



# Trouver un arbre de gène dans le réseau des espèces : le labyrinthe du vivant !

Philippe Gambette

## ► To cite this version:

Philippe Gambette. Trouver un arbre de gène dans le réseau des espèces : le labyrinthe du vivant !. Fête de la Science 2016 - UPEM, Oct 2016, Champs-sur-Marne, France. hal-01379676

**HAL Id: hal-01379676**

**<https://hal-upec-upem.archives-ouvertes.fr/hal-01379676>**

Submitted on 11 Oct 2016

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



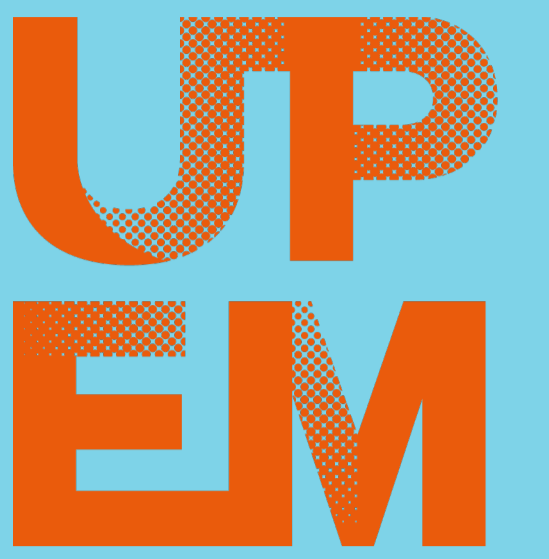
# Trouver un arbre de gène dans le réseau des espèces : le LABYRINTHE DU VIVANT !

