lifemap : l'explorateur de l'arbre du vivant

publié le 18.04.17 |par damien de vienne

présentation de lifemap, logiciel permettant d'explorer l'arbre du vivant.

cet article est une version modifiée de celui écrit par son auteur pour le site du cnrs.

1. l'arbre de la vie

l'évolution des espèces depuis plus de 4 milliards d'années (bell et al. 2015) a conduit à la biodiversité actuelle, dont nous ne connaissons qu'une petite partie. selon les estimations, le nombre d'espèces vivant sur terre varie de quelques millions (costello et al. 2013) à plusieurs centaines de milliards (locey & lennon, 2016). mais la diversité à laquelle je me suis intéressé dans ce travail est celle pour laquelle des liens de parenté, ou liens évolutifs, ont été établis entre les espèces. ceci forme un arbre, nommé « arbre de la vie » (*tree of life* en anglais), où chaque feuille représente une espèce et chaque nœud un ancêtre, à la manière des arbres généalogiques. alors que de nombreuses recherches sont menées pour tenter de reconstruire cet arbre, grâce notamment aux techniques toujours plus efficaces de séquençage des génomes et à de nouvelles méthodes bio-informatiques de reconstruction des arbres phylogénétiques, il n'existe aujourd'hui aucune méthode satisfaisante pour visualiser cet arbre dans sa globalité, de façon interactive et intuitive.

différentes ressources proposent des « arbres de la vie » qui varient en termes de nombre d'espèces et de qualité des liens de parenté présentés. deux en particulier sont des références dans le domaine de la classification du vivant. le ncbi tout d'abord (*national center for biotechnology information*) tient à jour une taxonomie de près de 1,5 millions d'organismes. cet arbre est mis à jour de façon hebdomadaire, par des experts de la taxonomie qui modifient l'arbre pour ajouter de nouvelles espèces et intégrer certains résultats obtenus par les chercheurs en biologie évolutive. le projet otol ensuite (*open tree of life*, hinchliff *et al.* 2015) regroupe quelque 2,3 millions d'organismes. cet arbre est basé sur un algorithme qui combine de façon automatique les données issues de différentes sources taxonomiques (dont le ncbi) et des données phylogénétiques publiées dans la littérature.

2. explorer l'arbre de la vie comme une carte géographique

la très grande quantité d'information à représenter et la nature hiérarchique de l'organisation des espèces évoquent les données cartographiques : de même qu'une rue fait partie d'une ville, qui fait partie d'un département, qui fait partie d'une région, qui fait partie d'un pays, une espèce fait partie d'un genre, d'une famille, d'un ordre, d'une classe, d'un règne et d'un domaine. partant de ce constat, j'ai développé lifemap (de vienne, 2016), un outil web d'exploration de l'arbre de la vie qui permet de s'y déplacer comme on le fait sur une carte routière avec *openstreetmap* ou *google maps*.

deux caractéristiques majeures permettent à lifemap de proposer, pour la première fois, une exploration aisée de l'intégralité de l'arbre de la vie. en premier lieu, lifemap repose sur une nouvelle façon de visualiser des données hiérarchiques : chaque groupe d'espèces (ou clade) est représenté par un demi-cercle, contenu dans un demi-cercle plus grand représentant le clade de niveau hiérarchique supérieur (figure 1).

