insertion/délétion)

CAAGCGTTGACAGTGTGTGTGTGTGTGTCTTATCACTGCGTC A
GTTCCGCAACTGT**CACACACACACACAC**AGAATAGTGACGCAG

CAAGCGTTGACAGTGTGTGTGTGTGTGTCTTATCACTGCGTC B
GTTCCGCAACTGT**CACACACACACACAC**AGAATAGTGACGCAG_

CAAGCGTTGACAGTGTGTGTGTGTCTTATCACTGCGTC C
GTTCCGCAACTGT**CACACACACAC**AGAATAGTGACGCAG

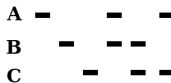


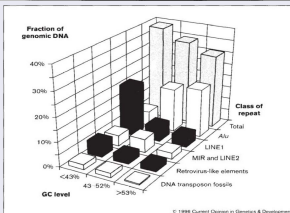
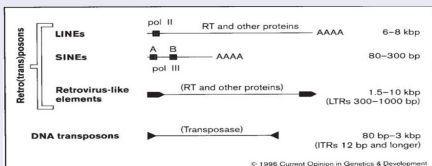
Figure 7. Microsatellite DNA consists of a stretch of DNA sequence containing a simple tandem base pair repeat, in this example GT repeats. Microsatellites are common and distributed throughout the *An. gambiae* genome. They are highly polymorphic with polymorphism being differences in the number of repeats (e.g. alleles A, B and C above). They are observed by designing PCR primers in sequence flanking the actual repeat and analyzing the PCR products on an automated DNA sequencer which separates the products on the basis of size.

- aucune fonction identifiée, mais lien avec certaines maladies chez l'homme si dépasse un seuil de longueur (ex : syndrome de l'X fragile)

Autres polymorphismes

insertion de séquences : transposon et retrotransposons

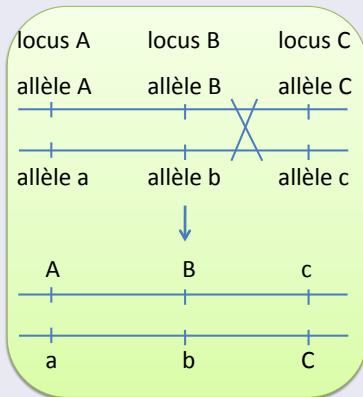
- mouvement de portions d'ADN dans le génome, souvent associé à l'augmentation du nombre de copies (transposons)
- aucune fonction connue : ADN égoïste, exploite la machinerie génétique de la cellule (certains codent pour une enzyme transposase qui se lie à des cibles d'insertion dans le génome - copié-inséré ou coupé-inséré)



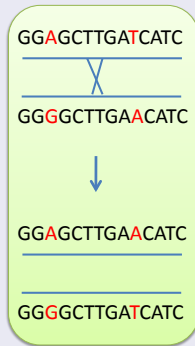
Recombinaison

- recombinaison homologue

intergénique



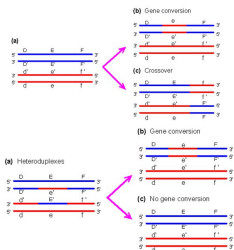
intragénique



Conversion génique

- même mécanisme moléculaire que le crossing over entre chromosomes homologues (hétéroduplex)
- MAIS transfert non réciproque d'information génétique

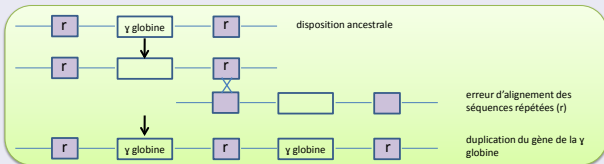
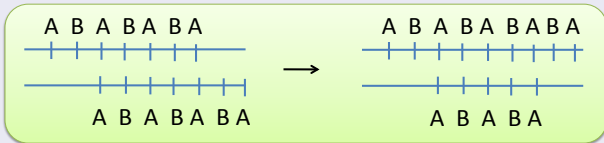
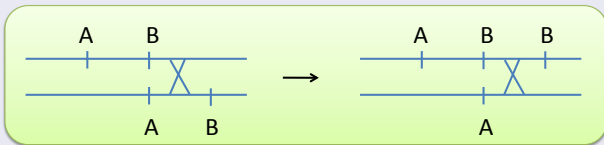
Conversion génique : transfert non réciproque d'information génétique entre 2 gènes ayant une homologie élevée



