

Collaborations

Aevol est développé par l'équipe INRIA/LIRIS Beagle.

Le modèle est issu de nombreuses collaborations interdisciplinaires. Il est distribué sous licence GPL et actuellement utilisé dans plusieurs équipes, via des collaborations avec Beagle. Les principales collaborations passées ou en cours concernent des questions évolutives aussi différentes que l'étude de l'évolution de la structure des génomes endosymbiotes (BF2I), des génomes des bactérioplanctons (LBBE), la comparaison entre évolution expérimentale *in vivo* et évolution numérique (TIMC-IMAG) ou l'étude des transferts de plasmides entre populations bactériennes (TaMaRa).

A ce jour, les principales collaborations tissées autour de la plateforme Aevol sont :

- BF2I (Laboratoire de Biologie Fonctionnelle et Interaction, INRA, INSA-Lyon)
- LBBE (Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive, CNRS, Univ. Claude Bernard Lyon1)
- TIMC-IMAG (Techniques de l'Ingénierie Médicale et de la Complexité - Informatique, Mathématiques, Applications, Grenoble, CNRS, UGA, Grenoble)
- TaMaRa (INSERM, Paris)
- Avallon-LIP (Laboratoire d'Informatique du Parallélisme, INRIA, CNRS, ENS-Lyon)
- Dracula-Camille Jordan (Laboratoire de Mathématiques, INRIA, CNRS, Univ. Claude Bernard Lyon 1)

Disponibilité

Aevol est distribué sous licence GPL (www.aevol.fr). Les différentes évolutions du modèle (R-Aevol, T-Aevol, A-Aevol, ...) sont distribuées en version Beta ou Alpha sur demande auprès de l'équipe.

Principaux contributeurs

Guillaume Beslon, Jonathan Rouzaud-Cornabas, David Parsons, Vincent Liard, Laurent Turpin, Théotime Grohens, Marco Foley.

Support

Aevol est soutenu par l'INRIA, l'INSA Lyon, la Commission Européenne (Projet FET_Proactive EvoEvo) et l'ANR (Projet Evolutionon)

Contacts

Guillaume Beslon

LIRIS-Beagle : guillaume.beslon@liris.cnrs.fr

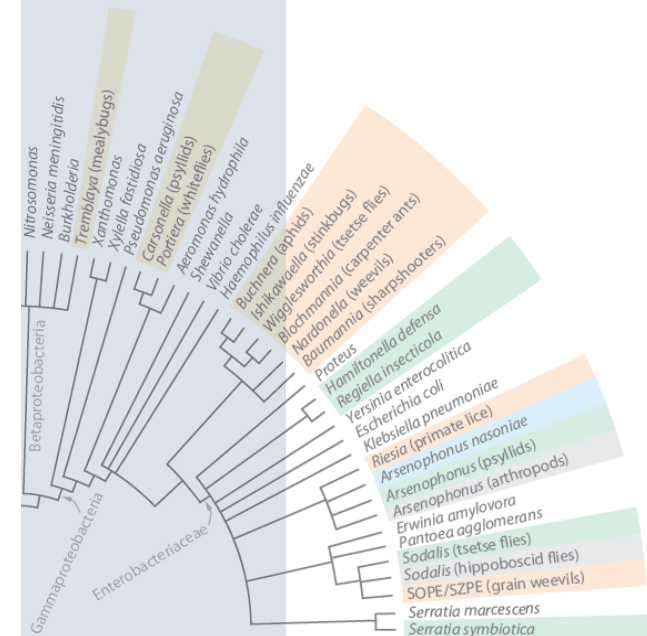
Equipe Beagle

INRIA Antenne Lyon la Doua,
Bâtiment CEI-2, 64, boulevard Niels Bohr,
69603 Villeurbanne

<http://www.aevol.fr>

Aevol

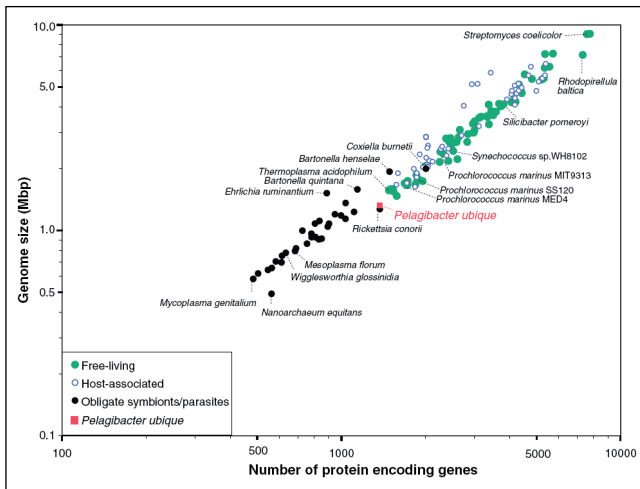
Une plateforme de simulation pour étudier l'évolution structurelle des génomes bactériens



Objectifs scientifiques

Les bactéries partagent une histoire évolutive commune. Pourtant, en fonction de leurs styles de vie, de leur milieu ou des conditions évolutives, elles présentent des structures génomiques et transcriptomiques très différentes. Ainsi, l'ensemble des endosymbiontes présente des génomes particulièrement compacts alors que leurs proches affiliés « libres » sont en général dotés de génomes beaucoup plus longs et comportent un nombre de gènes jusqu'à dix fois plus important.

