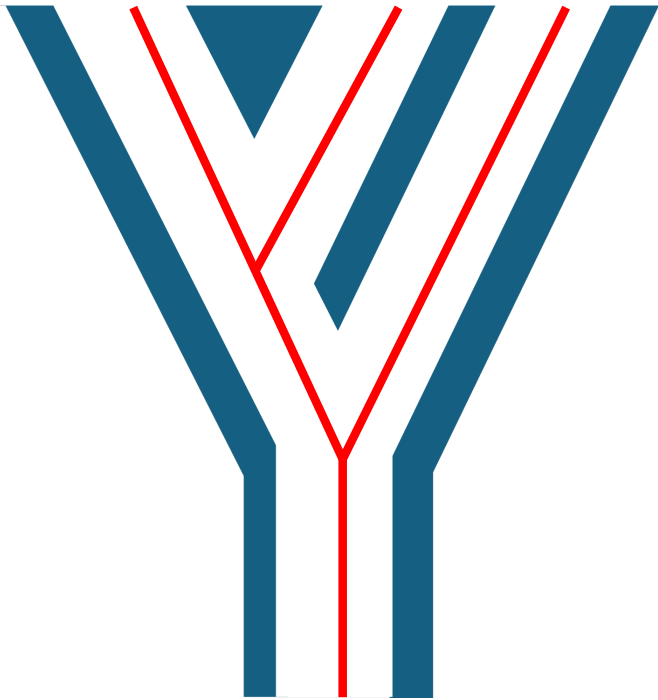


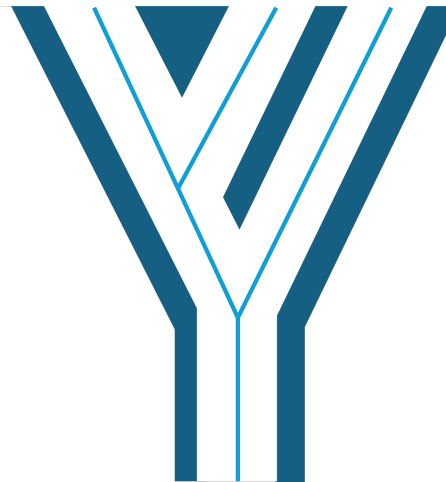
Arbre des espèces



Arbres géniques vs arbres des espèces



Arbre génique 1

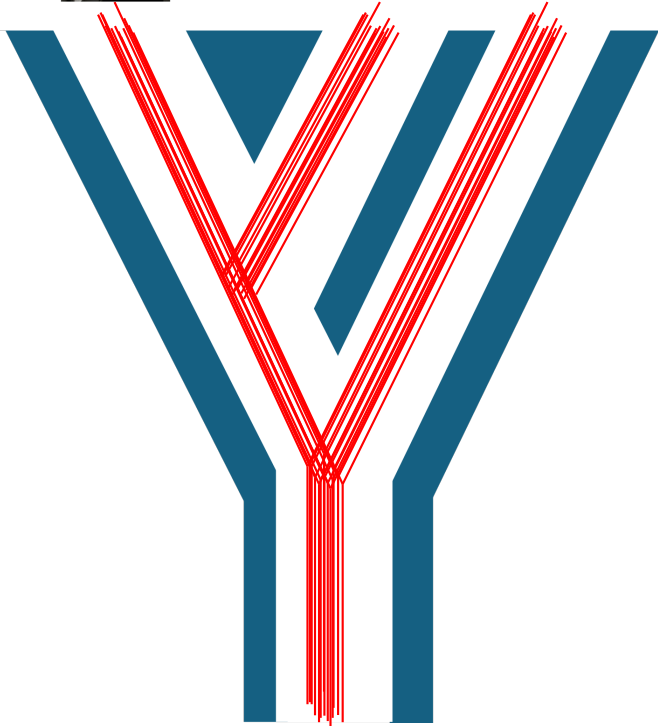


Arbre génique 2

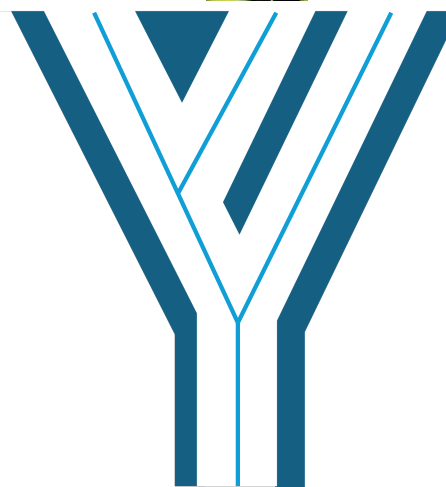


Arbre génique 3

Arbres géniques vs arbres des espèces



Arbre génique 1

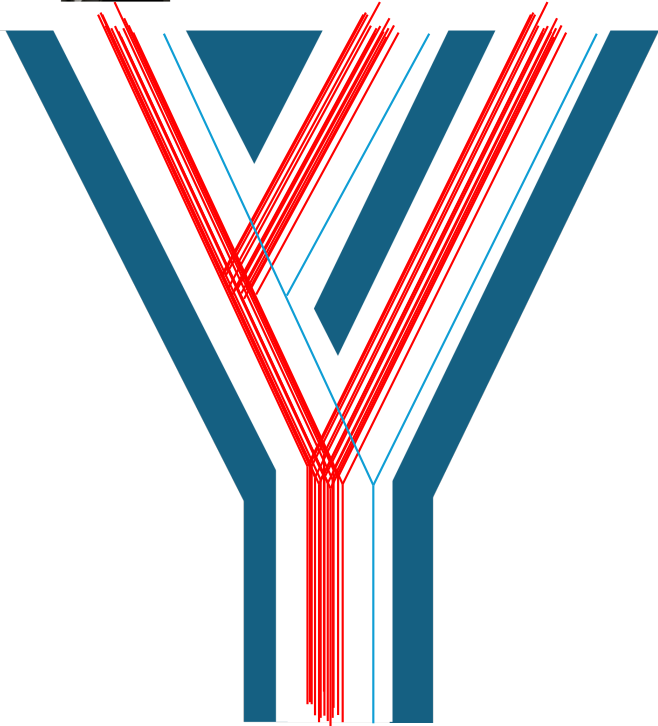


Arbre génique 2

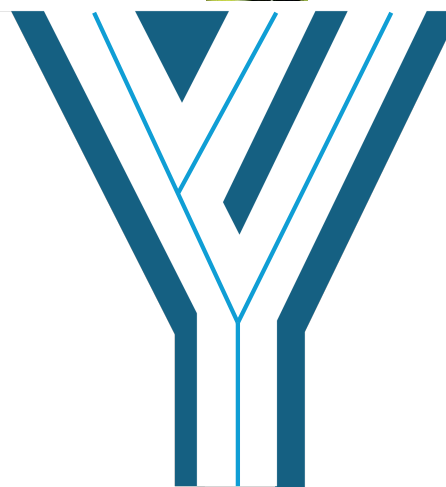


Arbre génique 3

Arbres géniques vs arbres des espèces



Arbre génique 1 + Arbre génique 2

