

# Annuaire du Collège de France

121<sup>e</sup> année

2020  
2021

Résumé des cours et travaux



COLLÈGE  
DE FRANCE  
— 1530 —



# Annuaire du Collège de France

Cours et travaux du Collège de France

121 | 2024  
2020-2021

---

## Génomique humaine et évolution

Lluis Quintana-Murci

---



### Édition électronique

URL : <https://journals.openedition.org/annuaire-cdf/19400>

DOI : 10.4000/12ku0

ISBN : 978-2-7226-0778-1

ISSN : 2109-9227

### Éditeur

Collège de France

### Édition imprimée

Date de publication : 18 novembre 2024

Pagination : 227-234

ISBN : 978-2-7226-0777-4

ISSN : 0069-5580

Ce document vous est fourni par Collège de France



### Référence électronique

Lluis Quintana-Murci, « Génomique humaine et évolution », *L'annuaire du Collège de France* [En ligne], 121 | 2024, mis en ligne le 01 octobre 2024, consulté le 28 novembre 2024. URL : <http://journals.openedition.org/annuaire-cdf/19400> ; DOI : <https://doi.org/10.4000/12ku0>

---

Le texte et les autres éléments (illustrations, fichiers annexes importés), sont « Tous droits réservés », sauf mention contraire.

## GÉNOMIQUE HUMAINE ET ÉVOLUTION

### Luis Quintana-Murci

Membre de l'Institut (Académie des sciences),  
professeur au Collège de France

---

La série de cours « Évolution humaine et génétique des populations (suite) » est disponible en audio et vidéo sur le site internet du Collège de France (<https://www.college-de-france.fr/fr/agenda/cours/evolution-humaine-et-genetique-des-populations-suite>).

---

## ENSEIGNEMENT

### COURS - ÉVOLUTION HUMAINE ET GÉNÉTIQUE DES POPULATIONS (SUITE)

#### Introduction

Dès le début de la génétique moderne, on a distingué quatre facteurs majeurs qui influencent la variabilité génétique : la mutation qui produit de nouveaux types génétiques, la sélection naturelle qui favorise les types génétiques conférant aux individus une meilleure adaptation à l'environnement dans lequel ils évoluent, la dérive génétique qui est l'effet du hasard dû aux fluctuations des fréquences de types génétiques d'une génération à l'autre et la migration. Cependant, les processus démographiques et sélectifs sont difficiles à distinguer car ils peuvent avoir des effets identiques sur la variabilité génétique. Par exemple, la sélection naturelle et l'histoire des populations peuvent se mimer l'une et l'autre dans les signatures moléculaires laissées sur la variabilité du génome : une expansion récente d'une population peut

produire un signal qui pourrait être confondu avec celui d'un balayage sélectif (sélection positive) au niveau d'un gène.

Le cours « Évolution humaine et génétique des populations (suite) » a pour objectif de montrer comment le progrès des connaissances sur la variabilité du génome au niveau des populations humaines et sur les différents facteurs qui façonnent cette variabilité aide à comprendre l'histoire démographique de l'Homme, son adaptation à l'environnement ainsi que les relations entre diversité génétique et diversité phénotypique, que cette dernière soit bénigne ou responsable de maladies.

### **Cours 1 - Génétique, histoire de l'Homme et adaptation à l'environnement**

Ce cours abordera de manière résumée la façon dont nous pouvons utiliser les outils en génétique et la diversité du génome humain entre différentes populations pour mieux comprendre les origines de notre espèce, ses migrations et son adaptation biologique à l'environnement changeant, y compris le climat ou les ressources nutritionnelles.

### **Cours 2 - La révolution paléogénomique dans l'histoire de l'Homme : l'apport de l'ADN fossile**

Ce cours abordera une des plus grandes révolutions dans le domaine de la génomique : la possibilité de séquencer l'ADN provenant des fossiles, une discipline connue sous le nom de paléogénomique. Nous verrons comment ces études nous ont permis de mieux comprendre les relations entre nos ancêtres *Homo sapiens* et d'autres formes humaines, comme les Néandertaliens ou les Denisoviens.

