



**DEMANDE D'AUTORISATION D'INSCRIPTION  
A L'HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES**

Arrêté du 23 novembre 1988 relatif à l'habilitation à diriger des recherches

à transmettre à : [scolarite.etudes-doctorales@univ-lyon1.fr](mailto:scolarite.etudes-doctorales@univ-lyon1.fr)

**NOM DE FAMILLE :** Segurel

**PRENOM :** Laure

**NOM D'USAGE :**

**CIVILITE :**  Mme  M.

**DATE DE NAISSANCE :** 13/07/1984

**Précisions éventuelles sur votre situation personnelle ou familiale à porter à la connaissance de la Commission (nombre et âges des enfants ...)** : 3 enfants (1, 5 et 8 ans)

**Situation professionnelle actuelle** (indiquez la date de nomination) : CR CNRS depuis le 1<sup>er</sup> octobre 2013

**Adresse professionnelle actuelle** (mentionnez le nom du directeur de votre structure/unité) : UMR5558 LBBE Biométrie et Biologie Evolutive, Université Claude Bernard Lyon 1, 43 Bd du 11 Novembre 1918, 69622 Villeurbanne Cedex, France  
Directeurs d'unité: Fabrice Vavre (DU) et Emmanuel Desouhant (Du adjoint).

**Section CNU / CNRS :** Section 29 – CID 52

**Téléphone :** 04.72.43.26.28

**Courriel :** laure.segurel@univ-lyon1.fr

**Thématique de recherche actuelle :**

Adaptation des espèces à leur environnement : sélection positive, balancée, et microbiote intestinal

**Brève description du parcours professionnel (précisez les dates) :**

**Depuis Sept 2020 :** Chargée de recherche CNRS dans l'UMR 5558 Biométrie et Biologie Evolutive (CNRS – UCB Lyon 1 – VetAgroSup), Lyon, France

**Oct 2013 - 2020 :** Chargée de recherche CNRS dans l'UMR 7206 Eco-anthropologie (CNRS – MNHN – Université de Paris), Paris, France

**Mars 2010 - Juil 2013 :** Post-doctorat dans le laboratoire de Molly Przeworski, Département de Génétique Humaine, Université de Chicago, USA

**Sept 2006 - Janv 2010 :** Thèse de Doctorat sous la co-direction d'Evelyne Heyer et de Renaud Vitalis dans l'UMR 7206 Eco-Anthropologie et Ethnobiologie

**Motivations pour présenter l'H.D.R (minimum 10 lignes) :**

Je souhaite présenter l'HDR pour avoir plus d'autonomie pour développer mes projets de recherche et donc encadrer des étudiant.e.s en thèse sans dépendre d'un co-directeur HDR. Cela m'est d'autant plus nécessaire que j'ai changé de laboratoire en septembre 2020 (UMR7206 Eco-anthropologie -> UMR5558 Biométrie et Biologie Evolutive). J'ai donc particulièrement besoin de pouvoir faire émerger de nouvelles thématiques de recherche qui me sont propres dans ce laboratoire, notamment des projets de recherche en génétique des populations humaines et autour de la co-évolution hôte-microbiote, ce qui serait favorisé par la possibilité d'encadrer de façon indépendante des étudiant.e.s en thèse.

De plus, je démarre le co-encadrement d'une étudiante en thèse à la rentrée 2023 (Célia Lacomme, en co-encadrement avec REHABS) pour laquelle j'aimerais être co-directrice de thèse.

**Motivations pour le choix de LYON 1 (pour les candidats extérieurs) :**

**Avez-vous déjà fait une demande d'inscription en vue de ce diplôme dans un autre établissement ?** oui  non

**Si oui, précisez l'année et l'établissement :** J'ai fait une demande début 2021 auprès de l'UCLB qui a émis un avis favorable, mais du fait de mon congé maternité en 2021-2022 (et de mes arrêts maladie liés à ma grossesse), je n'ai pas trouvé le temps de finaliser ce projet d'écriture.