- la ségrégation d'un hétérozygote à la méiose va générer plus d'homozygotes (écart aux proportions mendéliennes)
- conversion génique biaisée : un mésappariement est plus souvent réparé en une paire G-C (un homozygote plutôt qu'un autre)
 - conséquence évolutive : enrichissement relatif de la séquence d'ADN en G-C

Duplications de gènes

- recombinaison inégale : erreur d'alignement des deux chromatides lors du crossing-over



Duplications de génomes : polypléidisation

- effets biophysiques : augmentation de la taille de la cellule, moins de cellules dans un tissu
- effets dosages : augmentation du nombre de copies d'un locus (effets additifs possibles si codominance)
- masquage des allèles délétères : expression relativement plus faible des allèles délétères récessifs chez un polypléide que chez un diploïde
- augmentation de la diversité allélique, de l'hétérozygotie
- perte ou gain d'ADN, recombinaison homéologue (génomés parentaux n'ont pas la même succession de gènes), réarrangements d'ADN

Que devient une mutation ?

- Hypothèses :

- seule la mutation modifie les fréquences d'allèles à un gène donné
- locus biallélique (ex : SNP) : allèles A et a
- u = taux de mutation de A vers a

$$p_{t+1} = (1 - u)p_t \quad (1)$$

$$p_t = (1 - u)^t p_0 \quad (2)$$

- Application numérique : nombre de générations t pour que p diminue de moitié

$$p_t = \frac{1}{2} p_0 = (1 - u)^t p_0 \quad (3)$$

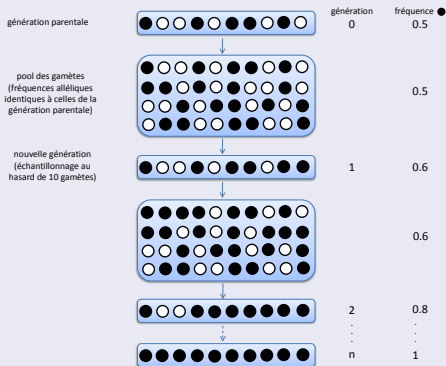
$$(1 - u)^t = \frac{1}{2} \quad (4)$$

$$t = \frac{-\ln 2}{\ln(1 - u)} \simeq \frac{-\ln 2}{-u} \simeq \frac{0.7}{u} \quad (5)$$

- pour $u = 10^{-6}$, $t = 700000$ (10 à 20 Ma chez l'homme !) ==> rôle négligeable dans l'évolution des fréquences alléliques d'un gène
- le destin d'une mutation tient en d'autres forces évolutives : **dérive génétique** et **sélection**

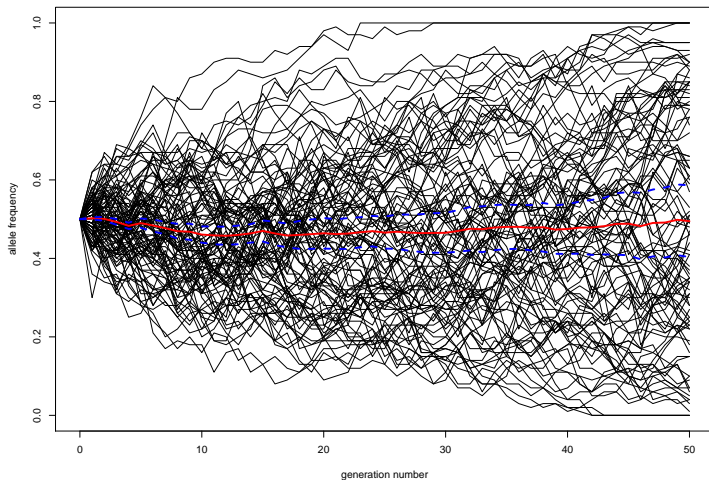
Dérive génétique : un modèle stochastique d'évolution des gènes

Fluctuation des fréquences alléliques de générations en générations du fait d'un échantillonnage aléatoire des gamètes dans une population de taille finie (non transmission de certains allèles à la descendance, individus ne se reproduisant pas).