### **Cours 3 - L'Homme et les microbes : une double et longue liaison**

Êtres humains et microbes entretiennent en effet une relation permanente et à double tranchant. Dans la flore intestinale, ils se complètent, mais il arrive que des microorganismes soient pathogènes, provoquant ainsi des maladies infectieuses chez l'Homme. Ce cours abordera les différentes façons dont les humains se sont adaptés aux fléaux infligés par les agents pathogènes.

### **Cours 4 - Impact de la génétique et les pratiques culturelles sur maladies humaines**

Une des spécificités de notre espèce est sa très grande diversité culturelle qui, de façon identique aux gènes, est transmise de génération en génération. Les traits culturels chez l'Homme, qui prennent une place prépondérante y compris pour sa survie, sont transmis au cours des générations. Ce qui soulève la question suivante : comment les différences culturelles entre populations humaines interagissent avec la diversité biologique de celles-ci ? Ce cours abordera cette question à travers différents

exemples, illustrant la façon dont les pratiques culturelles peuvent avoir un impact sur la diversité génétique des populations humaines et leurs maladies.

COLLOQUE - *GENETIC ADMIXTURE:  
INFERENCE AND EVOLUTIONARY CONSEQUENCES*

Ce colloque a été annulé à cause de la crise sanitaire liée au Covid-19.

COURS À L'EXTÉRIEUR

**Université McGill, Montréal (Canada)**

Dans le cadre des cours que j'ai dispensés à l'université McGill (Montréal, Canada), du 3 au 7 mai 2021, trois cours ont été donnés en anglais, sur les thématiques :

- « *Dissecting the genetic and evolutionary factors driving immune response variation* » ;
- « *Human immunology through the lens of evolutionary genetics* » ;
- « *The genomic history of neglected populations: A focus on Africa and the Pacific* ».

RECHERCHE

Durant la période 2020-2021, nous nous sommes intéressés à mieux comprendre la façon dont la sélection naturelle, l'histoire démographique et le mode de vie ont influencé la diversité génétique des populations humaines, afin de mieux comprendre l'impact de celle-ci sur la variabilité phénotypique et les maladies. Nos projets utilisent ainsi une approche multidisciplinaire, qui intègre la génétique humaine, la génétique des populations, la génomique, la biologie évolutive et l'immunologie. Nos travaux contribuent à une meilleure compréhension de la diversité génétique et épigénétique des populations humaines, leurs migrations et mélanges, et les effets de la sélection naturelle, en particulier ceux qui sont imposés par les pathogènes, sur le génome humain.

Nos projets de recherches s'articulent ainsi autour de deux thématiques de recherche.

### HISTOIRE DÉMOGRAPHIQUE ET ADAPTATIVE DES POPULATIONS DU PACIFIQUE SUD (Choin *et al.*, *Nature*, 2021)

Nous nous sommes intéressés aux populations peu étudiées du Pacifique Sud, qui sont très touchées par des maladies infectieuses comme le Zika, la dengue, ou encore le chikungunya, d'une part, et les maladies métaboliques telles l'obésité ou le diabète, d'autre part. En effet, peu après la sortie de l'Homme d'Afrique, un premier peuplement du Pacifique a eu lieu en Océanie proche (Papouasie-Nouvelle-Guinée, archipel Bismarck et îles Salomon) il y a environ 45 000 ans, alors que l'Océanie lointaine (Vanuatu, Wallis et Futuna, Polynésie, etc.) restait inhabitée. Il est admis qu'il y a 5 000 ans, des humains sont partis de Taïwan pour enfin peupler, pour la première fois, l'Océanie lointaine. Sur la route qui les a menés jusqu'en ces terres éloignées, les ancêtres de ces populations ont rencontré des groupes d'hommes archaïques, avec lesquels ils se sont métissés. Grâce au séquençage du génome de 320 individus issus de Taïwan, des Philippines, des îles Salomon, de Santa Cruz et du Vanuatu, nous avons pu dater le peuplement par l'Homme des différentes îles de l'Océanie proche à environ 40000 ans, confirmant les hypothèses archéologiques. Nos données montrent également que ce peuplement a été suivi par une période d'isolement génétique entre îles et révèlent une importante réduction de la taille de la population juste avant cet événement.

