

Master en Biologie orientation

# Biodiversité & Systématique

## Identification et résolution d'artefacts en phylogénomique par l'utilisation de la méthode LS<sup>3</sup>: analyses chez les poissons téléostéens et chez d'autres vertébrés.

Laboratoire de phylogénie et évolution des vertébrés

Dr. Juan Montoya [juan.montoya@unige.ch](mailto:juan.montoya@unige.ch) +41 22 379 67 86

### **Thématique:** Phylogénomique

Les méthodes d'inférence phylogénétique ont connu de grandes améliorations ces dernières années, en particulier par le développement de modèles d'évolution de séquences de plus en plus réalistes. Toutefois, les modèles actuels ne peuvent prendre en compte la possibilité que la vitesse d'évolution soit très différente entre les lignées analysées. Une telle situation peut mener à l'artefact d' "attraction des longues branches" qui conduit à des reconstructions phylogénétiques erronées.

Dans notre laboratoire, nous avons développé une méthode appelée "Locus Specific Sequence Subsampling" (LS<sup>3</sup>) qui permet d'identifier et de retirer du jeu de données les gènes et les séquences dont la vitesse d'évolution est trop rapide pour assumer un taux d'évolution homogène entre lignées.

L'objectif de ce travail de master est d'inférer la phylogénie de plusieurs lignées de poissons, puis de l'ensemble des poissons téléostéens, sur la base de nombreux gènes (phylogénomique) en utilisant la nouvelle méthode LS<sup>3</sup>. En effet, les relations évolutives entre grandes lignées de téléostéens sont encore incertaines dans de nombreuses parties de l'arbre des poissons et certaines de ces régions problématiques montrent les signes d'une "attraction des longues branches". En fonction des résultats, d'autres régions problématiques dans l'arbre phylogénétique de vertébrés pourraient être passées au crible de la méthode LS<sup>3</sup>.