

Mapping : Explication PLOIDY = 2

Images et figures proviennent de :

Genomic and populational approaches in Apis mellifera

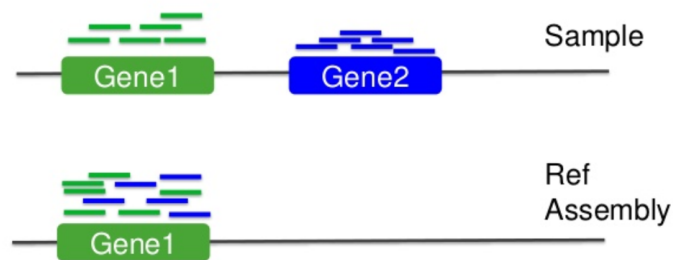
Alain Vignal, Sonia Eynard, Fanny Mondet, Benjamin Basso, Kamila Canale-Tabet, Dave Wragg, Christophe Klopp, Anne-Laure Guirao, Christina Sann, Yves Le Conte, Bertrand Servin

En effet nous nous trouvons sur des individus Haploïdes, mais nous utilisons la PLOIDY à 2 (donc diploïde)

Pourquoi utiliser la PLOIDY = 2 ?

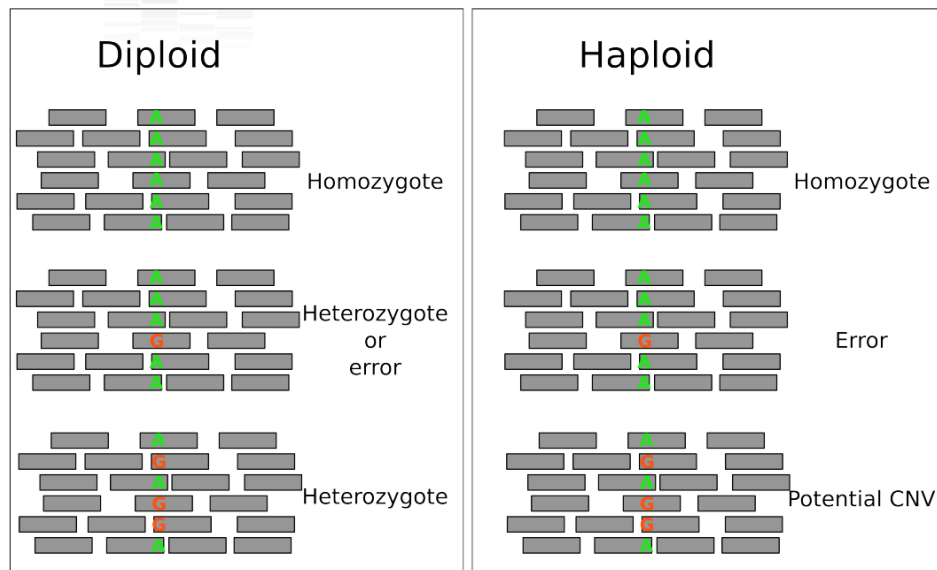
Nous trouvons dans le génomes des séquences qui peuvent se ressembler ou des séquences répétées, cependant celles-ci peuvent se “mélanger” :

Reference assembly influence



Cependant chez une espèce diploïde, un individu hétérozygote sera perçu comme une variabilité du nombre de copies d'un gène (en anglais copy number variation, **CNV**) désigne en génétique une forme particulière de polymorphisme. Et un potentiel hétérozygotes chez un diploïde sera perçu comme une erreur chez un Haploïde :

Error detection



Lors de l'observation en IGV en utilisant PLOIDY = 1, les séquences répétées sont perçues comme des SNPs, qui de plus auraient pu être considérés avec une faible qualité, cependant pour une raison inconnu le logiciel prenait une seule possibilité en la considérant comme juste :

CNV ?



En effet La 2ème ligne on perçoit bien 2 SNP chez l'individu référence, mais quand il s'agit des autres individus lignes 3-4 on remarque une très forte augmentation de SNP de plusieurs types, là où on retrouve nos séquences répétées :