Nous nous sommes également intéressés à l'héritage néandertalien et dénisovien dans ces populations. Nous avons constaté que, contrairement à l'héritage néanderthalien, très homogène entre les populations étudiées (2,5 %), l'héritage de l'Homme de Denisova varie considérablement : de presque 0 % à Taiwan et aux Philippines à jusqu'à 3,2 % au Vanuatu (Océanie lointaine). En outre, notre étude confirme que l'héritage néandertalien confère des mutations bénéfiques aux populations actuelles associées à de nombreux phénotypes (pigmentation de la peau, métabolisme, développement neuronal, etc.), tandis que le métissage avec Denisovien a apporté presque exclusivement des mutations bénéfiques reliées à la réponse immunitaire, permettant aux populations du Pacifique de mieux survivre aux pathogènes locaux. Notre étude montre, en outre, que le métissage avec les Denisoviens ne s'est pas fait en une fois, mais au cours d'au moins quatre événements indépendants. Enfin, on constate que le métabolisme des lipides, et du cholestérol en particulier, a également été la cible de la sélection naturelle en Océanie. Cet éclairage donne des pistes pour mieux comprendre pourquoi les changements récents de mode de vie de ces populations peuvent s'être accompagnés de désordres métaboliques.

### RECONSTRUCTION DE L'HISTOIRE DE LA TUBERCULOSE EN EUROPE À TRAVERS UNE APPROCHE GÉNOMIQUE (Kerner *et al.*, *Am J Hum Genet*, 2021)

La tuberculose (TB), généralement causée par la bactérie *Mycobacterium tuberculosis*, est la première cause de décès par maladie infectieuse à l'échelle mondiale.

La découverte récente que les homozygotes pour le polymorphisme P1104A de TYK2 présentent un risque plus élevé de développer des formes cliniques de TB a fourni la première preuve d'une prédisposition commune et monogénique à la TB, offrant une opportunité unique d'étudier l'évolution de l'Homme face à un agent pathogène mortel. Nous avons voulu reconstruire l'histoire de l'exposition humaine à la tuberculose en déterminant la trajectoire évolutive du variant TYK2 P1104A en Europe, où la tuberculose est considérée comme la maladie infectieuse la plus meurtrière pendant l'histoire. En tirant parti de 1 013 génomes humains anciens, ayant vécu en Europe de la période Mésolithique jusqu'à nos jours (10 000 dernières années), et en utilisant une approche de calcul bayésienne, nous avons constaté que le variant P1104A est apparue il y a environ 30 000 ans. En outre, nous montrons qu'à la suite de mouvements de population à grande échelle d'agriculteurs anatoliens pendant le néolithique et d'éleveurs de steppes eurasiennes en Europe, le variant P1104A a considérablement fluctué en fréquence au cours des 10 000 dernières années, avec une diminution spectaculaire de fréquence après l'âge du bronze. Nos analyses indiquent qu'une telle baisse de fréquence est attribuable à une forte sélection négative commençant il y a environ 2 000 ans. Ensemble, ces résultats fournissent des preuves génétiques que la tuberculose a imposé un lourd fardeau à la santé européenne au cours des deux derniers millénaires.

## PUBLICATIONS

Bastard P., Gervais A., Le Voyer T., Rosain J., Philippot Q., Manry J., Michailidis E., Hoffmann H.H., Eto S., Garcia-Prat M., Bizien L., Parra-Martínez A., Yang R., Haljasmägi L., Migaud M., Särekannu K., Maslovskaja J., de Prost N., Tandjaoui-Lambiotte Y., Luyt C.E., Amador-Borrero B., Gaudet A., Poissy J., Morel P., Richard P., Cognasse F., Troya J., Trouillet-Assant S., Belot A., Saker K., Garçon P., Rivière J.G., Lagier J.C., Gentile S., Rosen L.B., Shaw E., Morio T., Tanaka J., Dalmau D., Tharaux P.L., Sene D., Stepanian A., Megarbane B., Triantafyllia V., Fekkar A., Heath J.R., Franco J.L., Anaya J.M., Solé-Violán J., Imberti L., Biondi A., Bonfanti P., Castagnoli R., Delmonte O.M., Zhang Y., Snow A.L., Holland S.M., Biggs C., Moncada-Vélez M., Arias A.A., Lorenzo L., Boucherit S., Coulibaly B., Anglicheau D., Planas A.M., Haerynck F., Duvlis S., Nussbaum R.L., Ozcelik T., Keles S., Bousfiha A.A., El Bakkouri J., Ramirez-Santana C., Paul S., Pan-Hammarström Q., Hammarström L., Dupont A., Kurolap A., Metz C.N., Aiuti A., Casari G., Lampasona V., Ciceri F., Barreiros L.A., Dominguez-Garrido E., Vidigal M., Zatz M., van de Beek D., Sahanic S., Tancevski I., Stepanovskyy Y., Boyarchuk O., Nukui Y., Tsumura M., Vidaur L., Tangye S.G., Burrell S., Duffy D. et Quintana-Murci L., « Autoantibodies neutralizing type I IFNs are present in ~ 4 % of uninfected individuals over 70 years old and account for ~ 20 % of COVID-19 deaths », *Science Immunology*, vol. 6, n° 62, 2021, <https://doi.org/10.1126/sciimmunol.abl4340>.