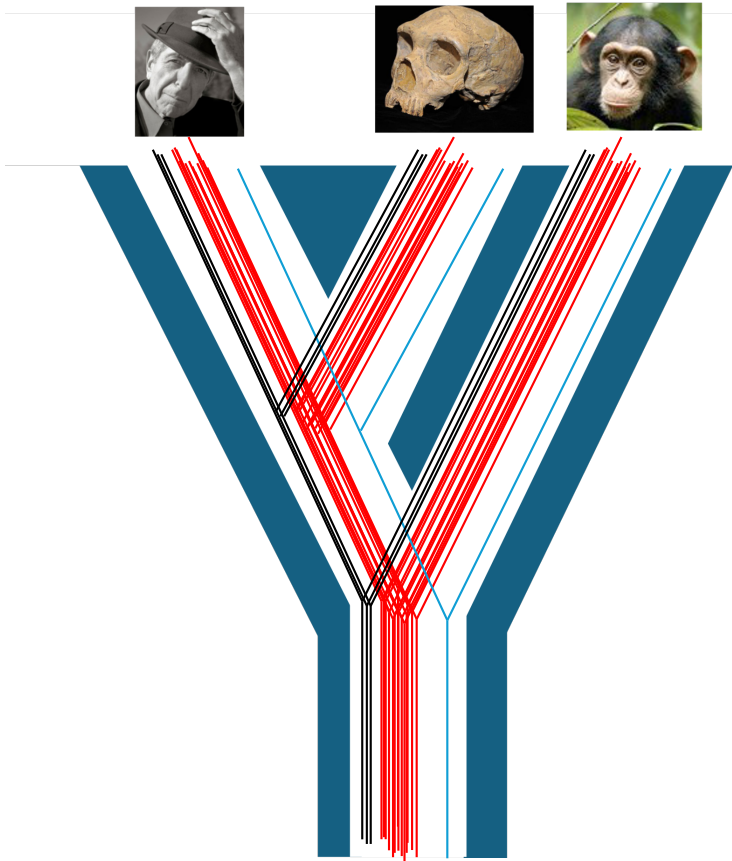


Arbre génique 2

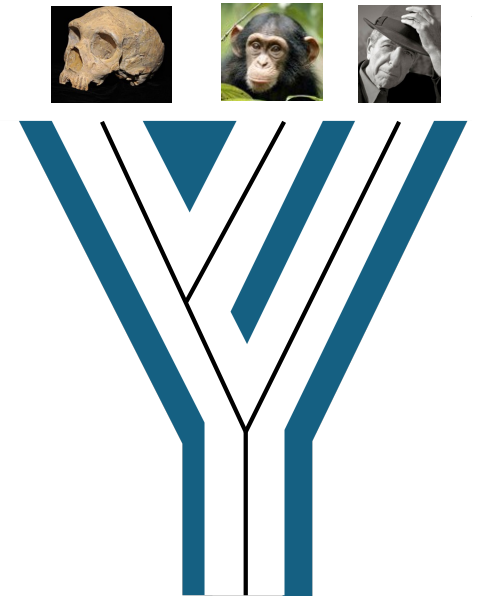


Arbre génique 3

Arbres géniques vs arbres des espèces



Arbre génique 2

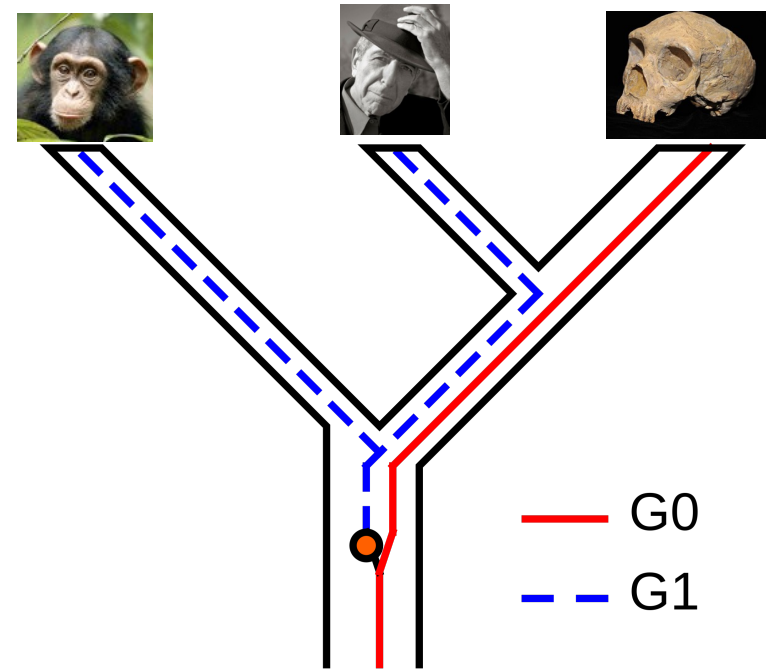


Arbre génique 3

Arbre génique 1 + Arbre génique 2 + Arbre génique 3

Tri de lignée incomplète (Incomplete lineage sorting)

Quand un polymorphisme génétique ne coalesce pas au sein d'une seule espèce. Il coalesce dans l'ancêtre commun de plusieurs espèces



ABBA BABA Test d'introgression (statistique D)

