

Mieux comprendre l'évolution des espèces

Claude Gauvreau

On le dirait fraîchement émoulu du Cégep. Il est vrai qu'il est jeune, 32 ans, et pourtant il a obtenu en juin dernier son statut de professeur régulier après avoir été professeur substitut durant un an. Vladimir Makarenkov du Département d'informatique figure parmi les cinq chercheurs choisis par la Faculté des sciences pour soumettre leur candidature au concours «Découvertes scientifiques» de l'année organisé par la revue *Québec Science*.

Né en Russie, Vladimir Makarenkov a fait ses études de baccalauréat et de maîtrise à l'Université de Moscou pour ensuite terminer son doctorat à Paris. Enfin, il vient s'établir au Canada pour réaliser un stage postdoctoral à l'Université de Montréal, dans le laboratoire du professeur Pierre Legendre (sciences biologiques). Aujourd'hui, il collabore avec les chercheurs du Laboratoire de combinatoire et d'informatique mathématique (LACIM) de l'UQAM, de l'Université de Montréal et de McGill.

«Je suis un informaticien qui s'intéresse à la bioinformatique, une discipline de pointe apparue il y a quatre ou cinq ans, qui se trouve à l'intersection de l'informatique, des mathématiques et de la biologie», explique M. Makarenkov. Ainsi, dans le domaine de la recherche fondamentale, le jeune professeur travaille au développement d'algorithmes afin de construire des arbres d'évolution phylogénétiques, c'est-à-dire des structures arborescentes illustrant les modifications d'ordre génétique qui se produisent au sein d'espèces animales ou végétales. Rappelons que la phylogénie renvoie au mode de formation et de développement des espèces au cours de l'évolution. Sur un plan plus pratique, il œuvre à la création de logiciels avec des interfaces graphiques conviviales qui peuvent être utilisés tant par des biologistes, que par des écologistes ou des biochimistes, dans l'analyse et l'interprétation de leurs données.

Un nouveau modèle

M. Makarenkov a soumis au concours



Photo : Nathalie St-Pierre

Vladimir Makarenkov, professeur au Département d'informatique.

de *Québec Science* un article, co-signé avec son collègue Pierre Legendre de l'Université de Montréal, publié dans le numéro de mars 2002 de la prestigieuse revue *Systematic Biology*, intitulé «Reconstruction of Biogeographic and Evolutionary Networks Using Reticulograms». Dans ce texte, les deux chercheurs proposent une nouvelle méthode permettant de retracer l'évolution réticulée, ou l'évolution en réseau, de différentes espèces, à partir de données biogéographiques et phylogénétiques.

Dans la première étude de cas, les auteurs ont utilisé un réticulogramme - un modèle mathématique de données sous forme de graphe - afin de reconstituer le trajet en réseau emprunté par 85 espèces de poissons d'eau douce du Québec depuis la dernière glaciation. Ils ont considéré 21 régions de la province et, pour chacune d'elles, ont tenté de mesurer les données de présence-absence des poissons d'eau douce dans les différents lacs et rivières. «Nous avons ainsi reconstruit, à l'aide du réticulo-

gramme qui comporte davantage de branches qu'un arbre phylogénétique, le réseau le plus probable permettant de mieux représenter et donc de mieux comprendre comment les poissons se sont propagés. D'un point de vue statistique, ce modèle de données est plus plausible que le modèle classique, de type arborescent, employé jusqu'à maintenant par plusieurs chercheurs», souligne M. Makarenkov. «En retraçant l'histoire biogéographique d'une région, à travers celle de la dispersion d'espèces animales, nous croyons contribuer à une meilleure compréhension du processus d'évolution», ajoute-t-il.

Par ailleurs, M. Makarenkov et son collègue ont appliqué la même méthode, mais avec des données différentes, à deux autres types de problèmes : pour illustrer les similarités et les différences morphologiques parmi des populations de rats musqués dans la région de la rivière La Houille en Belgique, et pour reconnaître des hybrides chez douze espèces de plantes.

Des applications variées

Le modèle proposé vise à illustrer divers mécanismes biologiques, qu'il s'agisse du transfert latéral des gènes entre les bactéries, de la micro-évolution de populations animales ou végétales, du phénomène de l'hybridation ou de celui de la convergence évolutive. «Ainsi, par exemple, on sait que les baleines, qui sont des mammifères, possèdent des nageoires, tout comme les poissons. Pourquoi ? Parce qu'elles ont partagé le même habitat et non parce qu'elles proviennent de la même famille», explique M. Makarenkov.

Ce modèle, affirme-t-il, n'est pas nécessairement supérieur à celui de l'arbre phylogénétique, mais il est plus général. «Le modèle arborescent demeure approprié pour certains types de données, tout dépend des mécanismes que l'on cherche à analyser».

La tête remplie de projets, le jeune chercheur voudrait maintenant raffiner le modèle du réticulogramme afin de l'utiliser pour comprendre

l'évolution d'autres espèces. Il aimerait également construire des arbres phylogénétiques à grande échelle et développer des algorithmes pouvant s'appliquer à ce type de structure.

Vladimir Makarenkov ne semble pas regretter d'avoir choisi de travailler dans le milieu universitaire québécois. «En Russie, on met surtout l'accent sur la recherche fondamentale tandis qu'ici la théorie est toujours prolongée d'un volet pratique. De plus, les jeunes chercheurs au Québec et au Canada sont avantagés. En France, par exemple, il est beaucoup plus difficile pour un chercheur en début de carrière d'obtenir des fonds de recherche. Moi, dès le début de ma carrière à l'UQAM, j'ai pu obtenir des subventions de recherche du CRSNG, du NATEQ, du PAFARC et de Génome Québec.» ●