



STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

Rentrée 2016

Modèles bayésiens intégratifs pour la morphométrie

Université Claude Bernard Lyon 1

Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR CNRS 5558 Villeurbanne

Encadrants : Nicolas Lartillot (nicolas.lartillot@univ-lyon1.fr), Sabrina Renaud (sabrina.renaud@univ-lyon1.fr), Pascale Chevret (pascale.chevret@univ-lyon1.fr)

Présentation du Projet de recherche :

Comprendre le tempo et le mode d'évolution des traits phénotypiques, en relation avec l'écologie et le régime alimentaire, reste un des objectifs majeurs de la biologie évolutive contemporaine. De ce point de vue, la morphométrie géométrique, permettant la quantification de la forme de structures complexes, apporte des données précieuses, mais complexes à modéliser. Dans le cas des rongeurs murinés, l'évolution de la mandibule représente un cas particulièrement intéressant. La forme de la mandibule évolue en fonction du régime alimentaire, entre autres par le biais de contraintes biomécaniques, mais aussi en fonction d'autres facteurs tels que la masse corporelle. De leur côté, masse corporelle et régime alimentaire évoluent de façon corrélée. Enfin, la masse corporelle covarie avec des traits d'histoire de vie, tels que le temps de génération, qui détermine à son tour le taux d'évolution moléculaire. Au total, l'évolution morphologique de la mandibule chez les rongeurs représente un cas de coévolution entre différents aspects de la biologie des organismes.

Ce problème comparatif gagne à être formalisé au moyen de modèles d'évolution intégratifs, prenant explicitement en compte le couplage entre processus évolutifs opérant à différents niveaux (moléculaire, écologique et morphologique). Dans ce contexte, deux buts seront visés: (1) construire un modèle de l'évolution couplée entre données morphométriques, régime alimentaire, habitat et masse corporelle; (2) tester l'existence de corrélations entre le tempo et le mode d'évolution morphologique de la mandibule et la vitesse d'évolution moléculaire.

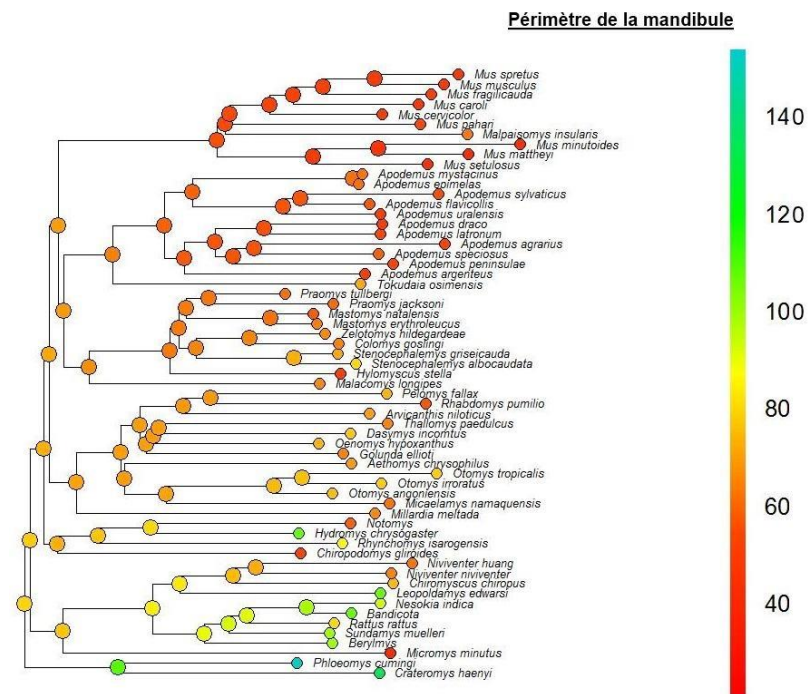
Complémentarités des porteurs, outils et moyens utilisés :

Ce stage sera l'occasion pour l'étudiant de découvrir les **méthodes d'inférence bayésienne par méthodes de Monte Carlo**, qui sont actuellement en plein essor en biologie évolutive, et plus généralement en bioinformatique. Il est le fruit d'une collaboration entre deux équipes du LBBE, faisant intervenir des compétences complémentaires. D'une part Sabrina Renaud et Pascale Chevret (Écologie et Évolution des Populations) apportent une expertise en morphométrie, phylogénie des rongeurs et en écologie évolutive. D'autre part, Nicolas Lartillot (Bioinformatique, Phylogénie et Génomique Évolutive) a développé un cadre de modélisation bayésienne intégrative, permettant de formaliser les problèmes comparatifs de coévolution de traits morphologiques et de taux d'évolution moléculaire le long de phylogénies. Sous la direction de NL, un modèle stochastique bayésien sera construit et programmé, afin de répondre au problème spécifique posé ici. L'analyse des données empiriques se fera ensuite sous la supervision conjointe de SR, PC et NL.

Références clés des porteurs du projet :

Lartillot, N., & Poujol, R. (2011). A phylogenetic model for investigating correlated evolution of substitution rates and continuous phenotypic characters. *Molecular Biology and Evolution*, 28(1), 729–744. <http://doi.org/10.1093/molbev/msq244>

Renaud, S., Chevret, P., & Michaux, J. (2007) Morphological vs. molecular evolution: ecology and phylogeny both shape the mandible of rodents. *Zoologica Scripta*, 36,; 525-535.



Reconstruction de l'évolution de la taille de la mandibule des murinés.