Rotival M., Cossart P. et Quintana-Murci L., « Reconstructing 50,000 years of human history from our DNA: Lessons from modern genomics », *Comptes rendus. Biologies*, vol. 344, n° 2, 2021, p. 177-187, <https://doi.org/10.5802/crbio.55>.

Peng K., Safonova Y., Shugay M., Popejoy A.B., Rodriguez O.L., Breden F., Brodin P., Burkhardt A.M., Bustamante C., Cao-Lormeau V.M., Corcoran M.M., Duffy D., Fuentes-

Guajardo M, Fujita R., Greiff V., Jönsson V.D., Liu X., Quintana-Murci L., Rossetti M., Xie J., Yaari G., Zhang W., Abedalthagafi M.S., Adekoya K.O., Ahmed R.A., Chang W.C., Gray C., Nakamura Y., Lees W.D., Khatri P., Alachkar H., Scheepers C., Watson C.T., Karlsson Hedestam G.B. et Mangul S., « Diversity in immunogenomics: The value and the challenge », *Nature Methods*, vol. 18, n° 6, 2021, p. 588-591, <https://doi.org/10.1038/s41592-021-01169-5>.

Kerner G., Patin E. et Quintana-Murci L., « New insights into human immunity from ancient genomics », *Current Opinion in Immunology*, vol. 72, 2021, p. 116-125, <https://doi.org/10.1016/j.coi.2021.04.006>.

Flores-Bello A., Bauduer F., Salaberria J., Oyharçabal B., Calafell F., Bertranpetit J., Quintana-Murci L. et Comas D., « Genetic origins, singularity, and heterogeneity of Basques », *Current Biology*, vol. 31, 2021, p. 2167-2177.e4, <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.03.010>.

Font-Porterías N., Caro-Consuegra R., Lucas-Sánchez M., Lopez M., Giménez A., Carballo-Mesa A., Bosch E., Calafell F., Quintana-Murci L. et Comas D., « The counteracting effects of demography on functional genomic variation: The Roma paradigm », *Molecular Biology and Evolution*, vol. 38, n° 7, 2021, p. 2804-2817, <https://doi.org/10.1093/molbev/msab070>.

Kerner G., Laval G., Patin E., Boisson-Dupuis S., Abel L., Casanova J.-L. et Quintana-Murci L., « Human ancient DNA analyses reveal the high burden of tuberculosis in Europeans over the last 2,000 years », *The American Journal of Human Genetics*, vol. 108, n° 3, 2021, p. 517-524, <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2021.02.009>.

Quintana-Murci L., « Dangerous liaisons: Human genetic adaptation to infectious agents », *Comptes rendus. Biologies*, vol. 343, n° 3, 2020, p. 297-309, <https://doi.org/10.5802/crbio.30>.

Choin J., Mendoza-Revilla J., Arauna L.R., Cuadros-Espinoza S., Cassar O., Larena M., Ko A.M.-S., Harmant C., Laurent R., Verdu P., Laval G., Boland A., Oloso R., Deleuze J.-F., Valentin F., Ko Y.-C., Jakobsson M., Gessain A., Excoffier L., Stoneking M., Patin E. et Quintana-Murci L., « Genomic insights into population history and biological adaptation in Oceania », *Nature*, vol. 592, n° 7855, 2021, p. 583-589, <https://doi.org/10.1038/s41586-021-03236-5>.

