



ID de Contribution: 21

Type: Non spécifié

## Le calcul parallèle, un outil indispensable à l'exploration de l'arbre de la vie

*mardi 14 décembre 2010 15:20 (20 minutes)*

Depuis la publication de "L'origine des espèces" par Charles Darwin en 1859, le paradigme de l'arbre phylogénétique est la forme la plus communément employée pour représenter l'histoire de la vie sur Terre. Par ailleurs, il est possible d'utiliser des séquences génomiques pour reconstruire cet arbre. En effet, les organismes sont les véhicules de l'information génétique, il est donc logique que leur histoire évolutive et celle de leurs gènes soient intimement liées. C'est ainsi que, grâce à ces séquences, il a été possible d'effectuer pour la première fois une véritable classification phylogénétique des micro-organismes. Le problème est que les méthodes de reconstruction utilisant les données génomiques (ce que l'on appelle la phylogénie moléculaire) sont particulièrement gourmandes en temps de calcul. Qui plus est, les méthodes les plus avancées sont fondées sur l'emploi de centaines, voire de milliers, de phylogénies individuelles réalisées à partir de grands ensembles de gènes. C'est ainsi que le calcul parallèle est devenu une approche incontournable pour toute personne intéressée par l'élucidation de l'arbre de la vie. Dans ce contexte, le Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive a été un des pionniers dans l'utilisation de ces approches, ceci au travers d'une collaboration suivie avec le Centre de Calcul de l'IN2P3, à travers le projet TIDRA.

**Orateur:** M. PERRIÈRE, Guy (Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive (LBBE))

**Classification de Session:** Retour d'expérience d'utilisateurs