A



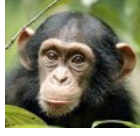
A



A

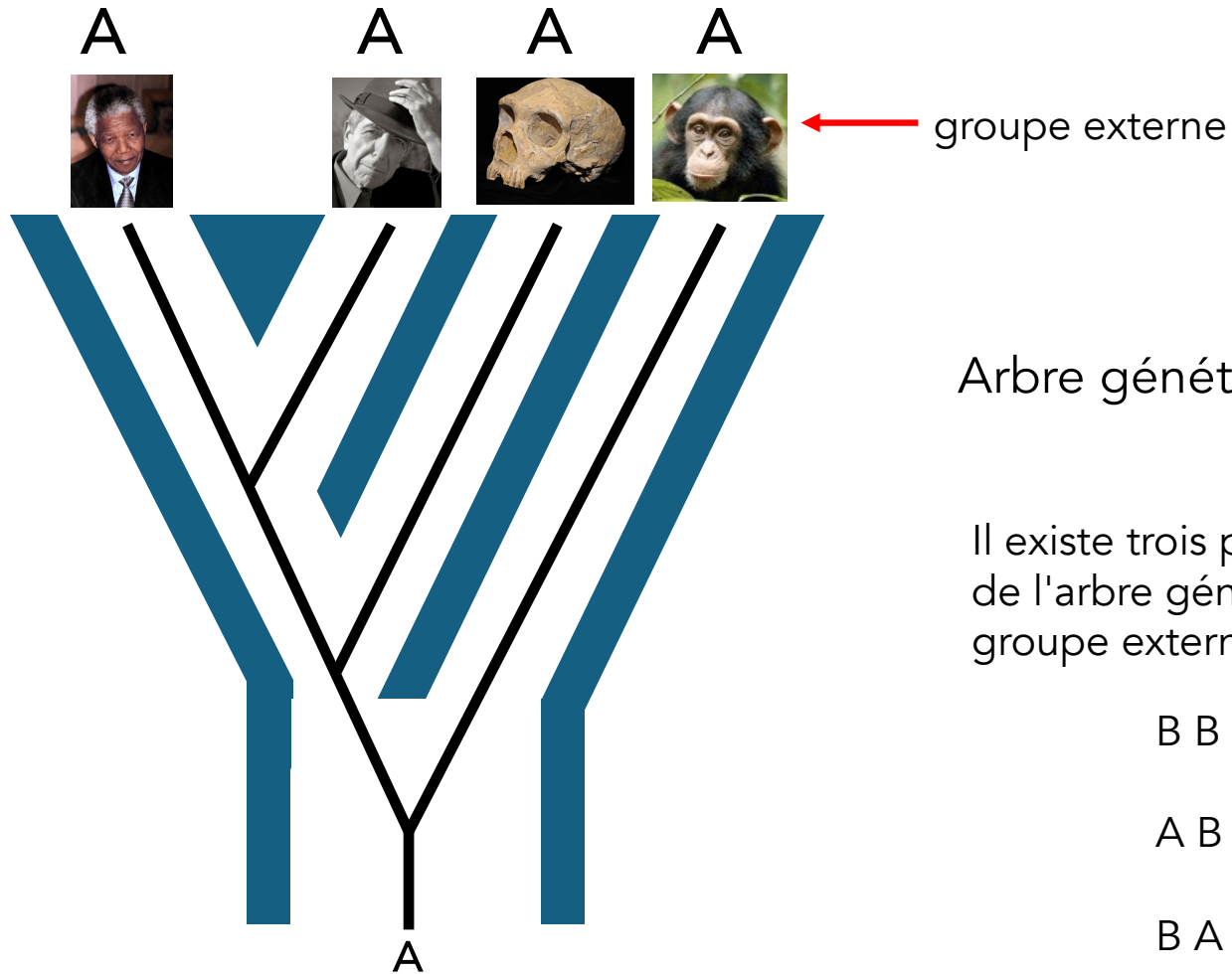


A

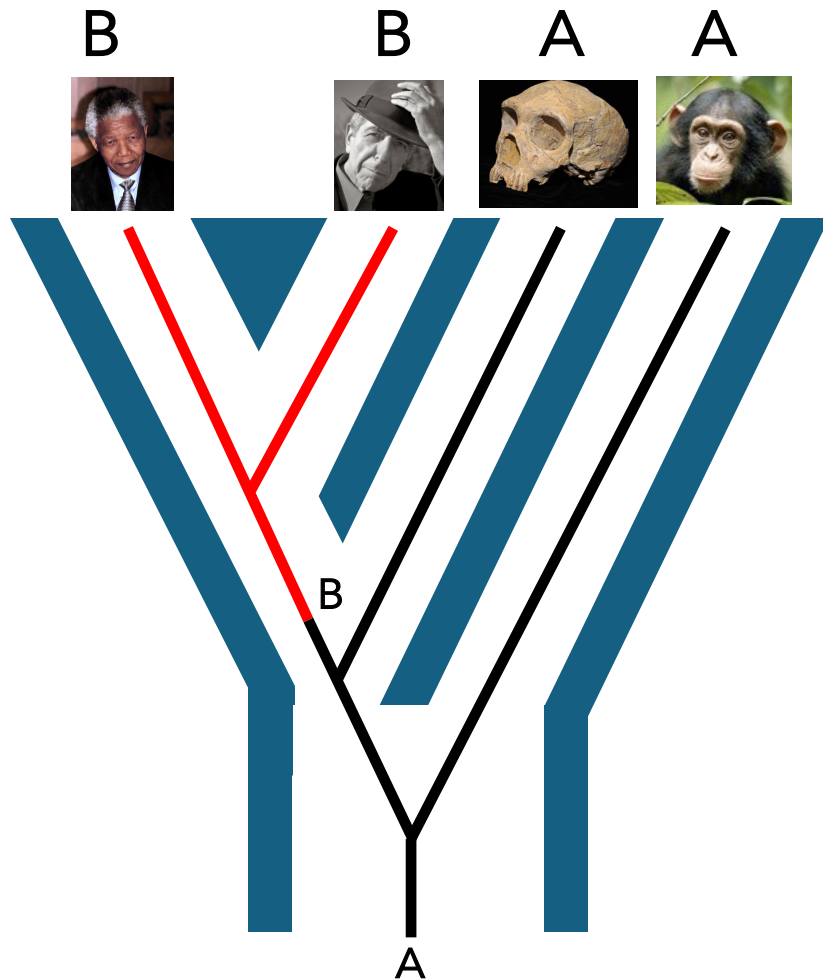


Arbre génique à allèle unique

ABBA BABA Test d'introgression (statistique D)



ABBA BABA Test d'introgression (statistique D)

