

Philippe Gambette (LIRMM, Université Montpellier 2 / CNRS)
Reconstruction combinatoire de réseaux phylogénétiques

Les réseaux phylogénétiques permettent d'enrichir le modèle arboré de l'évolution, en insérant dans l'arbre du vivant des liens entre branches, pour intégrer l'information des échanges de matériel génétique. De nombreuses approches combinatoires ont été conçues pour reconstruire ces réseaux à partir de données extraites de plusieurs arbres de gènes contradictoires.

Je décrirai des méthodes de reconstruction qui supposent l'existence d'une structure arborée sous-jacente. Les logiciels implémentant ces méthodes peuvent prendre en entrée un ensemble d'arbres, de clades, de triplets ou de quadruplets.

Je présenterai aussi certaines limites de ces méthodes combinatoires (explosion de complexité, restrictions du modèle de réseau utilisé, ambiguïté des données). Ceci incite à concevoir de nouvelles approches, mêlant combinatoire et statistique.

<http://www.lirmm.fr/~gambette>