

HABILITATION A DIRIGER DES RECHERCHES

Date de la soutenance : **21 février 2025**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **Monsieur DE VIENNE Damien**

Titre des travaux : « *Biais et faux semblants dans les études co-phylogénétiques : problèmes ou opportunités ?* »



Résumé

Mes recherches depuis 20 ans visent à décortiquer à toutes les échelles possibles les processus de l'évolution (process) grâce à l'étude des schémas (patterns) qu'elle a engendrée, en l'occurrence les arbres phylogénétiques. Plus précisément, je me suis beaucoup intéressé à la co-phylogénie, un terme fourre-tout qui désigne le fait d'étudier conjointement plusieurs arbres phylogénétiques (en général deux), chacun correspondant à une entité (gène, espèce, ...) évoluant de façon non-indépendante de l'autre. Par exemple, si l'on regarde l'évolution d'un groupe d'espèces et l'évolution d'un gène porté par ces espèces, on peut s'attendre à ce que les phylogénies se ressemblent (on dira qu'elles sont congruentes) parce que chaque spéciation (formation de deux espèces soeurs à partir d'une espèce mère) entraînera une divergence entre les gènes portés par les espèces nouvellement créées. Si par contre des gènes ont été transférés horizontalement entre espèces, ont été perdus et/ou ont été dupliqués, alors des différences entre les deux phylogénies sont attendues. Les études co-phylogénétiques proposent, à partir de la comparaison des phylogénies, d'inférer les processus évolutifs qui ont conduit aux différences observées entre elles. C'est ce que l'on peut aussi nommer « réconciliation » car les méthodes utilisées pour comparer les phylogénies essaient de « réconcilier » deux histoires évolutives en invoquant des événements qui auraient eu lieu dans le passé.

Dans ce document, après un rappel historique sur l'origine des arbres phylogénétiques, et une parenthèse sur leur visualisation, je rappellerai l'utilité de la comparaison des arbres phylogénétiques pour répondre à des questions fondamentales en biologie évolutive : comment les espèces parasites évoluent en fonction de leurs hôtes, comment les génomes évoluent chez les espèces au cours du temps, ou encore comment l'évolution de certains gènes peut être contraint par l'évolution d'autres gènes. Je parlerai ensuite de ma contribution à ces différentes questions en montrant comment mes recherches ont pu remettre en question certains des paradigmes en vigueur dans les études co-phylogénétiques, et l'impact de ces travaux sur la proposition de nouvelles questions de recherche. Dans le dernier chapitre, je présenterai mes projets en cours et futurs, fruit de mes travaux récents sur l'étude des espèces fantômes et leur importance pour comprendre de grands processus évolutifs.