11
MAR.
2014

de 11h à 12h

SÉMINAIRE

Reconciliation-based detection of co-evolving gene families

Céline Scornavacca
ISEM - Montpellier

Genes located in the same chromosome region share common evolutionary events more often than other genes (e.g. a segmental duplication of this region). Their evolution may also be related if they are involved in the same protein complex or biological process. Identifying co-evolving genes can thus shed light on ancestral genome structures and functional gene interactions.We devised a simple, fast and accurate probability method based on species tree-gene tree reconciliations to detect when two gene families have co-evolved. Our method observes the number and location of predicted macro-evolutionary events, and estimates the probability of having the observed number of common events by chance. Simulation studies confirm that our method effectively identifies co-evolving families. This opens numerous perspectives on genome-scale analysis where this method could be used to pinpoint co-evolving gene families and thus help to unravel ancestral genome arrangements or undocumented gene interactions.(Work in collaboration with Vincent Ranwez et Yao-ban Chan.)----------FRENCH----------
Detection de co-évolution basée sur la réconciliation d'arbres phylogénétiquesEn comparaison avec des gènes situés sur des chromosomes distincts, les gènes situés dans une même région chromosomique prennent part à des évènements évolutifs communs (par exemple dans le cas d'une duplication en tandem de cette région). Leur évolution peut également être liée s'ils sont impliqués dans le même complexe de protéines ou dans le même processus biologique. Identifier des gènes qui ont co-évolué peut donc aider à mieux comprendre les structures génomiques ancestrales et les interactions fonctionnelles des gènes étudiés. Dans cette presentation nous allons decrire une méthode probabiliste basée sur la réconciliation d'arbres phylogénétiques: les macro-évènements évolutifs sont estimés avec une méthode de réconciliation; ensuite nous estimons la probabilité d'avoir le nombre d'évènements communs observés par hasard, faisant l'hypothèse forte que tous les macro-évènements évolutifs sont indépendants les uns des autres. Les simulations réalisées montrent que cette approche est prometteuse. Ce projet est issu de la collaboration avec Vincent Ranwez et Yao-ban Chan.