fête de la Science



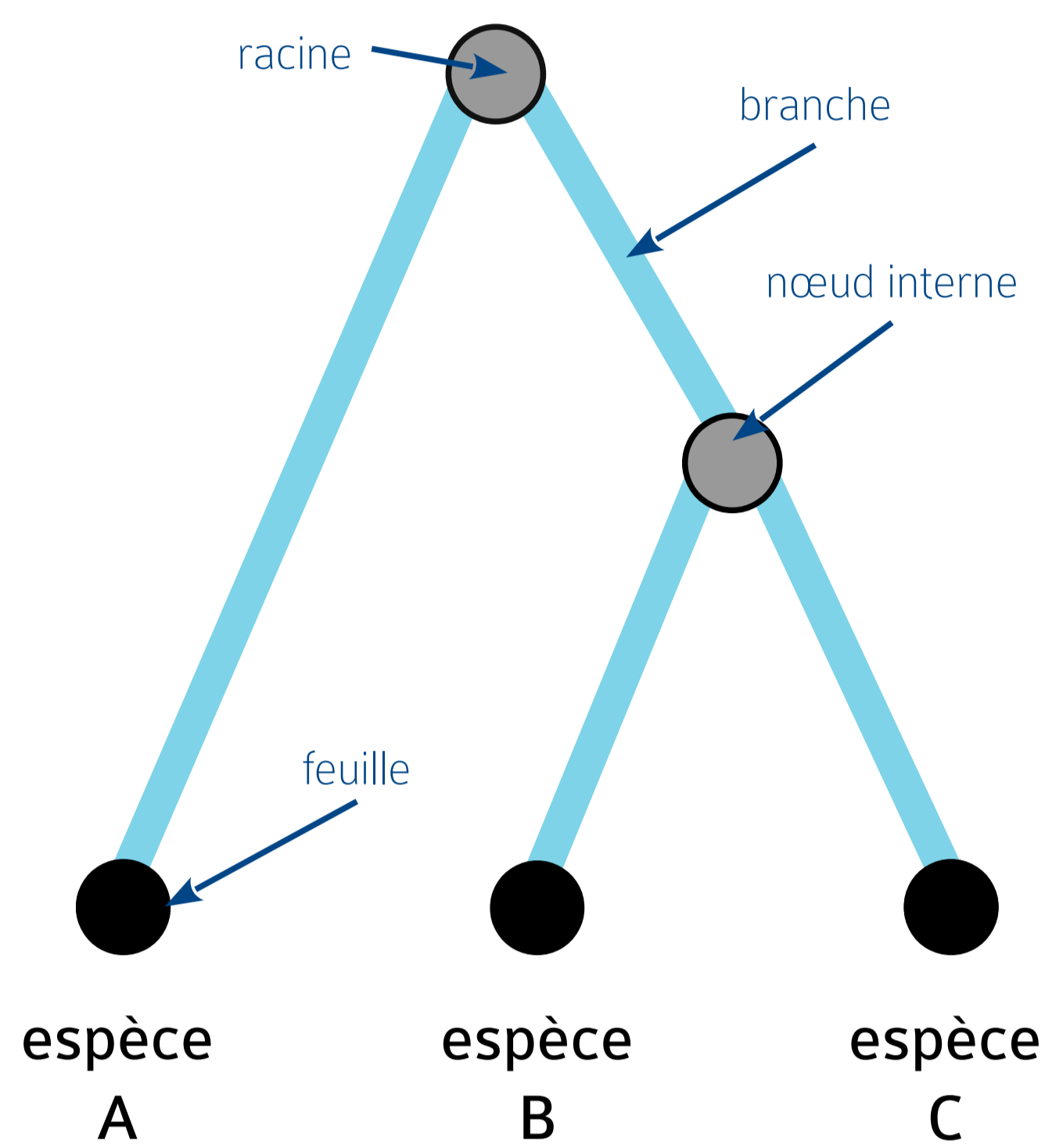
LABORATOIRE D'INFORMATIQUE GASPARD-MONGE

Sous la co-tutelle de :  
CNRS  
ÉCOLE DES PONTS PARISTECH  
ESIEE PARIS  
