

GECO GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE ET EVOLUTIVE

EQUIPE BIOINFORMATIQUE, PHYLOGÉNIE ET GÉNOMIQUE EVOLUTIVE

BASTIAN Mélodie

DOCTORANTE

UCBL

43 bd du 11 novembre 1918
69622 VILLEURBANNE cedex (http://maps.google.com/maps?q=43%20bd%20du%2011%20novembre%201918+69622+%20VILLEURBANNE%20cedex)

04 72 44 81 42

Courriel

Twitter (https://twitter.com/melodie_bastian?t=5sPnAh8jEbJU5Of27WY7VQ&s=09)

Je suis doctorante depuis le 01/10/21 et je travaille sur le sujet : Génomique des populations intégrative : de la phylogénie à la génétique des populations.

Concrètement, je travaille actuellement sur des sujets tels que l'évolution des séquences codantes de mammifères et l'étude de corrélation de plusieurs traits moléculaires (intensité de la sélection, polymorphisme...) et écologiques (masse, longévité, temps de génération...), entre eux afin de comprendre comment ils sont liés. Je reconstruis notamment la taille efficace de population de 240 espèces de mammifères le long de leur phylogénie grâce aux statistiques bayésiennes et ce dans le but d'étudier l'impact de ce paramètre sur l'intensité de la dérive et de la sélection purifiante pour chaque espèce. J'utilise pour cela le logiciel Coevol(1) (2).

Actuellement je travaille sur l'annotation de 240 génomes de mammifères (3) dans le but de construire un alignement de gènes orthologues et de calculer l'hétérozygotie de chaque génomes à partir des SNP observés sur leurs exons.

Dans la suite de ma thèse, j'ai prévu d'utiliser d'autres logiciels de reconstruction de taille efficace de population (4) afin de déterminer de façon précise comment se distribuent dérive et sélection purifiante. Puis j'utiliserai plusieurs méthodes/modèles d'étude à l'échelle phylogénétique (étude inter-espèces) et de génétique des populations (étude intra-espèce) pour identifier les gènes communs aux mammifères étudiés qui sont sous sélection positive et les fonctions qui y sont liées.

1.Lartillot N, Poujol R. A Phylogenetic Model for Investigating Correlated Evolution of Substitution Rates and Continuous Phenotypic Characters. Mol Biol Evol. 1 janv 2011;28(1):729-44.

2.Brevet M, Lartillot N. Reconstructing the history of variation in effective population size along phylogenies [Internet]. 2021 juin [cité 20 oct 2021] p. 793059. Disponible sur: https://www.biorxiv.org/content/10.1101/793059v4

3.Zoonomia Consortium. A comparative genomics multitool for scientific discovery and conservation. Nature. 12 nov 2020;587(7833):240-5.

4. Latrille T, Lanore V, Lartillot N. Inferring long-term effective population size with Mutation-Selection models [Internet]. Evolutionary Biology; 2021 janv [cité 14 juin 2021]. Disponible sur: http://biorxiv.org/lookup/doi/10.1101/2021.01.13.426421

URL de la page : https://lbbe.univ-lyon1.fr/fr/annuaires-des-membres/bastian-melodie

MAJ 25/11/21