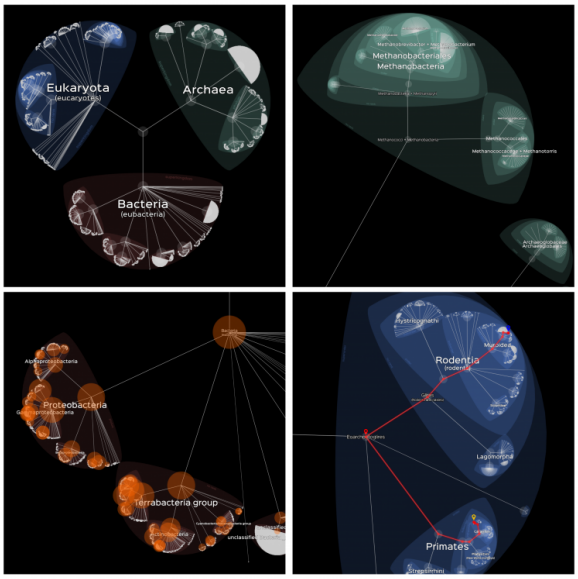


figure 1 - plusieurs vues de l'outil lifemap

auteur(s)/autrice(s) : damien de vienne licence : cc-by-nc

cette représentation permet d'une part de s'assurer que les branches de l'arbre ne se croisent jamais, d'autre part de respecter la structure particulière de l'arbre de la vie où le nombre de clades contenus dans un clade de niveau hiérarchique supérieur est variable. en second lieu, lifemap détourne des outils développés dans le cadre du projet *openstreetmap* et utilise une astuce qui fait la puissance des outils de cartographie actuels : le système de tuiles. l'image vue à l'écran est une mosaïque de plus petites images (les tuiles) qui sont stockées sur un serveur informatique distant.

3. l'outil lifemap : spécificités

lifemap (http://lifemap.univ-lyon1.fr) existe sous plusieurs versions, selon le public visé et les données représentées (ncbi ou otol). une version en particulier est à destination du grand public. elle ne comprend « que » 800 000 espèces, et propose des informations relatives à chaque nœud et à chaque feuille de l'arbre, auxquelles on accède par un clic. ces informations (images, descriptions) sont directement issues des pages wikipédia correspondantes, si elles existent. par ailleurs il est possible de rechercher et de visualiser des « chemins » dans l'arbre, pour identifier l'ancêtre commun le plus récent de deux espèces particulières ou pour suivre le trajet reliant une espèce donnée au dernier ancêtre universel (luca).

lifemap est un outil web, donc disponible pour tous les navigateurs, sous tous les systèmes d'exploitation. il ne nécessite l'installation d'aucune extension. il est gratuit et mis à jour automatiquement chaque semaine. la seule contrainte est la nécessité d'une connexion internet, car la grande quantité d'information présentée dans lifemap est incompatible avec une utilisation hors-ligne. une version pour téléphones et tablettes nommée ***lifemap – tree of life***, disponible sur le play store d'android (et bientôt sur l'apple store), a déjà été installée par plus de 28 000 personnes (au 2 avril 2017).

4. conclusion

lifemap, est un outil qui devrait être important, non seulement pour les chercheurs travaillant dans le domaine de l'évolution, en facilitant l'observation de l'arbre de la vie et l'accès depuis lifemap aux bases de données spécialisées dédiées, mais aussi à un public plus large, comprenant les étudiants et enseignants du secondaire et du supérieur, voire le grand public intéressé par l'évolution.

5. références

- **bell, elizabeth a., boehnike, patrick, harrison, t. mark, *et al.* 2015. potentially biogenic carbon preserved in a 4.1 billion-year-old zircon. *pnas* 112(47):14518-14521.**
- **costello, mark j. and may, robert m. and stork, nigel e. 2013. can we name earth's species before they go extinct ? *science* 339(6118) :413-416.**
- **kenneth j. locey and jay t. lennon. 2016. scaling laws predict global microbial diversity. *pnas* 113(21) :5970-5975.**
- **hinchliff ce, smith sa, allman jf, burleigh jg, chaudhary r, et al. 2015. synthesis of phylogeny and taxonomy into a comprehensive tree of life. *pnas* 112:12764-12769.**
- **de vienne dm. 2016. lifemap: exploring the entire tree of life. *plos biology* 14(12):e2001624.**

CRÉDITS

AUTEUR(S)/AUTRICE(S)

damien de vienne

chercheur au cnrs, membre du laboratoire de biométrie et biologie évolutive (lbbe) à lyon. il travaille sur de nouvelles méthodes d'analyse et de reconstruction des arbres phylogénétiques ainsi que sur l'importance des transferts horizontaux de gènes dans l'histoire évolutive des espèces.

MISE EN LIGNE

pascal combemorel

agrégé de svt, il est le responsable éditorial du site planet-vie depuis septembre 2016.

LICENCE DU TEXTE DE L'ARTICLE

creative commons - attribution - pas d'utilisation commerciale