

Utilisation pratique des méthodes combinatoires de reconstruction de réseaux phylogénétiques

Philippe Gambette*

21 décembre 2010

Résumé

Les réseaux phylogénétiques représentent l'évolution en prenant en compte et en faisant apparaître les événements d'hybridation, de recombinaison ou de transferts horizontaux, dans des parties réticulées [1, 5].

Plusieurs méthodes et logiciels ont été développés pour les reconstruire à partir de données combinatoires (triplets, quadruplets, clades et bipartitions) provenant d'arbres de gènes contradictoires [4, 7, 6, 2]. Nous les présenterons brièvement avant d'évoquer les limites de l'utilisation pratique de ces outils sur des données réelles. En effet, ces méthodes considèrent généralement que les données en entrée sont complètes et correctes, et nous montrerons comment procéder pour satisfaire ces conditions par une sélection et un prétraitement appropriés des données [1].

Enfin, nous présenterons un panorama des résultats de ces diverses méthodes, tous visualisés avec le logiciel Dendroscope [3]. Ceci illustrera une approche exploratoire de reconstruction phylogénétique avec réticulations, où la reconstruction du réseau est suivie d'un retour aux arbres, et aux séquences, pour repérer les possibles transferts de matériel génétiques entre espèces co-existantes.

Références

- [1] Philippe Gambette. Méthodes combinatoires de reconstruction de réseaux phylogénétiques, 2010. Thèse, Université Montpellier 2.
- [2] Katharina T. Huber, Leo van Iersel, Steven Kelk, and Radoslaw Sucheccki. A practical algorithm for reconstructing level-1 phylogenetic networks. *IEEE/ACM Transactions in Computational Biology and Bioinformatics*, 2010. À paraître.
- [3] Daniel H. Huson, Tobias DeZulian, Markus Franz, Christian Rausch, Daniel C. Richter, and Regula Rupp. Dendroscope - an interactive tree drawer. *BMC Bioinformatics*, 8(460), 2007.
- [4] Daniel H. Huson, Regula Rupp, Vincent Berry, Philippe Gambette, and Christophe Paul. Computing galled networks from real data. In *ISMB/ECCB 2009*, volume 25(12) of *Bioinformatics*, pages i85–i93, 2009.
- [5] Daniel H. Huson, Regula Rupp, and Celine Scornavacca. *Phylogenetic Networks: Concepts, Algorithms and Applications*. Cambridge University Press, 2010.
- [6] Leo van Iersel and Steven Kelk. Constructing the simplest possible phylogenetic network from triplets. *Algorithmica*, 2010. À paraître.
- [7] Leo van Iersel, Steven Kelk, Regula Rupp, and Daniel H. Huson. Phylogenetic networks do not need to be complex: Using fewer reticulations to represent conflicting clusters. In *ISMB 2010*, volume 26(12) of *Bioinformatics*, pages i124–i131, 2010.

* Institut de Mathématiques de Luminy, CNRS / Université Aix-Marseille II