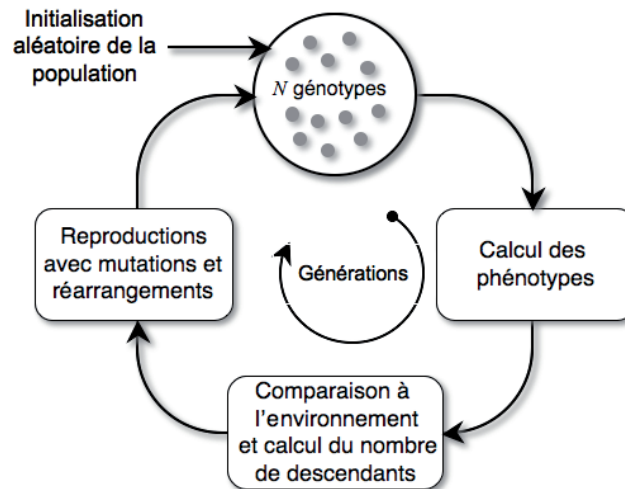
L'origine évolutive de ces structures est aujourd'hui relativement mal connue et les outils classiques de la biologie évolutive et de la bioinformatique peinent à répondre à ces questions. Aevol est une plateforme de simulation permettant de faire évoluer *in silico* des populations de bactéries virtuelles et d'explorer expérimentalement les mécanismes de structuration des génomes et des transcriptomes.



(Giovannoni et al., Science, 2005)

Aevol est une plateforme de « génétique numérique » : une population d'organismes virtuels est soumise à un processus de sélection et de variation, ce qui engendre une dynamique Darwinienne. En modifiant les caractéristiques de la sélection (taille de la population, type d'environnement, variations environnementales, ...) ou de la variation (taux de mutations, taux de réarrangements chromosomiques, type de réarrangements, transferts horizontaux, ...), on peut alors étudier l'impact de ces différents paramètres sur la structure des organismes. En particulier, Aevol intégrant un modèle précis de génome, il permet d'étudier les variations structurelles des génomes (nombre de gènes, synthèse, proportion codante, ...).

La plateforme de simulation est accompagnée d'une série d'outils permettant d'analyser les phylogénies, de mesurer les taux de mutation fixés, de mesurer la neutralité ou l'évolvabilité des individus, ... Une version du modèle (R-Aevol) permet en outre d'étudier l'évolution des réseaux de régulation génétiques.



Principaux résultats

Aevol est particulièrement adapté à l'étude des « pressions évolutives de second ordre ». Ces pressions ne sont pas directement liées à la fitness des individus (i.e. à leur capacité à produire un grand nombre de descendants à la génération suivante) mais à leur capacité à produire des descendants viables et capables eux-mêmes d'engendrer des lignées viables. Ces pressions de second ordre sont en particulier liées aux contraintes de robustesse, de variabilité et d'évolvabilité inhérentes au processus évolutif.

En utilisant Aevol, nous avons pu montrer que la sélection de second ordre impose de très fortes contraintes sur la structure des génomes [1,2,13,15], des réseaux de régulation [5,6], des transcriptomes [9, 11] et des protéomes [14, 16]. Par ailleurs, nous avons pu montrer, grâce au modèle R-Aevol, que les réseaux de régulation génétiques peuvent présenter des structures topologiques (structure du graphe de connexions) significativement différentes de leurs structures fonctionnelles (gènes en interaction fonctionnelle) [8].

Principales références

- [1] Knibbe, PhD Thesis, INSA-Lyon, 2006
- [2] Knibbe *et al.*, Mol. Biol. Evol., 2007
- [3] Knibbe *et al.*, J. Theor. Biol., 2007
- [4] Knibbe *et al.*, Artif. Life, 2008
- [5] Sanchez-Dehesa, PhD Thesis, INSA-Lyon, 2009
- [6] Beslon *et al.*, Biosystems, 2010
- [7] Parsons *et al.*, Int. Conf. Artif. Life, 2010
- [8] Beslon *et al.*, Intel. Data Anal. J., 2010
- [9] Parsons *et al.*, Europ. Conf. Artif. Life, 2011
- [10] Knibbe *et al.*, Europ. Conf. Artif. Life, 2011
- [11] Parsons, PhD Thesis, INSA-Lyon, 2011
- [12] Hindre *et al.*, Nat. Rev. Microbiol., 2012
- [13] Batut *et al.*, BMC Bioinfo, 2012
- [14] Liard *et al.*, Int. Conf. Artif. Life, 2018 (Best paper award)
- [15] Liard *et al.*, Artif. Life, 2019
- [16] Rutten *et al.*, BMC Evol Biol, 2019