



COEVOL COÉVOLUTION MULTI-ECHELLES

EQUIPE LE COCON

DE VIENNE Damien

CHARGÉ 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 43 29 09

@ Courriel

🐦 [Twitter \(https://twitter.com/damdevienne\)](https://twitter.com/damdevienne)

Domaines de recherche

Je suis biologiste de l'évolution, utilisant et développant des outils bioinformatiques pour explorer différentes questions macro-évolutives. Mes principaux projets actuels sont listés ci-dessous.

Exploration des lignées fantômes

En première approximation, toutes les espèces sont éteintes » (D. Raup). Et la plupart de celles qui ne le sont pas sont inconnues ! Pourtant, lorsque des processus évolutifs comme l'introgession, le transfert horizontal de gènes ou l'endosymbiose sont étudiés, il est habituel de négliger cette diversité dite « fantôme ». Mes recherches visent à remettre ces lignées inconnues au centre des analyses en biologie évolutive. Non seulement pour comprendre l'impact qu'elles ont sur notre capacité à correctement étudier certains processus évolutifs comme les flux de gènes mais aussi pour tenter de les quantifier, de les caractériser, et de les placer dans l'arbre du vivant.

Voici quelques résultats récents sur ces questions (issus des thèses de Théo Tricou et Enzo Marsot) :

Impact des lignées fantômes

[Tannier E., Tricou T., Benali S., de Vienne D.M. HGTs are not SPRs: In the presence of ghost lineages, series of Horizontal Gene Transfers do not result in series of Subtree Pruning and Regrafting. BiorXiv. ↗](#)

[Tricou T., Tannier E., de Vienne D.M. 2024. Response to "On the impact of incomplete taxon sampling on the relative timing of gene transfer events". Plos Biology. 22:e3002557. ↗](#)

[Tricou T., Tannier E., de Vienne D.M. 2022a. Ghost lineages highly influence the interpretation of introgression tests. Systematic Biology. 71:1147-1158. ↗](#)

URL de la page : <https://lbbe.univ-lyon1.fr/fr/annuaires-des-membres/de-vienne-damien>

[Tricou T., Tannier E., de Vienne D.M. 2022b. Ghost lineages can invalidate or even reverse findings regarding gene flow. Plos Biology. 20:e3001776. ↗](#)

Détection des lignées fantômes

[Tricou T., Marsot M., Boussau B., Tannier T., de Vienne D.M. 2025. Gene flow can reveal ghost lineages. BiorXiv. ↗](#)

Développement d'outils pour la phylogénomique

Dans le passé, j'ai développé différents outils pour comparer des arbres phylogénétiques (l'indice Icong) ou pour explorer des forêts d'arbres de gènes (Phylo-MCOA). Récemment, en collaboration avec des collègues de Lyon et Montpellier, j'ai développé *PhylteR*, un nouvel outil pour identifier les séquences aberrantes dans les jeux de données phylogénomiques, ou encore *Zombi*, un simulateur d'évolution de génomes prenant en compte les lignées fantômes.

[Comte A., Tricou T., Tannier E., Joseph J., Siberchicot A., Penel S., Allio R., Delsuc F., Dray S., de Vienne D.M. 2023. PhylteR: Efficient Identification of Outlier Sequences in Phylogenomic Datasets. Molecular Biology and Evolution. 40:msad234. ↗](#)

[Davin A.A., Tricou T., Tannier E., de Vienne D.M.*, Szöllhosi G.J.* 2019. Zombi: a phylogenetic simulator of trees, genomes and sequences that accounts for dead lineages. Bioinformatics. 36\(4\): 1286-1288. ↗](#)

Visualisation de phylogénies : des petits arbres aux arbres gigantesques

Je m'intéresse à de nouvelles façons de visualiser les relations évolutives entre espèces. Mon principal projet dans ce domaine est *Lifemap* (<https://lifemap.cnrs.fr>), un outil populaire permettant d'explorer l'Arbre du vivant à la manière des cartes géographiques. C'est une taxonomie de plus de 2,1 millions d'espèces (taxonomie du NCBI) qui est ainsi explorable de façon interactive et intuitive. Utilisé par ~20 000 utilisateurs par mois, *Lifemap* est présenté dans certaines expositions, et utilisé pour la recherche et pour l'enseignement à tous les niveaux.

D'autres travaux de visualisation sont aussi listés ci-dessous :

[de Vienne D.M. 2019b. Tanglegrams are misleading for visual evaluation of tree congruence. Molecular Biology and Evolution. 36:174-176. ↗](#)

[Penel S., de Vienne D.M. 2022. tidy tree: a new layout for phylogenetic trees. Molecular Biology and Evolution. 39:msac204. ↗](#)

[de Vienne D.M. 2016. Lifemap: exploring the entire tree of life. PLoS biology. 14:e2001624. ↗](#)