



UNIL | Université de Lausanne

Faculté de biologie
et de médecine

Soutenance de thèse

Livio Ruzzante

Master en biologie
Université de Neuchâtel, Suisse

Soutiendra en vue de l'obtention du grade de
Doctorat ès sciences de la vie (PhD)
de l'Université de Lausanne

sa thèse intitulée :

Evolutionary-Functional Genomics for an Enhanced Resolution of Arthropod Gene Function

Directeur-trice de thèse :

Monsieur le Professeur
Robert Waterhouse

Cette soutenance aura lieu

**Vendredi 3 février 2023
à 15h00**

Amphithéâtre, Biophore, quartier UNIL-Sorge, 1015 Lausanne

L'entrée est publique

Prof. Niko GELDNER
Directeur de l'École Doctorale

19.01.23

Titre de thèse:

Génomique évolutive et fonctionnelle pour une compréhension améliorée des gènes d'arthropodes

Candidat: Livio Ruzzante, département d'Écologie et Evolution

L'échantillonnage de plus en plus approfondi de l'arbre du vivant grâce au séquençage génomique offre de nouvelles possibilités d'explorer les liens entre l'évolution et la fonction des gènes. En raison de leur incroyable diversité biologique, les arthropodes constituent un système d'étude idéal, compte tenu de leur vaste gamme d'adaptations physiologiques, comportementales et écologiques.

Cependant, cette diversité, associée à l'augmentation rapide de la quantité de données génomiques, représente un défi pour la compréhension de la biologie sous-jacente, car la recherche détaillée en génétique fonctionnelle nécessite des investissements importants en temps, en expertise et en ressources. Les approches de génomique comparative doivent donc contribuer à aider et guider l'interprétation de ces données génomiques de plus en plus accessibles.

Cette thèse présente un cadre de biologie évolutive aux analyses de génomique comparative, fournissant aux biologistes une ressource exploratoire pour saisir l'histoire évolutive des séquences de gènes et les mettre en relation avec leurs rôles et contraintes fonctionnels hypothétiques. Elle propose une nouvelle approche pour caractériser la diversité génomique des arthropodes, façonnée au cours de centaines de millions d'années d'évolution et à l'origine de la gamme extraordinairement variée des fonctions de ces organismes.

L'approfondissement de notre compréhension de ces diverses correspondances évolutives-fonctionnelles des arthropodes ne peut se faire sans un accès accru à des outils bioinformatiques automatisés. De telles approches seront donc cruciales, non seulement pour le progrès scientifique mais aussi pour informer les stratégies face à plusieurs des défis mondiaux posés aux sociétés humaines par une mise en danger croissante des populations d'arthropodes, exacerbée par un changement climatique rapide.