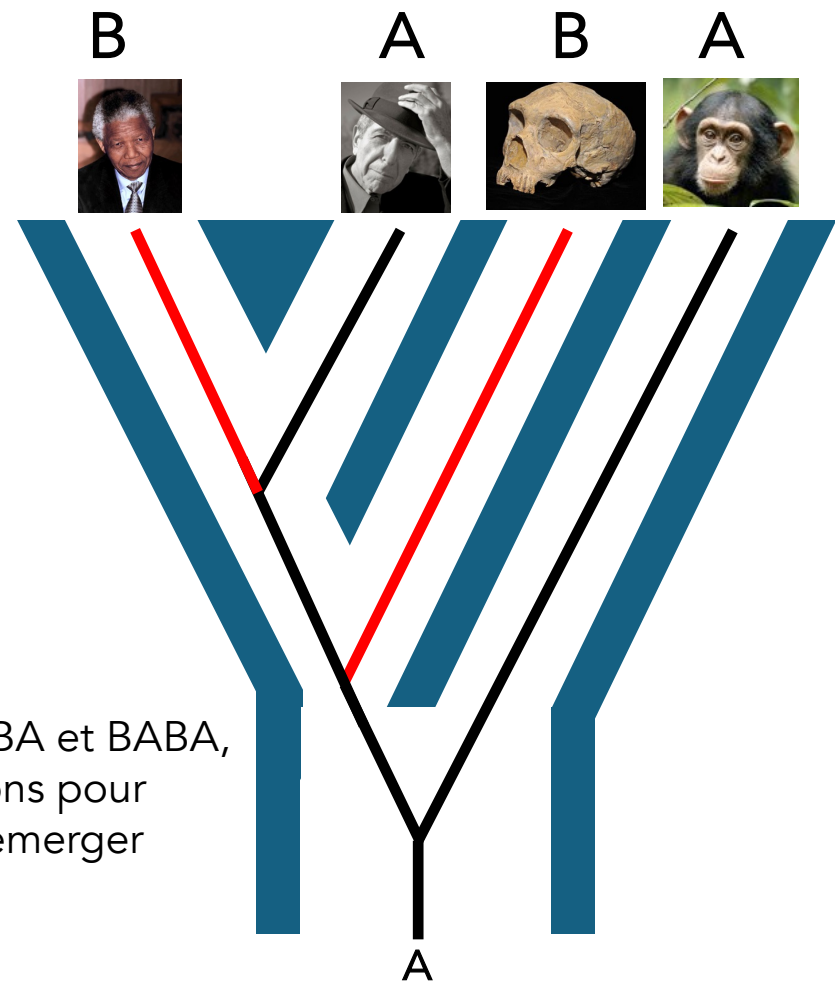


Polymorphisme ancestral

Il est peu probable qu'il y ait eu des mutations séparées dans deux branches terminales.

Ce n'est pas intéressant pour un test d'introgression

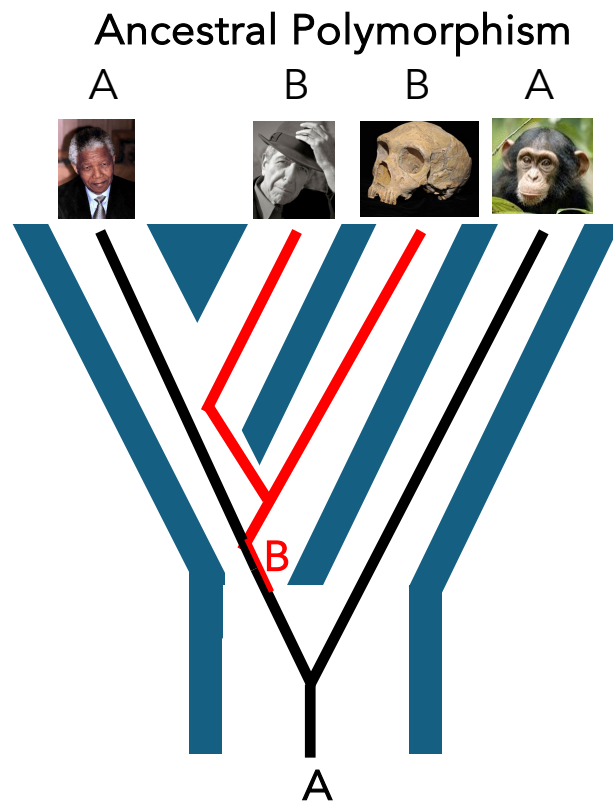
