



L'annuaire du Collège de France

Cours et travaux

116 | 2018

Annuaire du Collège de France 2015-2016

Modèles aléatoires pour l'inférence de l'évolution du vivant / *Stochastic models for the inference of life evolution* (SMILE)

Centre international de recherche en biologie (CIRB)

Amaury Lambert



Édition électronique

URL : <https://journals.openedition.org/annuaire-cdf/13432>

DOI : 10.4000/annuaire-cdf.13432

ISBN : 978-2-7226-0483-4

ISSN : 2109-9227

Éditeur

Collège de France

Édition imprimée

Date de publication : 15 juin 2018

Pagination : 648-650

ISBN : 978-2-7226-0482-7

ISSN : 0069-5580

Référence électronique

Amaury Lambert, « Modèles aléatoires pour l'inférence de l'évolution du vivant / *Stochastic models for the inference of life evolution* (SMILE) », *L'annuaire du Collège de France* [En ligne], 116 | 2018, mis en ligne le 02 juillet 2018, consulté le 22 août 2022. URL : <http://journals.openedition.org/annuaire-cdf/13432> ; DOI : <https://doi.org/10.4000/annuaire-cdf.13432>

Tous droits réservés

MODÈLES ALÉATOIRES POUR L'INFÉRENCE DE L'ÉVOLUTION
DU VIVANT / *STOCHASTIC MODELS FOR THE INFERENCE OF LIFE
EVOLUTION (SMILE)*

Responsable : Amaury LAMBERT

RECHERCHE

Dirigée par Amaury Lambert (prof. UPMC), l'équipe SMILE regroupe des mathématiciens, des biologistes et des bio-informaticiens (voir <http://www.lpma-paris.fr/smile/>). L'objectif général du groupe SMILE est de comprendre, de modéliser et d'inférer les processus évolutifs en distinguant trois échelles de temps :

- 1) l'échelle de temps micro-évolutive (démographie récente, extinctions) ;
- 2) l'échelle de temps méso-évolutive (différenciation des populations pouvant aller jusqu'à la spéciation) ;
- 3) l'échelle de temps macro-évolutive (diversification des espèces).

1) Échelle micro-évolutive

Dans le cadre de l'inférence des processus démographiques à partir de données génomiques, de nombreuses études récentes ont soutenu l'hypothèse que la plupart des populations d'espèces bactériennes sont en expansion. Nous avons démontré au contraire que ces études, faites sur la base d'un seul arbre phylogénétique reconstruit, sont très probablement erronées car elles ignorent la recombinaison (conversion génique) et la sélection, cette dernière générant localement sur le génome des patrons de diversité génétique très similaires à ceux générés par une expansion démographique (Lapierre *et al.*, *Molecular Biology & Evolution*, 2016).

Nous avons continué nos travaux théoriques sur les patrons de diversité attendus en fonction des scénarios démographiques, ici dans une population fluctuant librement tout en restant de taille constante en moyenne (Delaporte *et al.*, *Journal of Mathematical Biology*, 2016).

Dans une collaboration avec des malacologues (spécialistes des mollusques) du Muséum national d'histoire naturelle, nous avons élaboré une nouvelle méthode statistique pour quantifier le risque d'extinction des espèces contemporaines dont les dates d'observation sont connues. Appliquée à 200 espèces de mollusques terrestres sélectionnées au hasard, la méthode a donné lieu à une quantification précise et extrêmement préoccupante du pourcentage d'espèces éteintes dans cet échantillon, de l'ordre de 10 % (Régner *et al.*, *PNAS*, 2015).

2) Échelle méso-évolutive

Nous nous sommes intéressés aux conséquences de la structuration spatiale des populations sur leur dynamique évolutive et en particulier aux conditions favorisant leur diversification phénotypique. Nos travaux ont concerné : (i) l'exploration des conséquences d'un équilibre sélection/dispersion sur la distribution des traits adaptatifs dans une population structurée soumise à de la sélection divergente (Berdahl *et al.*, *Evolution*, 2015 ; Débarre *et al.*, *American Naturalist*, 2015) ; (ii) l'étude de l'évolution de la dispersion dans des environnements variables

spatialement et temporellement (Massol et Débarre, *Evolution*, 2015) ; et enfin (iii) la caractérisation des conditions favorisant la diversification phénotypique d'une population de taille finie, *via* la quantification des effets des mutations, de la sélection, et de la dérive génétique (Débarre et Otto, *Theoretical Population Biology*, 2016).

Nous avons mené plusieurs études de l'interdépendance de certains processus évolutifs, désignée sous le terme général de coévolution. Nous avons d'abord établi une méthode statistique permettant de détecter les paires de caractères discrets génotypiques ou phénotypiques ayant la propriété que l'évolution de l'un accélère ou au contraire inhibe l'évolution de l'autre (Behdenna *et al.*, *Systematic Biology*, 2016). Nous avons également construit un cadre général permettant d'analyser et d'inférer les situations où des caractères quantitatifs évoluent de concert dans des espèces différentes, suivant un processus gaussien (Manceau *et al.*, *Systematic Biology*, 2016). Enfin, nous avons proposé une nouvelle mesure de l'épistasie dans les paysages de fitness inférés par évolution expérimentale, appelée corrélation des effets des mutations sur la fitness (Ferretti *et al.*, *Journal of Theoretical Biology*, 2016).

