
Modélisation de la (co)-évolution des espèces

Blerina Sinaimer^{*1,2}

¹Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive (LBBE) – Université Claude Bernard Lyon 1, Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, Centre National de la Recherche Scientifique : UMR5558 – 43 Bld du 11 Novembre 1918 69622 VILLEURBANNE CEDEX, France

²Inria Grenoble - Rhône-Alpes – Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique – Inovallée655 avenue de l'Europe38330 Montbonnot, France

Résumé

Presque tous les organismes dans la biosphère sont impliqués dans des relations symbiotiques avec d'autres espèces. Les relations symbiotiques sont largement définies comme des interactions fortes et durables au fil du temps. Elles ont un grand impact dans des domaines essentiels de la vie humaine comme la santé et l'agriculture. L'étude de la symbiose comprend différentes disciplines et implique la recherche en phylogénie, en physiologie, en biochimie et en écologie. Les interactions symbiotiques peuvent être de natures différentes - mutualisme (la relation est bénéfique aux deux espèces), commensalisme (un organisme bénéficie de l'autre sans affecter celui-ci) ou parasitisme (un organisme profite de la relation au détriment du deuxième).

Maintenant, à cause du fait que les relations symbiotiques représentent une association continue au fil du temps, les espèces impliquées dans les interactions symbiotiques peuvent affecter l'évolution de l'autre (ce processus est connu sous le terme de coévolution). En effet, ce type d'interaction peut conduire à une cospéciation, qui est la spéciation conjointe des espèces impliquées dans la relation symbiotique (spéciation est le processus évolutif par lequel de nouvelles espèces biologiques sont créées). Etudier la cospéciation a plusieurs intérêts majeurs: elle peut éclairer l'analyse du taux d'évolution de l'hôte et du parasite afin de déterminer l'âge de l'association entre l'hôte et le parasite ; elle peut aussi aider la conception de meilleurs moyens de lutte contre les organismes pathogènes. Juste pour donner un exemple, on estime que près de 75% des maladies humaines émergentes sont des zoonoses, ces maladies dont l'agent pathogène passe d'autres espèces à l'Homme. Reconstruire l'histoire évolutive des deux symbiotes pathogènes et leurs hôtes nous permet de comprendre d'où sont apparues ces espèces, conduisant éventuellement à la conception de meilleurs moyens pour les combattre.

Pour cela, la cophylogénie permet la reconstruction de l'histoire commune de l'évolution de groupes d'organismes, basée sur leur information phylogénétique.

La méthode la plus utilisée en cophylogénie est la réconciliation entre deux arbres phylogénétiques. La réconciliation d'arbres phylogénétiques peut être vue comme la recherche d'un ensemble de scénarios co-évolutifs. Etant donné un couple d'arbres d'espèces on peut définir un ensemble d'événements évolutifs : la co-spéciation, la duplication, le transfert et la perte. La réconciliation correspond alors à une fonction qui associe les noeuds d'un arbre avec les noeuds de l'autre. Cette fonction détermine un ensemble d'événements. Un coût

*Intervenant

est associé à chacun des événements. L'objectif est de trouver une fonction de coût total minimum.

La cophylogénie offre des défis stimulants aussi bien théoriques que méthodologiques, nous en présenterons quelques-uns ici.

Mots-Clés: symbiose, cospéciation, cophylogénie