**CURSUS UNIVERSITAIRE (depuis le M2 - DEA) ET PROFESSIONNEL :**

**ANNEE            NIVEAU            ETABLISSEMENT - LABORATOIRE            FINANCEMENT**

Depuis 2020	Chargée de recherche CNRS	UMR 5558 Biométrie et Biologie Evolutive, Lyon France	
2013-2020	Chargée de recherche CNRS	UMR 7206 Eco-Anthropologie, Paris, France	
2010-2013	Post-doctorat dans le laboratoire de M Przeworski	Université de Chicago, USA	HHMI (Howard Hugues Medical Institute)
2006-2010	Thèse de Doctorat en anthropologie génétique sous la direction de E Heyer et R Vitalis	UMR 7206 Eco-Anthropologie et Ethnobiologie, Paris, France	ED392 Diversité du vivant (Univ. Pierre et Marie Curie)
2004-2006	Master du Magistère Européen de Génétique	Université Paris Diderot (Paris 7), France	

**Avez-vous obtenu un Diplôme d'Etat de Docteur ?**

EN MEDECINE

EN PHARMACIE

EN MEDECINE VETERINAIRE

EN ODONTOLOGIE

AUTRES (Précisez) :

**Si oui, précisez la date et l'établissement d'obtention :**

**DOCTORAT :**

Titre : Mode de vie et diversité génétique dans les populations humaines d'Asie Centrale

**Structure d'accueil (laboratoire et établissement) :** Laboratoire « Eco-anthropologie et ethnobiologie » du Département « Hommes, Natures, Sociétés », UMR 7206 MNHN - CNRS - Université Paris Diderot

**Directeur de thèse :** Dr Evelyne Heyer et Dr Renaud Vitalis

**date début/ date fin :** Septembre 2006 / Janvier 2010

**RESUME DES TRAVAUX DE THESE (une demi-page maximum) :**

Cette thèse a eu pour objectif de s'interroger sur l'influence du mode de vie sur la diversité génétique humaine. Nous avons pour cela étudié plusieurs ethnies d'Asie Centrale qui diffèrent de par leur organisation sociale et leur mode de subsistance. Nous avons d'abord comparé la diversité génétique a priori neutre de populations patrilinéaires et cognatiques (populations se définissant par leur ascendance paternelle ou indifféremment par les deux sexes, respectivement). Cette étude, basée sur les autosomes et le chromosome X, nous a permis de montrer que les hommes ont un effectif efficace et un taux de migration réduits par rapport aux femmes chez les patrilinéaires, mais non chez les cognatiques. Ensuite, nous avons testé si les éleveurs et les agriculteurs ont subi différentes pressions de sélection liées à l'alimentation. Pour le gène de la lactase (digestion du lactose) et de l'AGXT (facilitant la digestion de la viande), nous n'avons pas trouvé de différence de diversité génétique entre populations. Cependant, nous avons montré que les éleveurs (représentés par les Kirghiz) présentent près de deux fois plus de résistance à l'insuline, phénotype proposé comme une adaptation aux faibles quantités de glucides dans l'alimentation, que les agriculteurs (représentés par les Tadjiks). Nous avons également mis en évidence des signatures d'adaptation locale entre éleveurs et agriculteurs sur certains gènes associés à la résistance à l'insuline. Ainsi, ces populations semblent s'être adaptées à des régimes alimentaires différents. Cette thèse conforte donc l'hypothèse d'une influence des facteurs culturels sur l'évolution de la diversité génétique des populations humaines.

**ENCADREMENT DE TRAVAUX DE RECHERCHE (maximum 5) :****EFFECTUÉS:**

Nom - Prénom de l'étudiant	Etablissement d'inscription	Formation (Master, Doctorat, Thèse d'exercice)	Encadrants et % d'encadrement	Date de l'encadrement	Publications (n° de la liste)
Bouteille Léa	MNHN (ED227)	Doctorat	F. Austerlitz et M. Elias (33%)	2017-2020 (thèse interrompue début 2020 après un arrêt maladie)	
Marchi Nina	MNHN (ED227)	Doctorat	E. Heyer (50%)	2014-2017	N°3-6-9-12-16
Lucotte Elise	MNHN (ED227)	Doctorat	E. Heyer et B. Toupance (co-encadrement non officiel)	Encadrement démarré en cours de thèse (2013-2015)	N°19

**EN COURS :**

Nom - Prénom de l'étudiant	Etablissement d'inscription	Formation (Master, Doctorat, Thèse d'exercice)	Encadrants et % d'encadrement	Date de l'encadrement	Publications (n° de la liste)
----------------------------	-----------------------------	--	-------------------------------	-----------------------	-------------------------------

