



## STAGE DE RECHERCHE M2 ECOLOGIE EVOLUTION GENOMIQUE

Rentrée 2017

---

### Méthodes phylogénomiques alternatives pour dater l'arbre du vivant

**Université Claude Bernard Lyon 1**

**Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive UMR CNRS 5558 Villeurbanne**

**Encadrants** : Vincent Daubin (vincent.daubin@univ-lyon1.fr), Bastien Boussau (bastien.boussau@univ-lyon1.fr)

#### **Sujet :**

Pour comprendre les mécanismes qui gouvernent la diversification des organismes, il est essentiel de pouvoir ancrer la phylogénie du vivant et les modifications des génomes qui ont eu lieu le long de cette phylogénie dans le temps. Ceci permet de relier les changements de la biosphère aux événements évolutifs qui peuvent être reconstruits à partir des génomes, et ainsi de comprendre comment les organismes ont répondu ou participé aux modifications de leur environnement. Or, pendant l'essentiel de son existence sur terre, la vie a été microscopique et n'a donc laissé que peu de traces fossiles. En conséquence, la diversification des grandes lignées du vivant reste largement déconnectée de l'histoire de la terre. Nous avons développé de nouvelles méthodes qui permettent de calibrer les méthodes de datation des phylogénies, même en l'absence de fossile. Ces méthodes se basent sur la détection des transferts horizontaux de gènes, qui sont autant de marques de contacts entre espèces ancestrales qui ont vécu à la même époque. Ces événements de transfert sont particulièrement abondants chez les organismes microbiens: Bactéries, Archées et Eucaryotes unicellulaires. Le sujet de la thèse consistera à utiliser ces méthodes pour dater la phylogénie du vivant, reconstruite à partir de génomes complets et à développer de nouvelles approches permettant de combiner les informations fossiles avec les informations de transferts. Dans un premier temps, le candidat devra utiliser les méthodes développées au laboratoire pour reconstruire l'histoire des transferts horizontaux entre espèces le long d'une phylogénie représentative des grandes lignées du vivant. Ces scénarios de transferts permettront d'identifier des contraintes temporelles qui pourront ensuite être utilisées pour la datation en adaptant des méthodes d'horloge moléculaire. La combinaison de ces contraintes à d'autres venues des archives fossiles permettra d'ancrer l'histoire reconstruite dans les temps géologiques. Ce sujet comprend donc des aspects méthodologiques (amélioration de méthodes de datation) et de biologie fondamentale (interprétation de l'histoire du vivant).

mots clés: Phylogénie, génomique, transfert horizontal, datation moléculaire, arbre du vivant références :

- Szöllősi, G. J., Boussau, B., Abby, S. S., Tannier, E. & Daubin, V. Phylogenetic modeling of lateral gene transfer reconstructs the pattern and relative timing of speciations. PNAS 109, 17513–17518 (2012). - Szöllősi, G. J., Tannier, E., Daubin, V. & Boussau, B. The Inference of Gene Trees with Species Trees. Syst. Biol. 64(1), e42–e62 (2015). - Szöllősi, G. J., Davín, A. A., Tannier, E., Daubin, V. & Boussau, B. Genome-scale phylogenetic analysis finds extensive gene transfer among fungi. Philos. Trans. R. Soc. Lond. B Biol. Sci. 370, 20140335 (2015). - Lepage, T., Bryant, D., Philippe, H. & Lartillot, N. A General Comparison of Relaxed Molecular Clock Models. Mol. Biol. Evol. 24, 2669–2680 (2007).