Echantillonnage des gamètes et changement des fréquences alléliques.

Dérive génétique : simulations

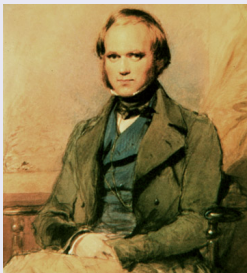


Fréquence initiale = 0.5, taille de la population = 100, 20 simulations (rouge = moyenne, bleu = variance).

Sélection naturelle

Principes

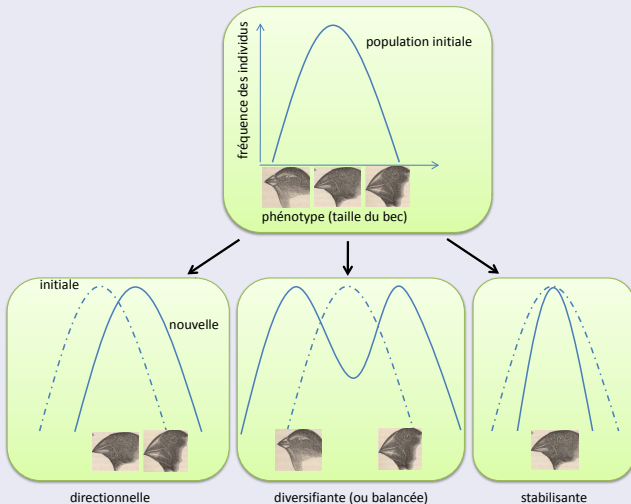
- Charles Darwin (1809 – 1882) : "l'origine des espèces" (1859)



- **Principe 1 = variabilité** : les individus d'une espèce diffèrent les uns des autres pour certains caractères (phénotypes et donc génotypes).
- **Principe 2 = adaptation / survie** : les individus les plus adaptés au milieu survivent et se reproduisent davantage.
- **Principe 3 = transmission des caractères avantageux** : les caractéristiques avantageuses doivent être héréditaires.

Sélection naturelle dans une population

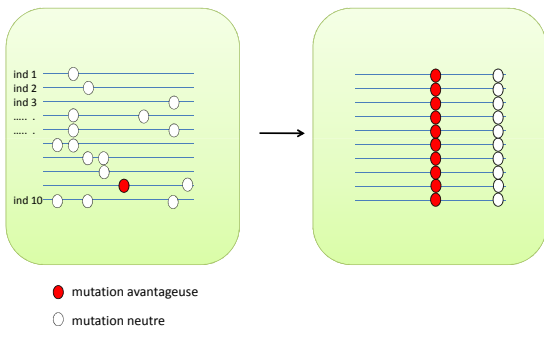
ce que l'on observe au niveau du phénotype (caractère)



Sélection naturelle dans une population

ce que l'on observe au niveau moléculaire : exemple de la sélection positive

Sélection positive (darwinienne, directionnelle)



- gènes ayant un rôle dans l'adaptation (ex : résistance aux insecticides chez le moustique, adaptation à la sécheresse)

Que devient une mutation ?

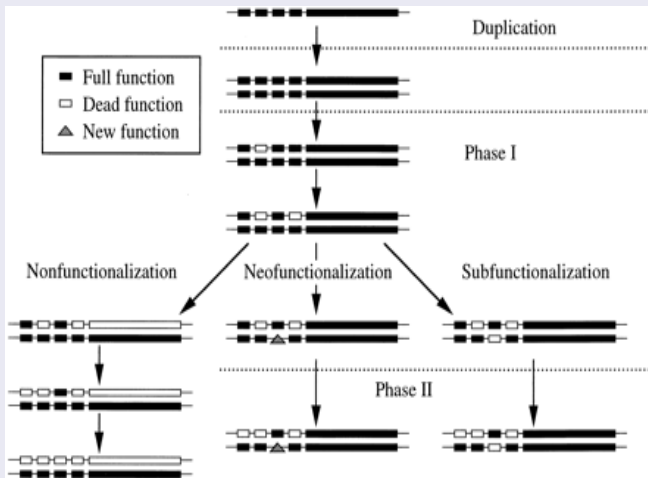
Devenir d'une mutation EN PRATIQUE

- **mutation neutre** : le plus souvent éliminée de la population, mais peut aussi se substituer à l'allèle sauvage, à cause des effets aléatoires de la **dérive génétique** dans les petites populations.
- **mutation défavorable** : diminue en fréquence (**sélection négative**).
- **mutation favorable** : augmente en fréquence (**sélection positive**).

