# Avis de Soutenance

## Madame Emeline BAPTISTE

## Biologie-Santé - Spécialité Bioinformatique et Génomique

Soutiendra publiquement ses travaux de thèse intitulés

*Etude et implémentation d'une méthode de classification des organismes fondée sur le mosaïcisme génomique*

dirigés par Monsieur Jean-Louis MEGE

Thèse soutenue le ***mercredi 28 juin 2023*** à 14h00
Lieu : Faculté des Sciences Médicales et Paramédicales secteur Timone (Aix-Marseille Université) 27 Bd Jean Moulin, 13385 Marseille
Salle : de visioconférence

**Composition du jury proposé**

| | | |
|---|---|---|
| Mme Catherine ANDRE | Institut de Génétique & Développement de Rennes | Rapporteure |
| M. Patrick FORTERRE | Institut Pasteur | Rapporteur |
| M. Jean-Louis MEGE | Aix-Marseille Université | Directeur de thèse |
| M. Christophe PORCHER | Aix-Marseille Université | Examinateur |
| M. Christian DEVAUX | IHU Méditerranée Infection | Président |
| M. Julien PAGANINI | Xegen | Examinateur |

**Mots-clés :** classification,transfert de gènes horizontal,rhizome,taxonomie,NGS,

**Résumé :**

La systématique est la science relative au regroupement et à la classification des espèces. Cette science promue par Carl von Linné au XVIIIe siècle n'a eu de cesse d'évoluer jusqu'à nos jours. Basée sur la morphologie à ses débuts, cette science emploie désormais le profil génétique et les liens de parenté à la suite de la prise en compte des travaux de Darwin et le développement du séquençage d'ADN. De là est née la systématique moléculaire, la version moderne qui permet dorénavant de comparer des groupes morphologiquement distants grâce à leur profil génétique. Avec l'avènement du séquençage à haut débit (NGS), de nouvelles méthodes de classification ont vu le jour, cependant elles ne prennent pas en considération le phénomène de transfert horizontal de gènes. Décrit en 1999, il était orienté seulement des bactéries vers les eucaryotes pour le processus d'endosymbiose des mitochondries et des chloroplastes. Le développement de la génomique et de la bioinformatique a permis de mettre au point des logiciels et des représentations de ce phénomène finalement commun à l'ensemble des domaines du vivant. A ce jour, il n'existe aucune méthode de classification incluant ce phénomène biologique. Mes travaux de thèse se concentrent sur le concept de rhizome inventé pour représenter les transferts horizontaux de gènes. Mon étude a pour but de promouvoir le rhizome comme nouvel outil de classification et de le comparer aux « gold standard » actuels. A l'issue de mes travaux, j'ai pu démontrer que la technique du rhizome pouvait être

employée pour la classification de différents modèles du vivant (archées, bactéries, eucaryotes et virus géants) et différents supports du matériel génétique (ADN génomique et ADN mitochondrial). L'emploi de cette méthode peut se substituer à l'emploi d'un seul ou plusieurs gènes marqueurs et/ou régions génomiques d'intérêt. Le rhizome offre une approche innovante de la classification et de la taxonomie.

LE DOYEN

Georges LEONETTI

# Résumé

La systématique est la science relative au regroupement et à la classification des espèces. Cette science promue par Carl von Linné au XVIIIe siècle n'a eu de cesse d'évoluer jusqu'à nos jours. Basée sur la morphologie à ses débuts, cette science emploie désormais le profil génétique et les liens de parenté à la suite de la prise en compte des travaux de Darwin et le développement du séquençage d'ADN. De là est née la systématique moléculaire, la version moderne qui permet dorénavant de comparer des groupes morphologiquement distants grâce à leur profil génétique. Avec l'avènement du séquençage à haut débit (NGS), de nouvelles méthodes de classification ont vu le jour, cependant elles ne prennent pas en considération le phénomène de transfert horizontal de gènes. Décrit en 1999, il était orienté seulement des bactéries vers les eucaryotes pour le processus d'endosymbiose des mitochondries et des chloroplastes. Le développement de la génomique et de la bioinformatique a permis de mettre au point des logiciels et des représentations de ce phénomène finalement commun à l'ensemble des domaines du vivant. A ce jour, il n'existe aucune méthode de classification incluant ce phénomène biologique. Mes travaux de thèse se concentrent sur le concept de rhizome inventé pour représenter les transferts horizontaux de gènes. Mon étude a pour but de promouvoir le rhizome comme nouvel outil de classification et de le comparer aux « gold standard » actuels. A l'issue de mes travaux, j'ai pu démontrer que la technique du rhizome pouvait être employée pour la classification de différents modèles du vivant (archées, bactéries, eucaryotes et virus géants) et différents supports du matériel génétique (ADN génomique et ADN mitochondrial). L'emploi de cette méthode peut se substituer à l'emploi d'un seul ou plusieurs gènes marqueurs et/ou régions génomiques d'intérêt. Le rhizome offre une approche innovante de la classification et de la taxonomie.

Mots clefs : classification – taxonomie – rhizome – transfert de gènes horizontal – NGS

# Abstract

Systematics is the science of species grouping and classification. Carl von Linné promoted this science, which has been continuously evolving since the 18th century. Initially based on morphology, this science now employs the genetic profile and kinship links developed by Darwin's work and DNA sequencing. Following that, molecular systematics was born. This is the modern version that now allows to compare distant groups thanks to their genetic profile. With the advent of high throughput sequencing or NGS, new classification methods have emerged, but they do not take into account the horizontal gene transfer phenomenon. Described in 1999, it was supposed to be directed only from bacteria to eukaryotes for the endosymbiosis process of mitochondria and chloroplasts. The development of genomics and bioinformatics has made it possible to develop software and representations of this ultimately common phenomenon in all domain of life. To date, there is no classification method including this biological phenomenon. My PhD memory focuses on the concept of rhizome created for imaging horizontal transfer gene. My study aims to promote rhizome as a new classification tool and to compare it to the current "gold standard" of classification. At the end of my work, I was able to demonstrate that the rhizome technique could be used for the classification of different living models (archaea, bacteria, eukaryotes and giant viruses) and different support of genetic material (genomic DNA and mitochondrial DNA). The use of this method can replace the use of a single or several marker genes and/or a genomic region of interest. The rhizome offers an innovative approach to classification and taxonomy.

Key words : classification – taxonomy – rhizome – horizontal transfer gene – NGS