Rapaport F., Boisson B., Gregor A., Béziat V., Boisson-Dupuis S., Bustamante J., Jouanguy E., Puel A., Rosain J., Zhang Q., Zhang S.-Y., Gleeson J.G., Quintana-Murci L. Casanova J.-L., Abel L. et Patin E., « Negative selection on human genes underlying inborn errors depends on disease outcome and both the mode and mechanism of inheritance », *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 118, n° 3, art. e2001248118, 2021, <https://doi.org/10.1073/pnas.2001248118>.

Partula V., Deschasaux-Tanguy M., Mondot S., Victor-Bala A., Bouchemal N., Lécuyer L., Bobin-Dubigeon C., Torres M.J., Kesse-Guyot E., Charbit B., Patin E., Assmann K.E., Latino-Martel P., Julia C., Galan P., Hercberg S., Quintana-Murci L., Albert M.L., Duffy D., Lantz O., Savarin P., Triba M.N. et Touvier M. et The Milieu Intérieur Consortium, « Associations between untargeted plasma metabolomic signatures and gut microbiota composition in the *Milieu Intérieur* population of healthy adults », *British Journal of Nutrition*, vol. 126, n° 7, 2020, p. 982-992, <https://doi.org/10.1017/S0007114520004870>.

Yang R., Mele F., Worley L., Langlais D., Rosain J., Benhsaien I., Elarabi H., Croft C.A., Doisne J.M., Zhang P., Weisshaar M., Jarrossay D., Latorre D., Shen Y., Han J., Ogishi M., Gruber C., Markle J., Al Ali F., Rahman M., Khan T., Seeluthner Y., Kerner G., Husquin L.T., Maclsaac J.L., Jeljeli M., Errami A., Ailal F., Kobor M.S., Oleaga-Quintas C., Roynard M., Bourgey M., El Baghdadi J., Boisson-Dupuis S., Puel A., Batteux F., Rozenberg F., Marr N., Pan-Hammarström Q., Bogunovic D., Quintana-Murci L., Carroll T., Ma C.S., Abel L., Bousfiha A., Di Santo J.P., Glimcher L.H., Gros P., Tangye S.G., Sallusto F., Bustamante J. et Casanova J.-L., « Human T-bet governs innate and innate-like

adaptive IFN- $\gamma$  immunity against mycobacteria », *Cell*, vol. 183, n° 7, 2020, p. 1826-1847. e31, <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.10.046>.

Brodin P. et Quintana-Murci L., « Editorial overview: Evolutionary and systems immunology – methods to understand human immune system variation », *Current Opinion in Immunology*, vol. 65, 2020, p. iv, <https://doi.org/10.1016/j.coi.2020.11.001>.

Byrd A.L., Liu M., Fujimura K.E., Lyalina S., Nagarkar D.R., Charbit B., Bergstedt J., Patin E., Harrison O.J., Quintana-Murci L., Mellman I., Duffy D., Albert M.L. et The Milieu Intérieur Consortium, « Gut microbiome stability and dynamics in healthy donors and patients with non-gastrointestinal cancers », *Journal of Experimental Medicine*, vol. 218, n° 1, 2021, p. e20200606, <https://doi.org/10.1084/jem.20200606>.

Assouvie A., Rotival M., Hamroune J., Busso D., Romeo P.-H., Quintana-Murci L. et Rousselet G., « A genetic variant controls interferon- $\beta$  gene expression in human myeloid cells by preventing C/EBP- $\beta$  binding on a conserved enhancer », *PLOS Genetics*, vol. 16, n° 11, 2020, p. e1009090, <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1009090>.