UPEM • UNIVERSITÉ PARIS-EST MARNE-LA-VALLÉE

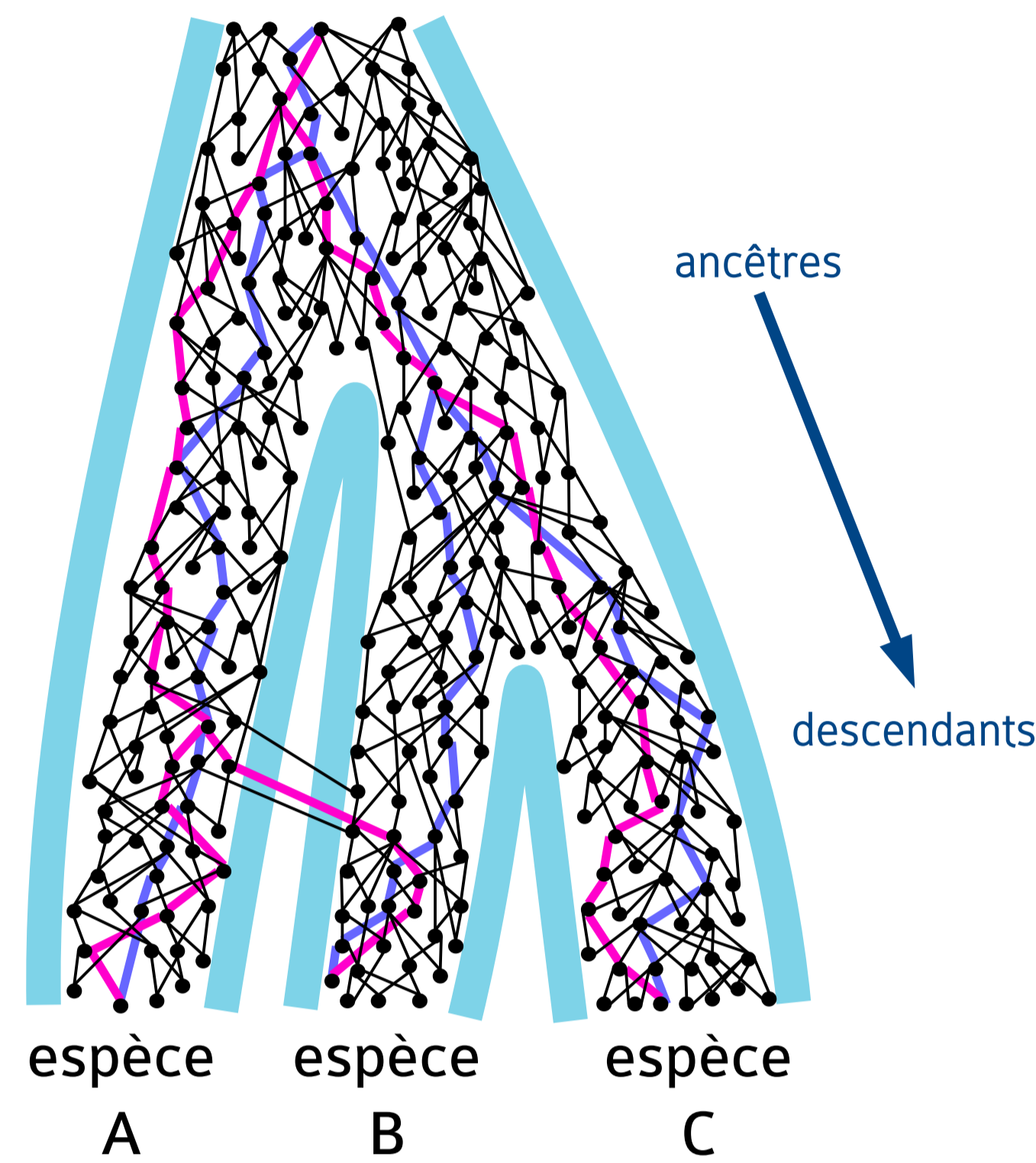


## REPRÉSENTER L'ÉVOLUTION : PAR UN ARBRE OU PAR UN RÉSEAU ?

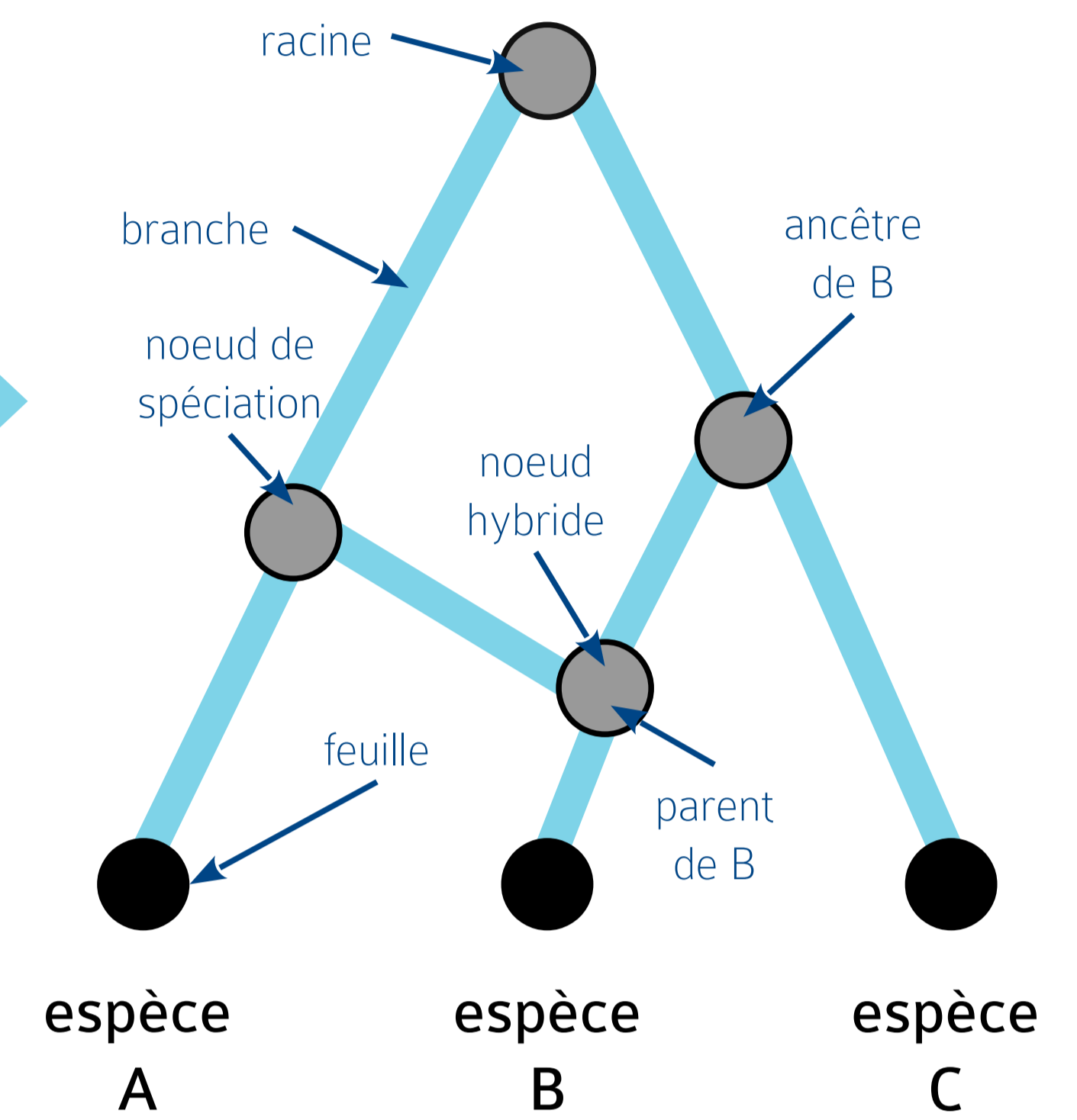