Lacomme Célia	UCB Lyon 1 (ED341)	Doctorat	V. Rougeron (50%)	2023-2026	
Adam Johanne	MNHN (ED227)	Doctorat	E. Heyer et R. Chaix (40%)	2022-2025	

### PROJETS D'ENCADREMENT A COURT TERME ⇄

Nom - Prénom de l'étudiant	Etablissement d'inscription	Formation (Master, Doctorat, Thèse d'exercice)	Ecole doctorale	Année universitaire

**Commentaire libre :**

### RESUME DU PROJET SCIENTIFIQUE A COURT TERME :

Thématique, insertion institutionnelle, projet d'équipe... (1 page maximum) :

Mes travaux de recherche s'intéressent principalement à la manière dont les espèces s'adaptent à leur environnement. Parmi les différents modes d'adaptation génétique, certains, très étudiés, réduisent la diversité à l'échelle d'une espèce (sélection positive et négative), tandis que d'autres (que l'on peut regrouper sous le terme de sélection balancée) maintiennent la diversité génétique à l'échelle d'une espèce, et sont moins étudiés.

La sélection balancée a été proposée comme étant à l'origine de la grande diversité phénotypique observée dans la nature mais elle est complexe à étudier car elle recouvre différents mécanismes assez différents (avantage à l'hétérozygote, sélection fréquence-dépendante négative, sélection fluctuant dans le temps et l'espace). La question de sa prévalence à l'échelle du génome, et des mécanismes principaux sous-jacents reste donc ouverte. Il semble cependant que ce mode d'adaptation semble particulièrement fréquent dans le cadre des interactions hôtes-pathogènes. Le projet scientifique que je souhaite développer ces prochaines années s'attachera justement à mieux comprendre i) dans quelle mesure la sélection balancée impacte la diversité génétique à l'échelle du génome, ii) quelle est la temporalité de ce mode d'adaptation (transitoire ou persistante dans le temps), iii) quelles sont les cibles fonctionnelles principales de la sélection balancée, iv) si les mécanismes causaux sous-jacents entraînent principalement des fréquences alléliques stables ou instables dans le temps et v) si la sélection balancée touche principalement des variants génétiques structuraux ou nucléotidiques.

Pour répondre à ces questions, je tirerai avantage de données de polymorphismes et de divergence au sein et entre espèces proches, disponibles non seulement chez les primates mais aussi chez les oiseaux gobe-mouches. La comparaison de ces deux jeux de données permettra également de mieux comprendre l'influence des paysages de recombinaison (stables chez les oiseaux, instables chez les primates) et des tailles efficaces de populations (plus importantes chez les oiseaux) sur les différents paramètres de la sélection balancée.

En parallèle, je démarre le co-encadrement, avec Virginie Rougeron du REHABS, d'une thèse sur l'effet de l'urbanisation sur le microbiote intestinal et plus généralement l'état de santé de babouins chacma en Afrique du Sud. Dans la continuité de mes précédents travaux chez l'Homme, l'objectif de ce projet de recherche est de comprendre comment les changements alimentaires liés à l'urbanisation chez les babouins chacma, en l'occurrence la consommation opportunistique d'aliments transformés, gras et/ou sucrés trouvés dans des poubelles sur des campus universitaires, influencent la diversité et composition de leur microbiote intestinal, et en quoi ces potentielles modifications microbiennes influencent leur état de santé.

**PRINCIPALES ACTIVITES D'ENSEIGNEMENT :**

DISCIPLINE	ANNEE	NIVEAU	ETABLISSEMENT	HEURES
Génomique en Ecologie et Evolution	2023- présent	Master 2	UCB Lyon 1	1h30
Formation CNRS NGS	2022- présent	Formation	CNRS entreprises	7h
Approches interdisciplinaires en Ecologie, Evolution et Génomique	2022- présent	Master 1	UCB Lyon 1	1h30
Génétique et Génomique des Populations	2020- présent	Master 1	ENS Lyon 1	2h
Ecologie, Evolution, Génomique	2020-présent	Master 2	UCB Lyon 1	5h
Anthropologie de l'alimentation	2020	Master 2	MNHN	2h30
Génomomes, Populations, Espèces	2017-2020	Master 2	ENS Paris	1h30
Anthropologie biologique	2015-2022	License 2	MNHN-IRD	2h
Primatologie	2015-2021	Cours public du Museum	MNHN	1h30
Alimentation et sociétés	2018	Master 2	MNHN	2h