cf cours "évolution moléculaire : neutre ou adaptative?" de cette UE (théorie neutraliste et détection de la signature moléculaire de la sélection)

Sélection naturelle et duplication

rôle de la sélection dans le devenir d'une duplication



Sélection naturelle et duplication

rôle de la sélection dans le devenir d'une duplication

- **non fonctionalisation** : pseudogène (dérive neutre)
- **néofonctionalisation** : la duplication garde souvent la fonction ancestrale et le gène ancestral acquiert une nouvelle fonction (sélection positive, divergence fonctionnelle)
- **subfonctionalisation** : les duplications ont une activité conjointe similaire à la fonction ancestrale (sélection purifiante)

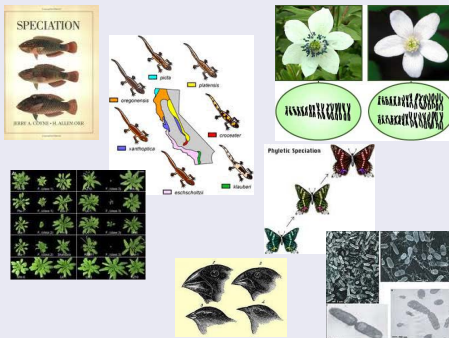
Adaptation

quelques points

- la sélection naturelle n'est pas le seul processus qui entraîne l'évolution, mais il est le seul qui mène à l'**adaptation**
- la sélection "bricole" sur des fonctions préexistantes (transfert de fonction, notion d'exaptation) :
 - les ailes des insectes : fonction ancestrale probable de régulation thermique, puis transfert vers le vol en milieu terrestre
- l'adaptation n'est pas une notion figée : les organismes sont perpétuellement en retard (course à l'adaptation)
 - théorie de la reine rouge (course aux armements entre les espèces)
 - Lewis Carroll (*Alice au pays des merveilles*) : le personnage principal et la Reine Rouge se lancent dans une course effrénée. Alice demande alors : « Mais, Reine Rouge, c'est étrange, nous courons vite et le paysage autour de nous ne change pas ? » Et la reine répondit : « Nous courons pour rester à la même place. »
- systèmes de **coévolution** : plantes-pollinisateur, symbioses plantes-microorganismes
- les imperfections des êtres vivants sont dues à des contraintes génétiques, embryologiques ou historiques, et à des compromis entre exigences adaptatives différentes (notion de "trade-off", ex : compromis reproduction/croissance)
- notion d'impasse évolutive : les sabots des chevaux = retour en arrière impossible sauf une macro-mutation

Spéciation : définition

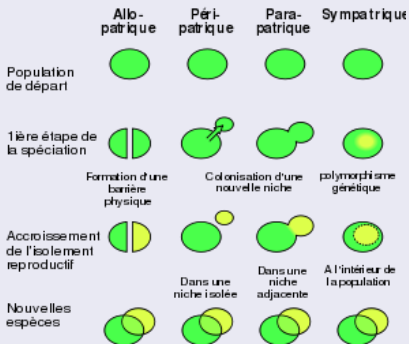
- processus évolutif par lequel de nouvelles espèces vivantes apparaissent



- la spéciation résulte de la sélection naturelle et/ou de la dérive génétique
 - les espèces s'individualisent à partir de populations appartenant à une espèce d'origine
 - évolution de populations interfécondes - composant une même espèce, par définition
 - en populations non-interfécondes, c'est-à-dire isolées sur le plan reproducteur
 - des barrières biologiques reproductives s'installent : incompatibilités **phénotypiques pré/post-zygotiques** dues à des modifications des génomes (mutations géniques, chromosomiques...) progressivement fixées par dérive génétique ou sélection

