



GECO GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE ET EVOLUTIVE

EQUIPE BIOINFORMATIQUE, PHYLOGÉNIE ET GÉNOMIQUE EVOLUTIVE

LARTILLOT Nicolas

DIRECTEUR DE RECHERCHE

CNRS

📍 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 84 87

@ Courriel

Mon activité de recherche se développe principalement autour de la question générale de la modélisation de l'évolution des séquences génétiques et des génomes, avec des applications à l'inférence phylogénétique et à la compréhension des processus évolutifs plus généralement.

Pour l'inférence phylogénétique, mon travail s'appuie essentiellement sur l'inférence bayésienne: une fois défini un modèle stochastique de l'évolution des séquences, nous développons des algorithmes qui permettent d'inférer les valeurs probables des paramètres du modèle (dont la phylogénie) qui expliquent au mieux les données. Les modèles phylogénétiques que nous avons développés, au travers de diverses collaborations, ainsi qu'avec plusieurs étudiantes et étudiants en thèse, sont utilisés pour reconstruire l'histoire évolutive et les relations de parenté entre espèces, mais aussi pour caractériser les régimes adaptatifs des gènes codant pour les protéines: en particulier, quels sont les gènes qui sont soumis à de fortes pressions adaptatives, par exemple liées à des courses aux armements entre hôtes et pathogènes.

Plus récemment, je me suis intéressé à confronter les approches dites inter- et intra-spécifiques. La phylogénie est typiquement une approche inter-spécifique: elle s'intéresse aux différences entre espèces, et se focalise sur la grande échelle évolutive (à travers les millions d'années). La génétique des populations, quant à elle, s'intéresse à la diversité au sein de chaque espèce; de ce fait, elle s'intéresse à une échelle de temps plus courte (de l'ordre de quelques centaines de milliers d'année par exemple dans le cas de l'espèce humaine). Voir les travaux de deux étudiant(e)s ayant travaillé avec moi sur ce sujet:

[Latrille et al, 2023](#) [↗](#)

, et

[Bastian et al, 2025](#) [↗](#)

.

Enfin, je m'intéresse également à des modèles théoriques et basés sur des simulations. À la différence des modèles mentionnés plus haut, ces modèles n'ont pas vocation à être ajustés directement sur les données génétiques actuellement disponibles. Ils servent plutôt à explorer et à comprendre des phénomènes évolutifs qui peuvent émerger à partir de divers mécanismes de reproduction, de réplication et de recombinaison de l'ADN. Dans cette direction, nous nous intéressons particulièrement aux conséquences des mécanismes de mutation et de recombinaison sur l'évolution des génomes. Voir à ce sujet les travaux suivants, également effectués par des étudiantes:

[Luiselli et al, 2024](#) ↗

, et

[Genestier et al, 2024](#) ↗