**CONTRATS DE RECHERCHE (3 au maximum) :**

**Organismes privés, Université, Région, ACI, Europe..... Mentionnez : les dates, les montants, le cas échéant le(s) numéro(s) de(s) publication(s) correspondante(s), puis indiquez « C » si coordinateur, et « P » si partenaire.**

- Prix de recherche IDF (Institut Danone France) – FRM (Fondation pour la Recherche Médicale) pour les Sciences de l'Alimentation. Dates : 2018-2019 ; Coordinateur ; Montant : 40.000€ ; Publications : N°3-8
- PEPS Adaptation et adaptabilité (CNRS). Dates : 2017 ; Coordinateur ; Montant : 12.000€ ; Publications : N°10
- ANR Jeune chercheur – Jeune chercheure MICROREGAL (ANR-15-CE02-0003, Défi 1). Dates : 2015-2020; Coordinateur ; Montant : 201.237€ ; Publications : N°5-7-8-9-10-11-13-17

**BREVETS :****PRINCIPALES CONFERENCES INVITEES (3 au maximum) :**

LIEU	ETABLISSEMENT / COLLOQUE	ANNEE
	2023 : Communication plénière invitée au « International Symposium on Human Genomics », Paris, France	

2019 : Communication plénière invitée au meeting « Eukaryome », Paris, France  
2017: Communication plénière invitée à EMBO: « Anaerobic protists : Integrating parasitology with mucosal microbiota and immunology », Newcastle, UK

**DESCRIPTION SUCCINCTE D'AUTRES ACTIVITES** (domaine clinique, éditorial, administratif, responsabilité collectives ...) :

Membre élue pour la section 29 du Comité national de la recherche scientifique (CoNRS) pour le collège B1, mandature 2021-2026

Membre du comité d'organisation du GDR AIEM (Approche Interdisciplinaire de l'Evolution Moléculaire) (2020-2024) : co-organisation du colloque virtuel AIEM (2020) ; co-organisation du colloque AIEM-ALPHY, Rennes (2022) ; comité scientifique du colloque ETEE, Univ Paris Saclay (2023)

Co-organisation du colloque annuel SMBEv, hub Europe-Afrique (3-8 juillet 2021)

Membre élue du conseil de laboratoire depuis 2020 (représentante des cadres B).

Comité de pilotage scientifique de P2GM (Paléogénomique et Génétique Moléculaire, plateau technique du MNHN – site du Musée de l'Homme) (2016-2020)

Membre d'un jury d HDR (2023) ; de 4 jurys de thèse (2023, 2021, 2021, 2018) ; de 7 comités de thèse ; Membre de jury pour les rapports et les oraux de Master 2 (UCBL-EEG, 2023 ; MNHN, 2016-2017)

Responsable de missions de terrain (échantillonnage biologique et culturel et missions de restitution de résultats): Cameroun 2020 (9 jours); Mongolie 2019 (12 jours) ; Cameroun 2017 (21 jours) ; Cameroun 2013 (12 jours) ; Kirghizistan 2007 (21 jours)

Evaluation d'articles scientifiques pour divers journaux (Nat Ecol Evol, Mol Biol Evol, PLoS Genet, Genome Biol...) et pour diverses demandes de financement (ERC, SNPRC, The Leakey Foundation, STARS, FWO...)

Participation à des articles scientifiques pour la presse écrite (Sciences et Vie, Sciences et Avenir, Pour la Science, le Temps, BBC, CNN-Digital, New Scientist, Planet-Vie, le Matin Dimanche)

Implications dans des événements de médiation scientifique (conférence grand public, table ronde, participation à des documentaires scientifiques, conseillère scientifique pour diverses expositions du MNHN, participation à des ouvrages grand public)

## **PUBLICATIONS dans des revues internationales à comité de lecture :**

Faites précéder les articles de votre thèse par « T », et par « E ». les articles ayant fait l'objet d'un encadrement d'étudiant de votre part. Indiquez votre nom en caractères **gras** et soulignez les noms des étudiants que vous avez encadrés.

Indiquer le facteur d'impact (IF) de la revue.