Spéciation : définition

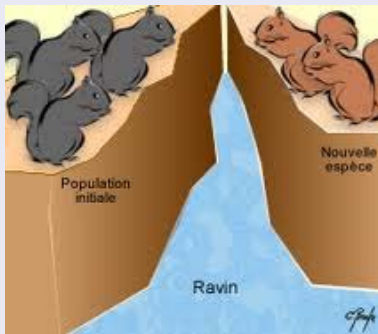
- on distingue deux grands types de spéciation, avec des intermédiaires :
 - spéciation allopatrique ("géographique")
 - spéciation sympatrique ("écologique")



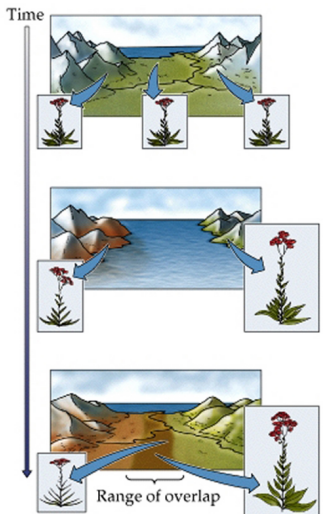
- résulte de l'interaction entre les modifications au niveau moléculaire (génomés, ADN, ARN et protéines) et l'écologie des organismes (contraintes environnementales, isolement, sélection sexuelle, compétition pour les ressources)

Spéciation allopatrique

- la **dérive génétique** joue un rôle crucial dans la divergence des populations



Spéciation allopatrique



Spéciation sympatrique

- des populations non isolées géographiquement peuvent évoluer en espèces distinctes
- la sélection naturelle joue un rôle crucial dans la divergence des populations
- fréquent chez insectes phytophages, très fréquent chez microorganismes symbiotiques et pathogènes
 - chez pathogènes de plantes (oomycètes, champignons), la spécialisation à l'hôte (spéciation) résulte d'une perte/acquisition de gènes que la sélection naturelle favorise car permet une meilleure reproduction du microorganisme
 - la spéciation sympatrique récurrente résulte de la coévolution "hôte-pathogène"

Signatures of Adaptation to Obligate Biotrophy in the *Hyaloperonospora arabidopsidis* Genome

Laura Rastner,^{1,2} Socheta Tripathy,^{2,3} Naveed Ishaque,² Nico Boot,⁴ Adriana Cabral,⁴ Erik Kettner,⁵ Marco Thines,^{3,6,7} Audrey Ah-Fang,⁸ Ryan Anderson,⁹ Waike Bolejko,⁴ Peter Bittner-Eddy,¹⁰ Jeffrey L. Brown,¹¹ Marcos C. Chikara,¹² Mary Cooley,² Fawazul Dohal,¹³ Kim Dohook,¹⁴ Saungraeng Dong,^{15,16} Paul Downton,² Bernard Dumas,^{14,15} Georgina Fajos,¹⁷ Catrina Friedel,¹⁸ Susan I. Fuerstenberg,¹⁹ Lucinda Fulton,²⁰ Elodie Gaultier,^{21,22} Francis Gevers,²³ Linda Haghen,²⁴ Sean Humphrey,²⁵ Rui-H. V. Jiang,^{26,27} Howard Judelson,²⁸ Sophie Kaminou,²⁹ Kim Kyung,³⁰ Haruki Kojima,³¹ Patrick Mész,³² Paul Morris,³³ Jaanvor Nelson,³⁴ Vipa Phansavath,³⁵ Oesah Quresh,³⁶ Arun Rahavary,³⁷ Alexandra Raouf-Carlsone,³⁸ Peter Ryker,³⁹ Eady Terto-Alalike,⁴⁰ David Studnitski,⁴¹ Yuanzhou Wang,⁴² Joe Wen,⁴³ Jo Wood,⁴⁴ Sandra W. Olfson,⁴⁵ Jane Rogers,⁴⁶ Guido Van den Ackeren,⁴⁷ Jonathan D. G. Jones,⁴⁸ John M. McDowell,⁴⁹ Jin Beynon,⁵⁰ Brett H. Tyler⁵¹

Genome Expansion and Gene Loss in Powdery Mildew Fungi Reveal Tradeoffs in Extreme Parasitism