ABBA BABA Test d'introgression (statistique D)



Avec les arbres ABBA et BABA,
il y a deux façons pour
ce schéma d'émerger

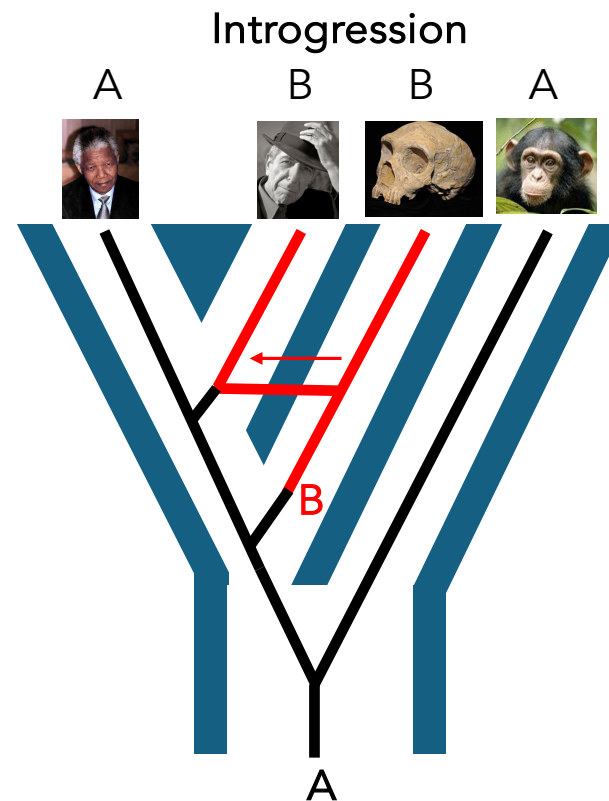
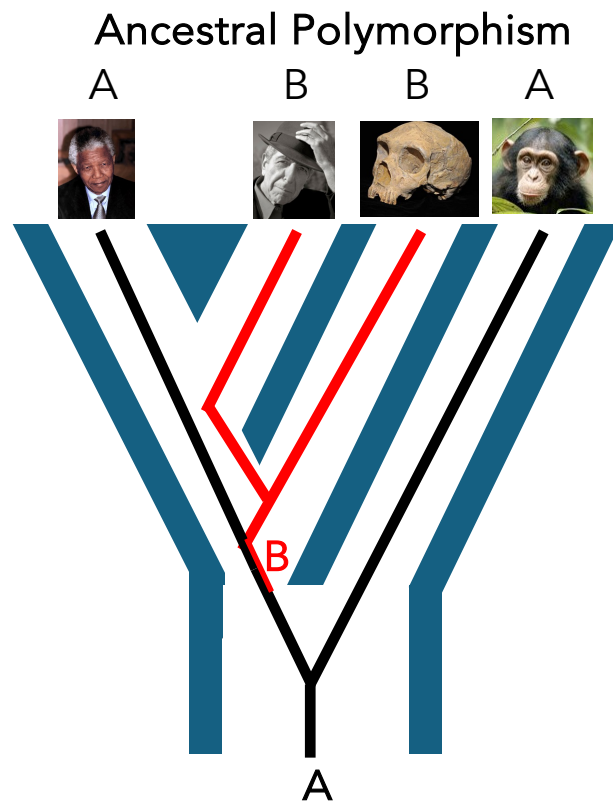
ABBA BABA Test d'introgression (statistique D)