1. Fabre A, Fabre A, Bon C, Guerry P, **Ségurel L** (2023). Proposed mechanism for the selection of lactase persistence in childhood. *Bioessays* (IF 4.653). e2200243
2. Muktopavela R, Petr M, **Ségurel L**, Korneliussen T, Novembre J, Racimo F (2022). Modelling the spatiotemporal spread of beneficial alleles using ancient genomes. *Elife* (IF 8.713). 11:73767
3. E Suzuki TA, Fitzstevens L, Schmidt VT, Enav H, Huus K, Mbong Ngwese M, Griebhammer A, Pfeleiderer A, Adegbite BR, Zinsou JF, Esen M, Velavan TP, Adegnika AA, Huu Song L, Spector TD, Muehlbauer AL, Marchi N, Kang H, Maier L, Blekhan R, **Ségurel L**, Ko G, Youngblut ND, Kreamsner P, Ley RE (2022). Codiversification of gut microbiota with humans. *Science* (IF 63.83). 377(6612):1328-1332
4. Gombault C, Grenet G, **Ségurel L**, Duret L, Gueyffier F, Cathébras P, Pontier D, Mainbourg S, Sanchez-Mazas A, Lega JC (2022). Population designations in biomedical research: Limitations and perspectives. *HLA* (IF 9.2). 101(1):3-15
5. Amato KR, Arrieta M, Azad MB, Bailey MT, Broussard JL, Bruggeling C, Claud EC, Costello EK, Davenport E, Dutilh BE, Swain Ewald HA, Ewald P, Hanlon EC, Julion W, Keshavarzian A, Maurice CF, Miller G, Preidis G, **Ségurel L**, Singer B, Subramanian S, Zhao L, Kuzawa CW (2021). The human gut microbiome and health inequities. *Proc Natl Acad Sci U S A* (IF 12.291). 118(25):e2017947118
6. E Masi S, Austerlitz F, Chabaud C, Lafosse S, Marchi N, Georges M, Dessarps-Freichy F, Miglietta S, Sotto-Mayor A, San Galli A, Meulman E, Pouydebat E, Krief S, Todd A, Fuh T, Breuer T & **Ségurel L** (2021). No evidence for female kin association, indications for extragroup paternity, and sex-biased dispersal patterns in wild western gorillas. *Ecology and Evolution* (IF 2.91). 11(12):7634-7646
7. Groussin M, Poyet M, Sistiaga A, Kearney SM, Moniz K, Noel M, Hooker J, Gibbons SM, **Ségurel L**, Froment A, Said Mohamed R, Fezeu A, Juimo V, Lafosse S, Tabe FE, Girard C, Iqaluk D, Nguyen LTT, Shapiro J, Lehtimäki JMS, Ruokolainen L, Kettunen PP, Vatanen T, Sigwazi S, Mabulla A, Domínguez-Rodrigo M, Nartey YA, Agyei-Nkansah A, Duah A, Awuku YA, Valles KA, Asibey SO, Afihene MY, Roberts L, Plymoth A, Onyekwere CA, Summons RE, Xavier RJ, Alm EJ (2021). Elevated rates of horizontal gene transfer in the industrialized human microbiome. *Cell* (IF 41.582). 184(8):2053-2067
8. E Even G, Lokmer A, Rodrigues J, Audebert C, Viscogliosi E, **Ségurel L** #, Chabé M# (2021). Changes in the human gut microbiota associated with colonization by *Blastocystis* sp. and *Entamoeba* spp. in non-industrialized populations. Accepted in *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology* (IF 4.123). #Co-supervised this work
9. E **Ségurel L**, Guarino-Vignon P, Marchi N, Lafosse S, Laurent R, Bon C, Fabre A, Hegay T, Heyer E (2020). Why and when was lactase persistence selected for? Insights from Central Asian herders and ancient DNA. *PLoS Biology* (IF 7.076). 18(6):e3000742
10. E Lokmer A, Aflalo S, Amougou N, Lafosse S, Froment A, Ekwin-Tabé F, Poyet M, Groussin M, Said-Mohamed R, **Ségurel L** (2020). Response of the human gut and saliva microbiome to urbanization in Cameroon. *Scientific Reports* (IF 3.998). 10(1):2856
11. E Lokmer A, Cian A, Froment A, Gantois N, Viscogliosi E, Chabé M#, **Ségurel L** # (2019). Use of shotgun metagenomics for the identification of protozoa in the gut microbiota of healthy individuals from worldwide populations with various industrialization levels. *PLoS One* (IF 2.740). 14(2):e0211139 #Co-supervised this work
12. E Marchi N, Menecier P, Georges M, Lafosse S, Hegay T, Dorjou T, Chichlo B, **Ségurel L** #, Heyer E# (2018). Close inbreeding and low genetic diversity in Inner Asian human populations despite geographical exogamy. *Scientific Reports* (IF 3.998). 8(1):9397 #Co-supervised this work