3) Échelle macro-évolutive

Récemment, l'équipe SMILE a contribué substantiellement à la modélisation et à l'inférence de l'impact des processus macro-évolutifs sur les arbres phylogénétiques. Nous avons par exemple proposé une nouvelle méthode fondée sur certaines propriétés fines des processus de branchement pour inférer la façon dont les taux d'extinction des espèces dépendent de leur âge. L'application de cette méthode à la phylogénie des oiseaux récemment publiée (Jetz *et al.*, *Nature*, 2013) montre que le risque instantané d'extinction augmente très nettement avec l'âge de l'espèce (Alexander *et al.*, *Systematic Biology*, 2015). Nous avons utilisé un modèle individu-centré de radiation adaptative pour analyser *in silico* les patrons phylogénétiques générés par ces scénarios et nos résultats suggèrent qu'à chaque étape du processus de diversification à laquelle on observe la phylogénie peut être associé un certain type de patron (Gascuel *et al.*, *Systematic Biology*, 2015).

PUBLICATIONS

ALEXANDER H.K., LAMBERT A. et STADLER T., « Quantifying age-dependent extinction from species phylogenies », *Systematic Biology*, vol. 65, n° 1, 2016, p. 35-50, DOI : 10.1093/sysbio/syv065.

BEHDENNA A., POTHIER J., ABBY S., LAMBERT A. et ACHAZ G., « Testing for independence between evolutionary processes », *Systematic Biology*, vol. 65, n° 5, 2016, p. 812-823.

BERDAHL A., TORNEY C.J., SCHERTZER E. et LEVIN S.A., « On the evolutionary interplay between dispersal and local adaptation in heterogeneous environments », *Evolution*, vol. 69, n° 6, 2015, p. 1390-1405.

CLÉMENÇON S., COUSIEN A., FELIPE M.D. et TRAN V.C., « On computer-intensive simulation and estimation methods for rare-event analysis in epidemic models », *Statistics in Medicine*, vol. 34, n° 28, 2015, p. 3696-3713, DOI : 10.1002/sim.6596.

DEBARRE F. et OTTO S.P., « Evolutionary dynamics of a quantitative trait in a finite asexual population », *Theoretical Population Biology*, vol. 108, 2016, p. 75-88, DOI : 10.1016/j.tpb.2015.12.002.

DEBARRE F., YEAMAN S. et GUILLAUME F., « Evolution of quantitative traits under a migration-selection balance: When does skew matter? », *The American Naturalist*, vol. 186, n° 51, 2015, S37-S47, DOI : 10.1086/681717.

DELAPORTE C., ACHAZ G. et LAMBERT A., « Mutational pattern of a sample from a critical branching population », *Journal of Mathematical Biology*, vol. 73, n° 3, 2016, p. 627-664, DOI : 10.1007/s00285-015-0964-2.

FERRETTI L., SCHMIEGELT B., WEINREICH D., YAMAUCHI A., KOBAYASHI Y., TAJIMA F. et ACHAZ G., « Measuring epistasis in fitness landscapes: The correlation of fitness effects of mutations », *Journal of Theoretical Biology*, vol. 396, 2016, p. 132-143, DOI : 10.1016/j.jtbi.2016.01.037.

GASCUEL F., FERRIÈRE R., AGUILÉE R. et LAMBERT A., « How ecology and landscape dynamics shape phylogenetic trees », *Systematic Biology*, vol. 64, n° 4, 2015, p. 590-607.

HARTNETT A.T., SCHERTZER E., LEVIN S.A. et COUZIN I.D., « Heterogeneous preference and local nonlinearity in consensus decision making », *Physical Review Letters*, vol. 116, n° 3, 2016, 038701, DOI : 10.1103/PhysRevLett.116.038701.

LAPIERRE M., BLIN C., LAMBERT A., ACHAZ G. et ROCHA E.P.C., « The impact of selection, gene conversion, and biased sampling on the assessment of microbial demography », *Molecular Biology and Evolution*, vol. 33, n° 7, 2016, p. 1711-1725, DOI : 10.1093/molbev/msw048.

LEWITUS E. et MORLON H., « Characterizing and comparing phylogenies from their Laplacian spectrum », *Systematic Biology*, vol. 65, n° 3, 2016, p. 495-507, DOI : 10.1093/sysbio/syv116.

MANCEAU M., LAMBERT A. et MORLON H., « A unifying comparative phylogenetic framework including traits coevolving across interacting lineages », *Syst. Biol.*, vol. 66, n° 4, 2017, p. 551-568.

MASSOL F. et DÉBARRE F., « Evolution of dispersal in spatially and temporally variable environments: the importance of life cycles », *Evolution*, vol. 69, n° 7, 2015, p. 1925-1937.

ROLLAND J., CONDAMINE F.L., BEERAVOLU C.R., JIGUET F. et MORLON H., « Dispersal is a major driver of the latitudinal diversity gradient of Carnivora », *Global Ecology and Biogeography*, vol. 24, n° 9, 2015, p. 1059-1071, DOI : 10.1111/geb.12354.

SUEZ M., BEHDENNA A., BROUILLET S., GRAÇA P., HIGUET D. et ACHAZ G., « MicNeSs: genotyping microsatellite loci from a collection of (NGS) reads », *Molecular Ecology Resources*, vol. 16, n° 2, 2016, p. 524-533, DOI : 10.1111/1755-0998.12467.

NEUROPEPTIDES CENTRAUX ET RÉGULATIONS DE L'ÉQUILIBRE
HYDRIQUE ET DES FONCTIONS CARDIOVASCULAIRES /
*CENTRAL NEUROPEPTIDES IN THE REGULATION OF BODY FLUID
HOMEOSTASIS AND CARDIOVASCULAR FUNCTIONS*

Responsable : Catherine LLORENS-CORTES

RECHERCHE

1) Le système rénine-angiotensine cérébral (SRAc)

Nous avons montré dans le SRAc que l'aminopeptidase A (APA) est l'enzyme responsable de la formation de l'angiotensine III (AngIII). Nous avons ensuite