Il est possible qu'il y ait eu un polymorphisme ancestral (A & B) chez l'ancêtre des trois taxons non externes. Dans ce cas, les allèles A ont dérivé jusqu'à la fixation dans la population humaine africaine et l'allèle B a dérivé jusqu'à la fixation dans la population européenne et chez les Néandertaliens.



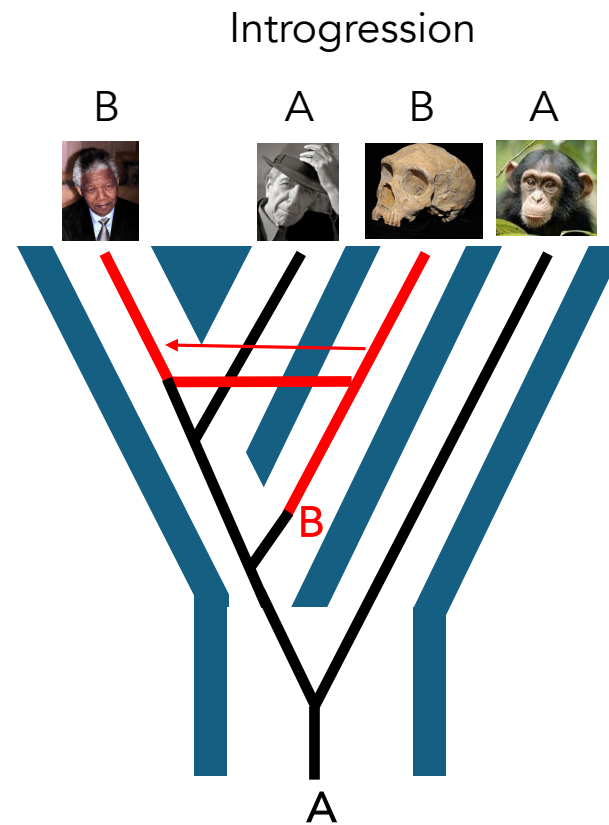
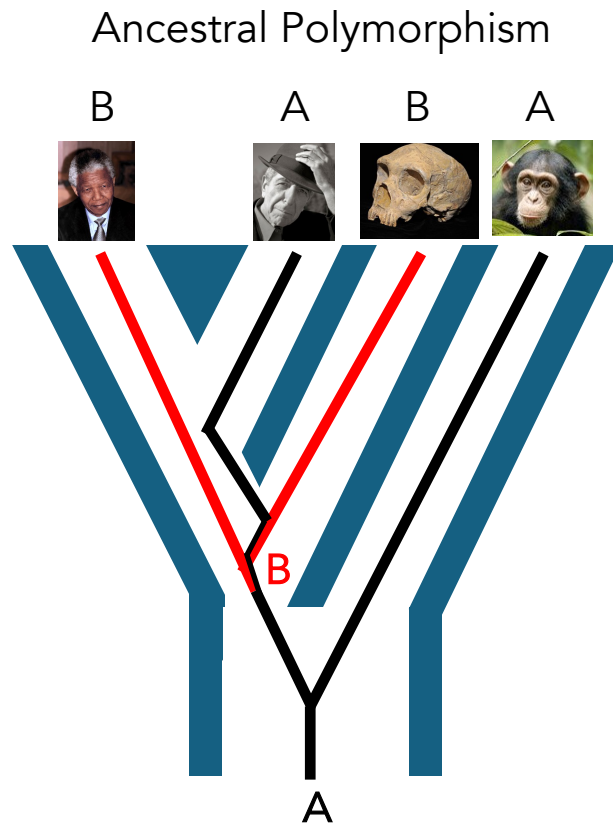
ABBA BABA Test d'introgression (statistique D)

Alternativement, il est possible que l'allèle B soit arrivé dans une population (dans ce cas les Néandertaliens) et après s'être croisé avec les Européens mais pas avec les Africains, l'allèle est entré dans la population humaine.