Piero D. Spanu,¹ James C. Abbott,² Julie Anselme,^{2,3,4} Timothy A. Borgia,⁵ Darren M. Soanes,⁶ Kurt Söber,⁷ Enald Van Laere van Thierckx,⁸ James K. M. Brown,⁹ Sarah A. Batters,¹⁰ Sarah J. Kerr,¹¹ Hans-Henri Lohman,¹² Christopher J. Ribick,¹³ Paul Schulze-Lisferl,¹⁴ Michèle J. Tabor,¹⁵ Mahul Abkhadjaev,¹⁶ Christian Anwar,¹⁷ Gerald R. Barton,¹⁸ Marian Bengita,¹⁹ Przemyslaw Bidzinski,²⁰ Laurence V. Blodchet,²¹ Hilde Bohn,²² Brian E. Brown,²³ Lucie-Cécile Deslandes,²⁴ Holly M. Cullis-Dorson,²⁵ Inonge Colbourne,²⁶ Sigmar Cramer,²⁷ Oliver Frankel,²⁸ Daisi Godfrey,²⁹ James Harrison,³⁰ Claire Hoede,³¹ Brian C. King,³² Sean Klages,³³ Judeth Kleemann,³⁴ Daniela Kozal,³⁵ Przemyslaw S. Kozlowski,³⁶ Francisco J. Lopez-Rubio,³⁷ Rutil Lu,³⁸ Takaki Morikawa,³⁹ Giuseppe Muland,⁴⁰ Cristina Nicotri,⁴¹ Michael G. Milgrom,⁴² Giovanni Morano,⁴³ Spyrida Nektaridou,⁴⁴ Richard J. O'Connell,⁴⁵ Shuang Oenkhasson,⁴⁶ Francis Parlange,⁴⁷ Carsten Pedersen,⁴⁸ Hedi Perowalvi,⁴⁹ Richard Pevsner,⁵⁰ Ilanthee Rott,⁵¹ Subalata Sankar,⁵² Sarah M. Scheide,⁵³ Herta Selvik,⁵⁴ Paul Skewes,⁵⁵ Isaac Sorensen,⁵⁶ Kerker Stadler,⁵⁷ Hironori Takahashi,⁵⁸ Hans Theodor Christensen,⁵⁹ Stefania Vignacca,⁶⁰ Kall Wilkings,⁶¹ Thomas Wilder,⁶² Ralph Panstruga⁶³

Genome Evolution Following Host Jumps in the Irish Potato Famine Pathogen Lineage

Spirina Kihelka,¹ Ryno A. Farrer,² Liliana M. Carr,³ David J. Stadhelm,⁴ Daniel Madson,⁵ Marco Thines,^{6,7} Aye K. H. Jiang,⁸ Michael C. Zody,⁹ Sidhant G. Karjer,¹⁰ Nicole M. Brantley,¹¹ Katherine C. Meyer,¹² Chad Nusbaum,¹³ Sophie Kaminou¹⁴

Lecturer in Cell Biology (2018-19)
http://genomicslab.com/2018/11/07/



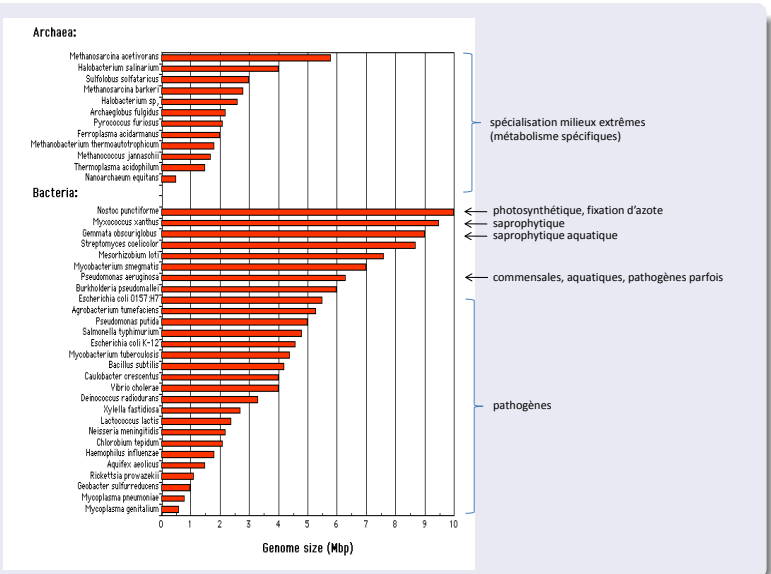
RESEARCH

Open Access

Genome sequence of the necrotrophic plant pathogen *Pythium ultimum* reveals original pathogenicity mechanisms and effector repertoire

