



Conference

Modélisation des traits phénotypiques en temps profonds: une approche phylogénétique

Julien CLAVEL, CNRS

Lundi 23 mars 2020

14h00 – 15h30

Salle 10.01, Bâtiment 10

Université de Montpellier – Campus Triolet



Julien Clavel est Chargé de recherche CNRS au Laboratoire d'Ecologie des Hydrosystèmes Naturels et Anthropisés (LEHNA – UMR 5023). Biologiste de l'évolution, ses recherches visent, dans leur ensemble, à comprendre les processus qui ont généré, maintenu, et ultimement éliminé la diversité biologique au cours du temps (macroévolution). Pour cela, il utilise et développe des approches analytiques, quantitatives et comparatives [en particulier les méthodes comparatives phylogénétiques], pour mieux comprendre les conséquences sur l'évolution de la diversité taxinomique et phénotypique des interactions entre espèces, ainsi que leurs interactions avec leurs environnements.

Modélisation des traits phénotypiques en temps profonds: une approche phylogénétique

L'utilisation des méthodes statistiques permettant de modéliser l'évolution des traits phénotypiques sur les arbres phylogénétiques, également connues sous le nom de méthodes comparatives phylogénétiques, ont explosé depuis l'article fondateur de Felsenstein en 1985. Développées au départ pour traiter un problème purement statistique dans l'analyse de données comparatives, ces approches sont maintenant utilisées en « routine » pour appréhender des questions fondamentales en macroécologie et en macroévolution à partir d'espèces actuelles et fossiles. Cependant, leur utilisation a souvent été limitée à des modèles simplistes qui sont basés, par exemple, sur l'hypothèse que les traits ou les espèces évoluent indépendamment les uns des autres et de leur environnement. Ici, je présente une suite de modèles que nous avons récemment développés pour étudier l'effet des interactions interspécifiques et des changements environnementaux passés sur l'évolution des traits phénotypiques ainsi que pour comprendre l'évolution de traits multidimensionnels - en particulier les jeux de données multivariés de haute dimension tels que ceux obtenus en morphométrie géométrique 3D.

Ces méthodes montrent que les phylogénies d'espèces actuelles fournissent des informations précieuses sur la biodiversité passée et présente et offrent un cadre analytique commun à l'étude des espèces actuelles et fossiles. Les développements futurs de ces modèles et outils statistiques permettront en outre une meilleure intégration des différents types de données biologiques et domaines de recherche pour une meilleure compréhension des processus qui ont généré la diversité taxinomique et phénotypique.