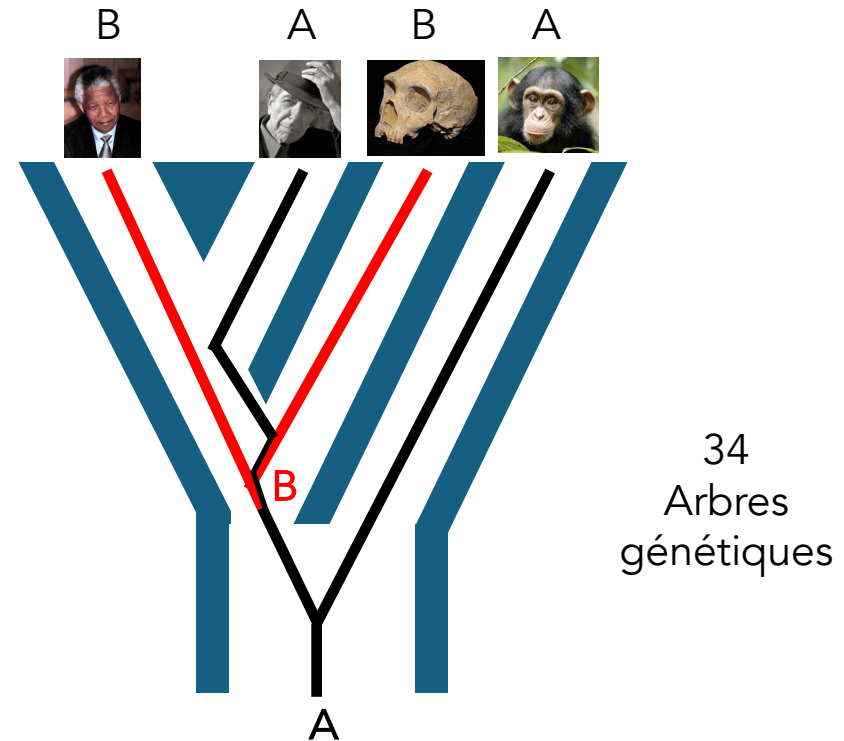
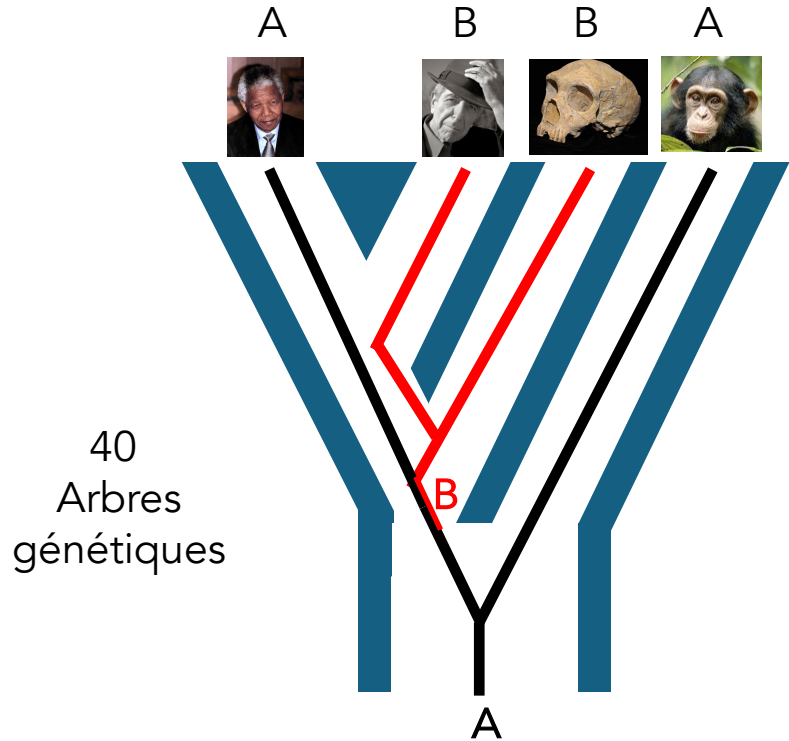
ABBA BABA Test d'introgression (statistique D)

La même relation peut se produire dans les populations opposées dans l'état de l'arbre génique
BABA