13. E Chabé M, Lokmer A, **Ségurel L** (2017) Gut protozoa: friends or foes of the human gut microbiota? *Trends Parasitol* (IF 3.998). 33(12):925-934
14. Charlier P, Augias A, Sansonetti P, Bon C, Kennedy S, **Ségurel L** (2017) Importance of intestinal paleomicrobiome study for contemporaneous medical problematics. *M SMedecine Sciences* (IF 0.692). N°33(11):984-990
15. **Ségurel L**, Bon C (2017). On the evolution of lactase persistence in humans. *Annu Rev Genom Hum Genet* (IF 7.243). 18:297-319
16. E **Marchi N**, Hegay T, Mennecier P, Georges M, Laurent R, Whitten M, Endicott P, Aldashev A, Dorzhu C, Nasyrova F, Chichlo B, **Ségurel L** #, Heyer E# (2017). Sex specific genetic diversity is shaped by cultural factors in Inner Asian human populations. *Am J Phys Anthropol* (IF 2.414). 162(4):627-640 #Co-supervised this work
17. E **Dikongué E**, **Ségurel L** (2017). Latitude as a co-driver of human gut microbial diversity. *Bioessays* (IF 4.627). doi :10.1002/bies.201600145
18. Pickrell JK, Berisa T, Liu JZ, **Ségurel L**, Tung JY, Hinds D (2016). Detection and interpretation of shared genetic influences on 42 human traits. *Nat Genet* (IF 27.603) . 48(7):709-17
19. E **Lucotte EA**, Laurent R, Heyer E, **Ségurel L** #, Toupance B# (2016). Detection of allelic frequency differences between the sexes in humans : a signature of sexually antagonistic selection. *Genome Biol Evol* (IF 3.462). 8(5):1489-500 #Co-supervised this work
20. E Morton ER, Lynch J, Froment A, Lafosse S, Heyer E, Przeworski M, Blekhman R#, **Ségurel L** # (2015). Variation in rural African gut microbiota is strongly correlated with colonization by *Entamoeba* and subsistence. *PLoS Genetics* (IF 5.174). 11(11):e1005658 #Co-supervised this work
21. Kermany AR, **Ségurel L**, Oliver TR, Przeworski M (2014). TroX: a new method to learn about the genesis of aneuploidy from trisomic products of conception. *Bioinformatics* (IF 5.610). 30(14):2035-42
22. Aimé C, Verdu P, **Ségurel L**, Martinez-Cruz B, Hegay T, Heyer E, Austerlitz F (2014). Microsatellite data show recent demographic expansions in sedentary but not in nomadic human populations in Africa and Eurasia. *Eur J Hum Genet* (IF 3.657). 22(10):1201-7
23. **Ségurel L** & Quintana-Murci L (2014). Preserving immune diversity through ancient inheritance and admixture. *Curr Opin Immunol* (IF 7.290). 30C:79-84
24. **Ségurel L**, Wyman MJ, Przeworski M (2014). Determinants of Mutation Rate Variation in the Human Germline. *Annu Rev Genomics Hum Genet* (IF 7.243). 15:47-70
25. Aimé C, Laval G, Patin E, Verdu P, **Ségurel L**, Chaix R, Hegay T, Quintana-Murci L, Heyer E, Austerlitz F (2013). Human genetic data reveal contrasting demographic patterns between sedentary and nomadic populations that predates the emergence of farming. *Mol Biol Evol* (IF 11.062). 30(12):2629-44
26. **Ségurel L**, Gao Z, Przeworski M (2013). Ancestry runs deeper than blood: The evolutionary history of ABO points to cryptic variation of functional importance. *Bioessays* (IF 4.627). 35(10):862-7.
27. **Ségurel L** (2013). The complex binding of PRDM9. *Genome Biol* (IF 10.806). 14(1):112.
28. Leffler EM\*, Gao Z\*, Pfeifer S\*, **Ségurel L** \*, Auton A, Venn O, Bowden R, Bontrop R, Wall JD, Sella G, Donnelly D, McVean G#, Przeworski M# (2013). Multiple instances of ancient balancing selection shared between humans and chimpanzees. *Science* (IF 41.845). 339(6127):1578-82. \* Equally contributed. # Co-supervised this work
29. T **Ségurel L**, Austerlitz F, Toupance B, Gautier M, Kelley JL, Pasquet P, Lonjou C, Georges M, Voisin S, Cruaud C, Couloux A, Hegay T, Aldashev A, Vitalis R, Heyer E (2013) Positive selection of protective variants for type 2 diabetes from the Neolithic onward: a case study in Central Asia. *Eur J Hum Genet* (IF 3.657). 21(10):1146-51
30. **Ségurel L** \*, Thompson EE\*, Flutre T, Lovstad J, Venkat A, Margulis SW, Moysé J, Ross S, Gamble K, Sella G, Ober C#, Przeworski M# (2012) The ABO blood group is a transspecies polymorphism in primates. *Proc Natl Acad Sci U S A* (IF 9.412). 109(45):18493-8. \* Equally contributed. # Co-supervised this work
31. Leffler EM, Bullaughey K\*, Matute DR\*, Meyer WK\*, **Ségurel L** \*, Venkat A\*, Andolfatto P, Przeworski M (2012) Revisiting an old riddle: what determines genetic

