

MEMBRES

LBBE

Badouin Hélène

Maîtresse de conférences

| UCBL

@Courriel

📞 04 72 44 84 87

LBBE

Bouteyre Pierre

Stagiaire

| UCBL

@Courriel



Brochier-Armanet Céline

Professeure des universités

| UCBL

@Courriel

📞 33 04 26 23 44 76



Charles Seanna

Doctorante

| UCBL

@Courriel

LBBE

Coluzzi Charles

Enseignant-chercheur CPJ

| UCBL

@Courriel



Duret Laurent

Directeur de recherche

| CNRS

@Courriel

☎ 33 04 72 44 62 97



Flandrois Jean-Pierre

Professeur d'université émérite

| UCBL

@Courriel

☎ 04 72 44 85 60



Fruchard Raphael

Ingénieur d'études CDD

| CNRS

@Courriel



Gouy Manolo

Directeur de recherche

| CNRS

@Courriel

☎ 33 04 72 43 11 67



Lacomme Celia

Doctorante

| UCBL

@Courriel



Lafay Bénédicte

Chargée de recherche

| CNRS

@Courriel

☎ 33 04 72 44 85 60



Lartillot Nicolas

Directeur de recherche

| CNRS

@Courriel

📞 04 72 44 84 87



Lefebvre Victor

Doctorant

| UCBL

@Courriel



Lerat Emmanuelle

Chargée de recherche

| CNRS

@Courriel

📞 04 72 43 13 44



Marais Gabriel

Directeur de recherche

| CNRS

@Courriel



Mouchiroud Dominique

Professeure des universités émérite

| UCBL

@Courriel

📞 04 72 44 81 42



Mousset Sylvain

Maître de conférences

| UCBL

@Courriel

📞 04 72 43 35 83



Mugal Carina

Chargée de recherche

| CNRS

@Courriel

📞 04 72 44 81 42



Nardin-Gennequin Joseph

Doctorant

| CNRS

@Courriel



Necsulea Anamaria

Chargée de recherche

| CNRS

@Courriel

📞 04 72 43 35 82



Perrière Guy

Directeur de recherche

| CNRS

@Courriel

📞 33 04 72 44 62 96



Segurel Laure

Chargée de recherche

| CNRS

@Courriel

📞 04 72 43 26 28



Silly Louison

Doctorant

| UCBL

@Courriel



Stoneking Mark

Chercheur invité

| UCBL

@Courriel



Zurmely Adrian

Ingénieur de recherche CDD

| CNRS

@Courriel

📞 04 72 44 81 42



Nos travaux se concentrent sur deux axes principaux: la **phylogénomique** (c'est-à-dire l'inférence de l'histoire évolutive basée sur des données génomiques) et la **génomique évolutive** (comprendre les processus moléculaires et démographiques qui gouvernent l'évolution du génome). Nous considérons les génomes à la fois comme un objet de recherche (comment évoluent les génomes, pourquoi sont-ils structurés tels qu'ils sont?), mais aussi comme une source principale de connaissances empiriques sur les processus de macroévolution (que nous disent-ils sur l'histoire de la vie sur Terre?), ou sur les phénotypes et les stratégies d'histoire de vie des organismes. Nos travaux s'appuient fortement sur des développements méthodologiques (bioinformatique, modélisation et inférence statistique).

Évolution de l'architecture et de l'expression du génome

Les génomes sont le résultat d'un processus évolutif à long terme, façonné par de multiples forces évolutives. Certaines caractéristiques génomiques sont adaptatives (c'est-à-dire bénéfiques pour le succès reproducteur des organismes), d'autres résultent de processus non adaptatifs (dérive aléatoire et conversion génique biaisée - BGC) ou sont causées par des conflits entre plusieurs niveaux de sélection (par exemple, la dérive méiotique ou la propagation d'éléments génétiques égoïstes). Nous explorons différents aspects de l'architecture du génome (paysages de composition en bases, structure et taille du génome, impact des éléments transposables,...) ou de son fonctionnement (expression génique, lncRNA, paysages épigénétiques,...), et essayons de démêler la contribution relative des processus adaptatifs et non-adaptatifs à leur évolution. Pour cela, nous considérons à la fois les mécanismes moléculaires (mutation, réparation, recombinaison) et les processus populationnels (sélection, dérive, BGC,...) qui façonnent la variation génétique.

Phylogénomique

Nous sommes intéressés par la reconstruction de l'histoire de la vie sur Terre. Cette recherche se déroule selon plusieurs axes. Tout d'abord, nous développons des bases de données phylogénomiques de séquences génétiques alignées (e.g.

[BIBI](#) ↗

,

[RiboDB](#) ↗

ou

[HOGENOM](#) ↗

). Deuxièmement, nous menons des recherches méthodologiques sur la façon de reconstruire avec précision les phylogénies profondes, de déduire les temps de divergence, de reconstruire les séquences génétiques ancestrales, les répertoires de gènes et les traits d'histoire de vie. Ce travail méthodologique est mis à disposition de la communauté sous forme de logiciels (e.g.

[SeaView](#) ↗

,

[PhyloBayes](#) ↗

,

[Coevol](#) ↗

). Enfin, nous appliquons ces approches à plusieurs problèmes importants, parmi lesquels: la reconstruction de la phylogénie des animaux, des archées ou de l'arbre global de la vie; analyse phylogénétique des répertoires de gènes ancestraux pour étudier l'évolution de systèmes complexes et l'émergence de fonctions moléculaires et cellulaires dans les trois domaines de la vie; la reconstruction de séquences génétiques ancestrales, une activité de recherche qui a des applications industrielles et biotechnologiques.

Enseignement et vulgarisation

Nous enseignons à l'Université Lyon 1 (

[Master Bioinfo @ Lyon](#) ↗

), à l'INSA, à l'ENS de Lyon, nous organisons des formations en bioinformatique. Nous donnons régulièrement des conférences grand public sur l'évolution (arbre de la vie, évolution humaine, diversité génétique,...).

Nous accueillons régulièrement des étudiants et post-doctorants pour des stages ou des projets de recherche. N'hésitez pas à nous contacter si vous êtes intéressés !

Mots clés: évolution moléculaire et génomique des populations; Phylogénomique; Génomique computationnelle; Génomique comparative; Bioinformatique; Inférence statistique.