



Université Claude Bernard



DIPLÔME NATIONAL DE DOCTORAT

(Arrêté du 25 mai 2016)

Date de la soutenance : **4 décembre 2017**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **DUCHEMIN Wandrille**

Titre de la thèse : « Phylogénie des dépendances et dépendances des phylogénies dans les gènes et les génomes »



Résumé

L'évolution moléculaire, basée sur l'étude des données de séquençage, s'est imposée comme une approche majeure pour l'étude de l'Histoire des organismes vivants (notamment à travers les arbres phylogénétiques). Ses méthodes classiques reposent sur un découpage des génomes en entités supposées indépendantes : les gènes. Or, les gènes n'évoluent pas indépendamment : au sein de l'histoire des espèces qui le portent. L'histoire d'un gène s'inscrit En outre, leur position le long des chromosomes fait qu'ils partagent des événements de mutations structurales (duplications, pertes de fragments chromosomiques) avec les gènes proches. Enfin, leur potentielle fonction biologique les amène à être influencés par (et à influencer en retour) l'évolution d'autres gènes. Je montre que ne pas prendre en compte ces relations d'inter-dépendances évolutives (de coévolution) lors de l'inférence d'arbres de gènes résulte en une surestimation des différences entre les arbres des différents gènes ainsi qu'entre les arbres des gènes et l'arbre des espèces. Des modèles permettent déjà d'intégrer la coévolution des gènes avec les espèces à la reconstruction des arbres de gènes. Par ailleurs, on connaît des modèles décrivant l'évolution des relations entre gènes, néanmoins sans intégrer ces informations à la reconstruction des arbres de gènes. Je reprends ces avancées et les combine au sein d'une méthode qui modifie les arbres de gènes selon un critère qui prend en compte les séquences ainsi que des relations de coévolution avec les espèces et d'autres gènes. Cette méthode, appliquée à des mammifères et des champignons, permet de produire des histoires de gènes cohérentes entre elles.