- diversity levels within species? PLoS Biol (IF 7.076). 10(9):e1001388. \* Equally contributed
32. Auton A\*, Fledel-Alon A\*, Pfeifer S\*, Venn O\*, **Ségurel L**, Street T, Leffler EM, Bowden R, Aneas I, Broxholme J, Humburg P, Iqbal Z, Lunter G, Maller J, Hernandez R, Melton C, Venkat A, Nobrega M, Bontrop R, Myers S, Donnelly D#, Przeworski M, McVean G (2012) A fine-scale chimpanzee genetic map from population sequencing. Science (IF 41.845). 336(6078):193-8. \*Equally contributed.
  33. **Ségurel L**, Leffler EM, and Przeworski M (2011) The case of the fickle fingers: how the PRDM9 zinc finger specifies meiotic recombination hotspots in humans. PLoS Biol (IF 7.076). 9(12):e1001211
  34. T Heyer E, Brazier L, **Ségurel L**, Hegay T, Austerlitz F, Quintana-Murci L, Georges M, Pasquet P, Veuille M (2011) Lactase persistence in central Asia: phenotype, genotype and evolution. Hum Biol (IF 0.629). 83(3):379-92
  35. T Martínez-Cruz B, Vitalis R, **Ségurel L**, Austerlitz F, Georges M, Théry S, Quintana-Murci L, Hegay T, Aldashev A, Nasyrova F, Heyer E (2011) In the heartland of Eurasia: the multilocus genetic landscape in Central Asian populations. Eur J Hum Genet (IF 3.657). 19(2):216-23
  36. T Heyer E, **Ségurel L** (2010) Looking for signatures of sex-specific demography and local adaptation on the X chromosome. Genome Biol (IF 10.806). 11(1):203
  37. T **Ségurel L**, Lafosse S, Heyer E, Vitalis R (2010) Frequency of the AGT Pro11Leu polymorphism in humans: Does diet matter? Ann Hum Genet (IF 1.368). 74(1):57-64
  38. T Heyer E, Balaesque P, Jobling MA, Quintana-Murci L, Chaix R, **Ségurel L**, Aldashev A, Hegay T (2009) Genetic diversity and the emergence of ethnic groups in Central Asia. BMC Genet (IF 2.567). 10:49
  39. T **Ségurel L**, Martinez-Cruz B, Quintana-Murci L, Balaesque P, Georges M, Hegay T, Aldashev A, Nasyrova F, Jobling MA, Heyer E, Vitalis R (2008) Sex-specific genetic structure and social organization in Central Asia: insights from a multi-locus study. PLoS Genet (IF 5.174). 4(9):e1000200.

**SIEGE : Université Claude Bernard Lyon 1**

43, Boulevard du 11 Novembre 1918 - 69 622 Villeurbanne Cedex, France.

N° éducation nationale : 069 1774 D • n° SIRET : 196 917744 000 19 • code NAF 85.42 Z

TP LYON 10071 69000 00001004330 72

<http://www.univ-lyon1.fr> • téléphone : 04 72 44 80 00 • télécopie : 04 72 43 10 20

ACCOMPAGNER  
CRÉER  
PARTAGER