### ARBRE DES ESPÈCES



### GÉNÉALOGIE DES INDIVIDUS



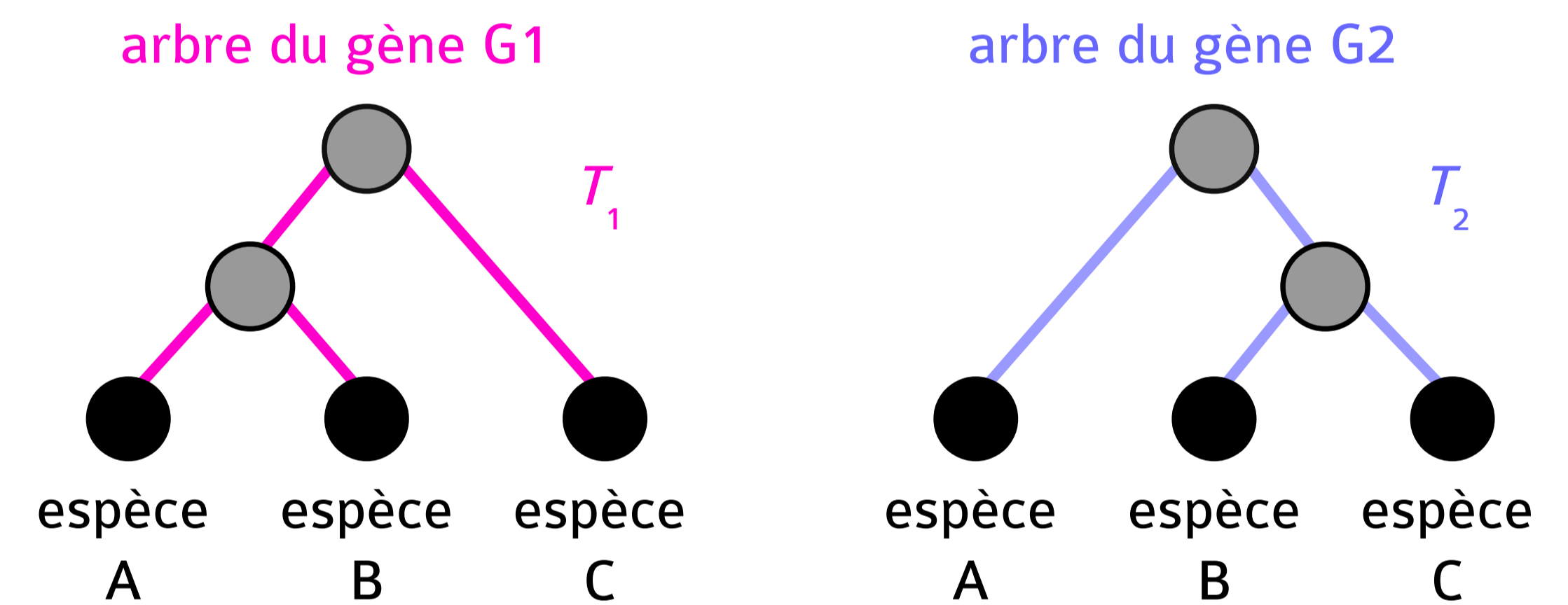
### RÉSEAU DES ESPÈCES



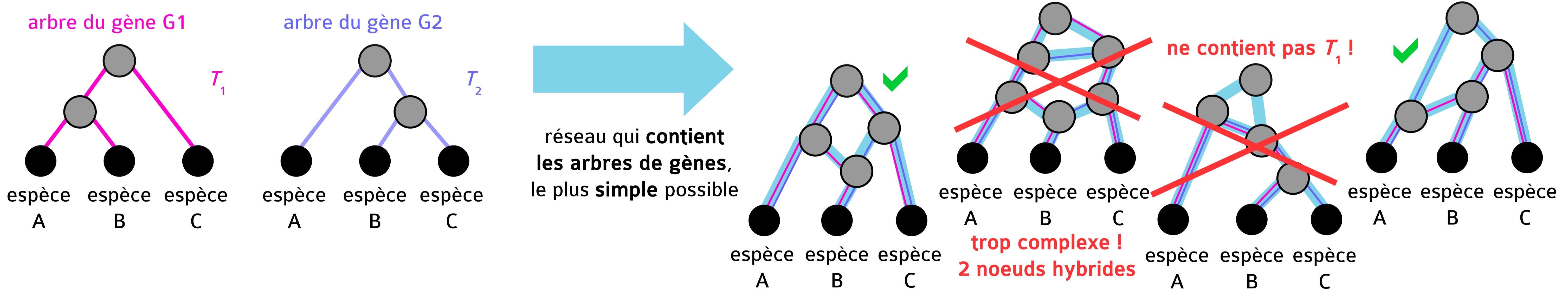
## RECONSTRUIRE DES ARBRES DE GÈNES À PARTIR DE SÉQUENCES ADN

ADN :  
gène G1      gène G2  
espèce A    TATATATAGACA    TTGAGACAGATA  
espèce B    TACATATAGACA    TTGAGA--TTAG  
espèce C    TATA---ACTCA    TTGGAA--TTAT