Bastard P., Rosen L.B., Zhang Q., Michailidis E., Hoffmann H.-H., Zhang Y., Dorgham K., Philippot Q., Rosain J., Béziat V., Manry J., Shaw E., Haljasmägi L., Peterson P., Lorenzo L., Bizien L., Trouillet-Assant S., Dobbs K., de Jesus A.A., Belot A., Kallaste A., Catherinot E., Tandjaoui-Lambiotte Y., Pen J.L., Kerner G., Bigio B., Seeleuthner Y., Yang R., Bolze A., Spaan A.N., Delmonte O.M., Abers M.S., Aiuti A., Casari G., Lampasona V., Piemonti L., Ciceri F., Bilguvar K., Lifton R.P., Vasse M., Smadja D.M., Migaud M., Hadjadj J., Terrier B., Duffy D., Quintana-Murci L., van de Beek D., Roussel L., Vinh D.C., Tangye S.G., Haerynck F., Dalmau D., Martinez-Picado J., Brodin P., Nussenzweig M.C., Boisson-Dupuis S., Rodríguez-Gallego C., Vogt G., Mogensen T.H., Oler A.J., Gu J., Burbelo P.D., Cohen J.I., Biondi A., Bettini L.R., D'Angio M., Bonfanti P., Rossignol P., Mayaux J., Rieux-Laucat F., Husebye E.S., Fusco F., Ursini M.V., Imberti L., Sottini A., Paghera S., Quiros-Roldan E., Rossi C., Castagnoli R., Montagna D., Licari A., Marseglia G.L., Duval X., Ghosn J., HGID Lab, NIAID-USUHS Immune Response to COVID Group, COVID Clinicians, COVID-STORM Clinicians, Imagine COVID Group, French COVID Cohort Study Group, The Milieu Intérieur Consortium, CoV-Contact Cohort, Amsterdam UMC Covid-19 Biobank, COVID Human Genetic Effort, Tsang J.S., Goldbach-Mansky R., Kisand K., Lionakis M.S., Puel A., Zhang S.-Y., Holland S.M., Gorochov G., Jouanguy E., Rice C.M., Cobat A., Notarangelo L.D., Abel L., Su H.C. et Casanova J.-L., « Autoantibodies against type I IFNs in patients with life-threatening COVID-19 », *Science*, vol. 370, n° 6515, 2020, <https://doi.org/10.1126/science.abd4585>.

Rotival M., Siddle K.J., Silvert M., Pothlichet J., Quach H. et Quintana-Murci L., « Population variation in miRNAs and isomiRs and their impact on human immunity to infection », *Genome Biology*, vol. 21, n° 1, 2020, p. 187, <https://doi.org/10.1186/s13059-020-02098-w>.

Bianco E., Laval G., Font-Porterias N., García-Fernández C., Dobon B., Sabido-Vera R., Sukarova Stefanovska E., Kučinskas V., Makukh H., Pamjav H., Quintana-Murci L., Netea M.G., Bertranpetit J., Calafell F. et Comas D., « Recent common origin, reduced population size, and marked admixture have shaped European Roma genomes », *Molecular Biology and Evolution*, vol. 37, n° 11, 2020, p. 3175-3187, <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa156>.

Rausell A., Luo Y., Lopez M., Seeleuthner Y., Rapaport F., Favier A., Stenson P.D., Cooper D.N., Patin E., Casanova J.-L., Quintana-Murci L. et Abel L., « Common homozygosity for predicted loss-of-function variants reveals both redundant and advantageous effects of dispensable human genes », *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 117, n° 24, 2020, p. 13626-13636, <https://doi.org/10.1073/pnas.1917993117>.

Partula V., Deschasaux M., Druesne-Pecollo N., Latino-Martel P., Desmetz E., Chazelas E., Kesse-Guyot E., Julia C., Fezeu L.K., Galan P., Hercberg S., Mondot S., Lantz O., Quintana-Murci L., Albert M.L., Duffy D., The Milieu Intérieur Consortium, Srour B. et Touvier M., « Associations between consumption of dietary fibers and the risk of cardiovascular diseases, cancers, type 2 diabetes, and mortality in the prospective NutriNet-Santé cohort », *The American Journal of Clinical Nutrition*, vol. 112, n° 1, 2020, p. 195-207, <https://doi.org/10.1093/ajcn/nqaa063>.

Barreiro L.B. et Quintana-Murci L., « Evolutionary and population (epi)genetics of immunity to infection », *Human Genetics*, vol. 139, n° 6-7, 2020, p. 723-732, <https://doi.org/10.1007/s00439-020-02167-x>.

Morgan M.D., Patin E., Jagla B., Hasan M., Quintana-Murci L. et Marioni J.C., « Quantitative genetic analysis deciphers the impact of cis and trans regulation on cell-to-cell variability in protein expression levels », *PLOS Genetics*, vol. 16, n° 3, 2020, p. e1008686, <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008686>.

Rotival M. et Quintana-Murci L., « Functional consequences of archaic introgression and their impact on fitness », *Genome Biology*, vol. 21, n° 1, 2020, p. 3, <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1920-z>.