

## **Développement et implémentation de différentes méthodes pour la détection de transferts horizontaux entre génomes eucaryotes**

Lieu du stage: Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, Lyon.

Le transfert horizontal d'ADN entre différents organismes est un phénomène commun chez les bactéries et les archées. Plus récemment, il a été aussi reconnu comme étant un mécanisme important chez des eucaryotes (Keeling & Palmer, 2008). Toutefois, il y a un type particulier de séquences qui sont préférentiellement transférées entre eucaryotes: les gènes sauteurs connus sous le nom d'éléments transposables (ET).

L'identification de ces événements se fait normalement par la détection de une ou plusieurs preuves comme: i) des incongruïtés entre la phylogénie des ET et celle de leurs hôtes, ii) la similarité de séquence des ET en comparaison avec le temps de spéciation de leurs hôtes, et iii) la distribution discontinue dans un taxon spécifique. Jusqu'à récemment, la détection des séquences transférées horizontalement est effectuée manuellement, mais avec la quantité de génomes disponibles, il est devenu nécessaire de développer de nouvelles méthodes automatisées. Aujourd'hui, Il y a deux méthodologies permettant la détection de transferts horizontaux d'ET (HTT), comportant chacune des avantages et des inconvénients (Wallau, et al. 2015, Modolo et al 2014). Notre équipe, en collaboration avec Gabriel Wallau, chercheur à l'Instituto Osvaldo Cruz, Recife, Brésil, va entreprendre le développement d'un package R pour intégrer les différentes méthodologies de détection de transfert horizontal. Nous disposons de plusieurs cas bien documentés d'HTT pour évaluer l'implémentation de ces méthodes. Ainsi, le but du stage est de mettre en place la méthode "Genome-Wide" décrite par Modolo et al. (2014) dans le package VHICA et d'évaluer son efficacité dans l'identification de transferts horizontaux plus anciens et d'ET non-codant. La méthodologie mise en place dans le cadre de ce stage pourra devenir une nouvelle version de ce package.

Cette proposition de stage s'adresse donc à des étudiant(e)s avec un intérêt particulier pour la biologie évolutive, la bio-informatique et les statistiques.

### **Références**

- Keeling, P.J. & Palmer, J.D. 2008. Horizontal gene transfer in eukaryotic evolution. *Nat. Rev. Genet.* 9: 605–618.
- Wallau, G.L., Capy, P., Loreto, E.L.S., Le Rouzic, A., Hua-Van, 2015. A. VHICA, a new method to discriminate between vertical and horizontal transposon transfer: application to the mariner family within *Drosophila*. *Mol. Biol. Evol.* 33(4):1094-1109.
- Modolo, L., Picard, F., Lerat, E. 2014. A New Genome-Wide Method to Track Horizontally Transferred Sequences: Application to *Drosophila*. *Geno. Biol. Evol.* 6(2):416–432.

### **Encadrement**

- Emmanuelle Lerat et Gabriel Wallau
- Contacts : [emmanuelle.lerat@univ-lyon1.fr](mailto:emmanuelle.lerat@univ-lyon1.fr) et [gabriel.wallau@cpqam.fiocruz.br](mailto:gabriel.wallau@cpqam.fiocruz.br)