méthodes de distance,  
de maximum de parcimonie,  
de maximum de vraisemblance



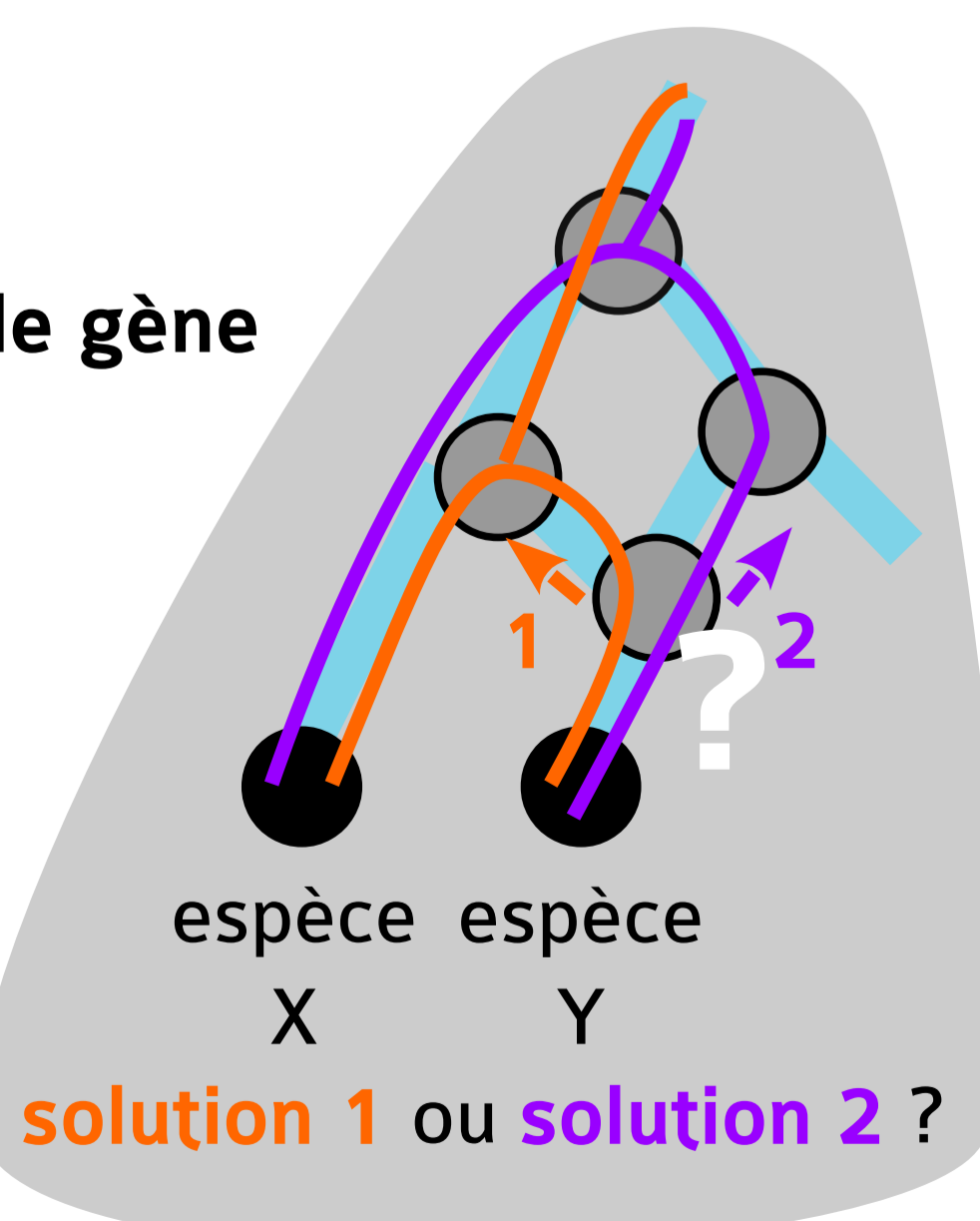
## RECONSTRUIRE UN RÉSEAU DES ESPÈCES À PARTIR DES ARBRES DE GÈNES



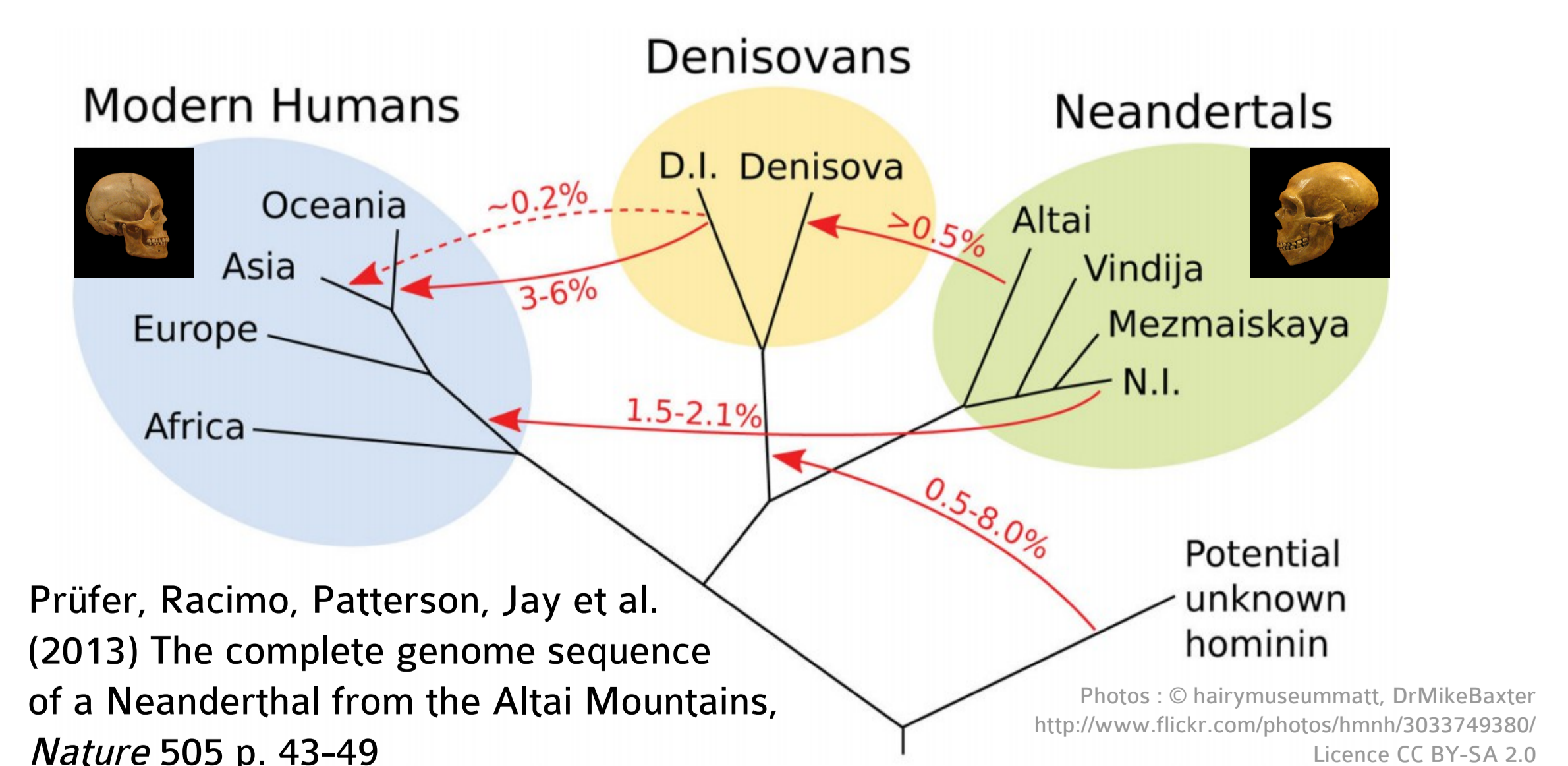
## LE LABYRINTHE DU VIVANT

- Pour vérifier si le réseau reconstruit est correct :
- est-ce que chaque arbre de gène est contenu dans le réseau ?
  - 1) pour chaque nœud hybride, choisir de quelle branche vient le gène (chaque gène provient d'un seul parent)
  - 2) interdit de passer deux fois sur la même branche du réseau (chaque espèce contient une seule fois chaque gène)

Problème appelé « Tree Containment »  
→ problème difficile à résoudre de manière exacte (« NP-complet »)  
Kanj, Nakhleh, Than & Xia (2008) Seeing the trees and their branches in the network is hard, *Theoretical Computer Science* 401(1-3), p. 153-164



## L'EXEMPLE



## RÉFÉRENCES

- Philippe Gambette (2011) Reconstruction combinatoire de réseaux phylogénétiques, *Biosystema* 28 « L'arbre du vivant existe-t-il ? », p. 85-92
- Philippe Gambette (2010) Méthodes combinatoires de reconstruction de réseaux phylogénétiques, thèse de doctorat, Université Montpellier 2
- Philippe Gambette, Andreas Gunawan, Anthony Labarre, Stéphane Vialette & Louxin Zhang (2015) Locating a Tree in A Phylogenetic Network in Quadratic Time, *Proceedings of RECOMB 2015, Lecture Notes in Computer Science (LNBI)* 9029, p. 96-107

## REMERCIEMENTS

Merci à Andreas Gunawan, Patrice Héroult, Flora Jay, Anthony Labarre, Cyril Nicaud, Stéphanie Rossano, Stéphane Vialette et Louxin Zhang qui ont plus ou moins directement contribué à la création de ce poster !