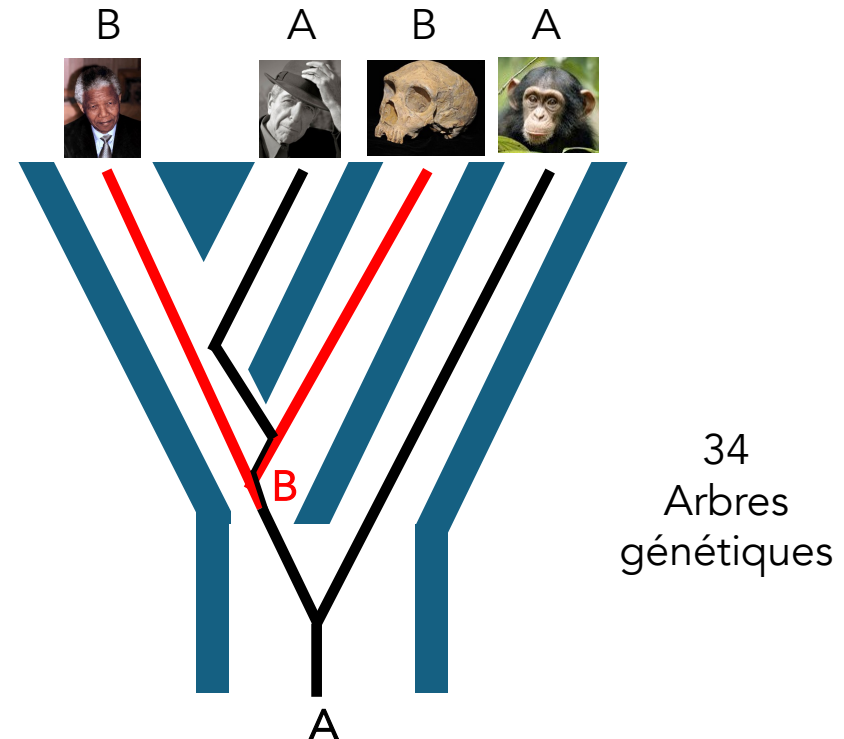
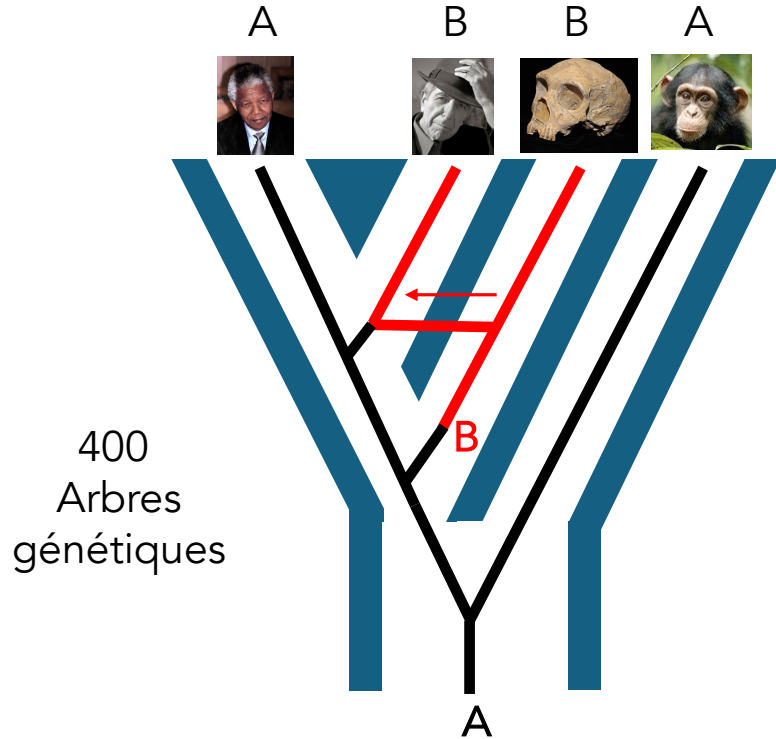
ABBA BABA Test d'introgression (statistique D)

Il y aura un certain nombre d'arbres génétiques qui ne correspondent pas à l'arbre des espèces. Si cela est le résultat d'un tri de lignée incomplet, alors la proportion des états ABBA et BABA devrait être à peu près égale

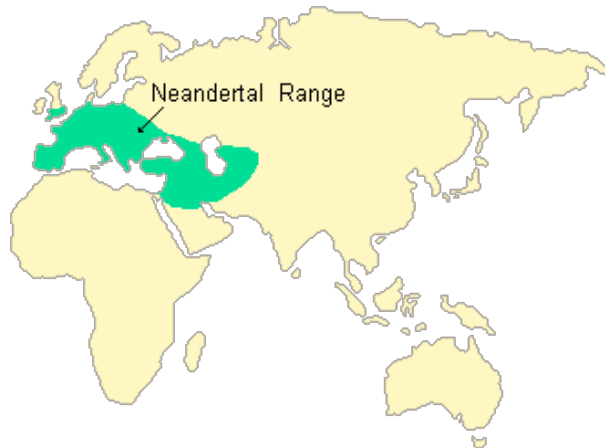


ABBA BABA Test d'introgression (statistique D)

Cependant, s'il y a un flux génique entre deux espèces après leur séparation, alors la proportion des états ABBA et BABA sera inégale. Il est très peu probable que cela se soit produit par un tri de lignée incomplet. Par exemple, ici, il y a beaucoup plus d'arbres ABBA que de BABA, ce qui indique qu'il y a probablement eu introgression entre les Néandertaliens et les humains modernes non africains.



Introgression entre Néandertaliens et humains



Environ 1 à 4 % des génomes des humains non africains pourraient provenir des Néandertaliens.



Population comparison	H ₁	H ₂	% Neandertal matching to H ₂ – % Neandertal matching to H ₁ (±1 standard error)
African - African African to Non-African	HGDP01029 (San)	HGDP01029 (Yoruba)	-0.1 ± 0.4
	HGDP01029 (San)	HGDP00521 (French)	4.2 ± 0.4
	HGDP01029 (San)	HGDP00542 (Papuan)	3.9 ± 0.5
	HGDP01029 (San)	HGDP00778 (Han)	5.0 ± 0.5
	HGDP01029 (Yoruba)	HGDP00521 (French)	4.5 ± 0.4
	HGDP01029 (Yoruba)	HGDP00542 (Papuan)	4.4 ± 0.6
	HGDP01029 (Yoruba)	HGDP00778 (Han)	5.3 ± 0.5
	HGDP00521 (French)	HGDP00542 (Papuan)	0.1 ± 0.5
Non-African to Non-African	HGDP00521 (French)	HGDP00778 (Han)	1.0 ± 0.6
	HGDP00542 (Papuan)	HGDP00778 (Han)	0.7 ± 0.6

Green et al. 2010 *Science*. A draft sequence of the Neandertal genome.