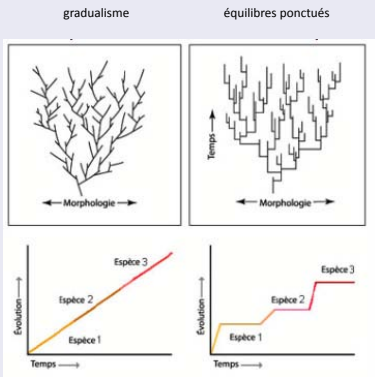
C. André Linnegar,¹ Henrik Brønner,² Liliana Carr,³ John P. Frenkel,⁴ Gavin Hall,⁵ Riga Holmer,⁶ Shaoh-Ran Hu,⁷ Gregg P. Kobuszewski,⁸ Marco Thines,^{9,10} Joe Wu,¹¹ Mercedes M. Zerkow,¹² Gordon W. Steiner,¹³ Jeffrey L. Borer,¹⁴ David Bacon,¹⁵ Bernard Dumas,¹⁶ Steve Frenkel,¹⁷ Susan I. Fuerstenberg,¹⁸ Claire Mill-Guckson,¹⁹ Elodie Gaultier,²⁰ Françoise Guerin,²¹ Laura Gonzalez-Briggs,²² Neil Home,²³ Jessica Huchard,²⁴ Ryan H. Jiang,²⁵ Justin Johnson,²⁶ Theodoros Katsopoulou,²⁷ James Kim,²⁸ David M. Kiper,²⁹ Dennis Klose,³⁰ Paul Krom,³¹ Vagstad Phumthani,³² Daniela Puiu,³³ Sarah Smith,³⁴ Jason F. Sudds,³⁵ Sachiko Tzipori,³⁶ Stephen Young,³⁷ Peter van Nieuw,³⁸ Brett H. Tyler,³⁹ Pedro M. G. Coutinho,⁴⁰ Bernard Venkatesh,⁴¹ Frank Weller,⁴² Paul O. Tomlin,⁴³ Brett H. Tyler,⁴⁴ Ronald F. De Vries,⁴⁵ Sophie Kaminou,⁴⁶ Mark Van der Vliet,⁴⁷ Neil Young,⁴⁸ C. Robin Butler⁴⁹

Relation entre taille du génome et mode de vie chez les bactéries



Vitesse de spéciation

- l'histoire de l'évolution montre que les spéciations nécessitent généralement plusieurs (centaines de) milliers d'années.
- MAIS il y a toujours beaucoup d'exceptions liées :
 - aux contingences historiques, environnementales (ex : 500 ans pour les souris introduites à Madère)
 - aux caractéristique biologiques des espèces (ex : les bactéries évoluent plus vite car elles ont un temps de génération court)
- controverse "gradualisme phylétique" vs "théorie des équilibres ponctués" (s) Gould, N Eldredge : longues périodes d'équilibre, ponctuées de brèves périodes de spéciations / extinctions)



Questions abordées dans l'UE Evolution Moléculaire

- quelles sont les étapes et les outils pour construire un arbre phylogénétique à partir de séquences d'ADN ? de protéines ?
- comment retracer l'histoire phylogénétique des espèces (ou plus modestement d'un groupe d'espèces) au travers d'un arbre phylogénétique ?
- comment retracer l'évolution des gènes au cours du temps ?
- comment retracer l'évolution des familles de gènes au cours du temps ?
- peut-on distinguer des gènes adaptés par rapport à des gènes non adaptés ou non fonctionnels, en analysant les séquences ?
- quel type de sélection agit sur quel type de gène ? sur quelle(s) partie(s) d'un gène ?
- autant de questions pour lesquelles nous tenterons de donner quelques réponses !

References



Evolution Biologique. Ridley, De Boeck Universié



Principles of Population Genetics, 4th Edition. Hartl DL, Clark AG



Computational Molecular Evolution, Ziheng Yang, Oxford Series in Ecology and Evolution