

Au-delà de l'Ancien Testament...

Les données de séquences génétiques

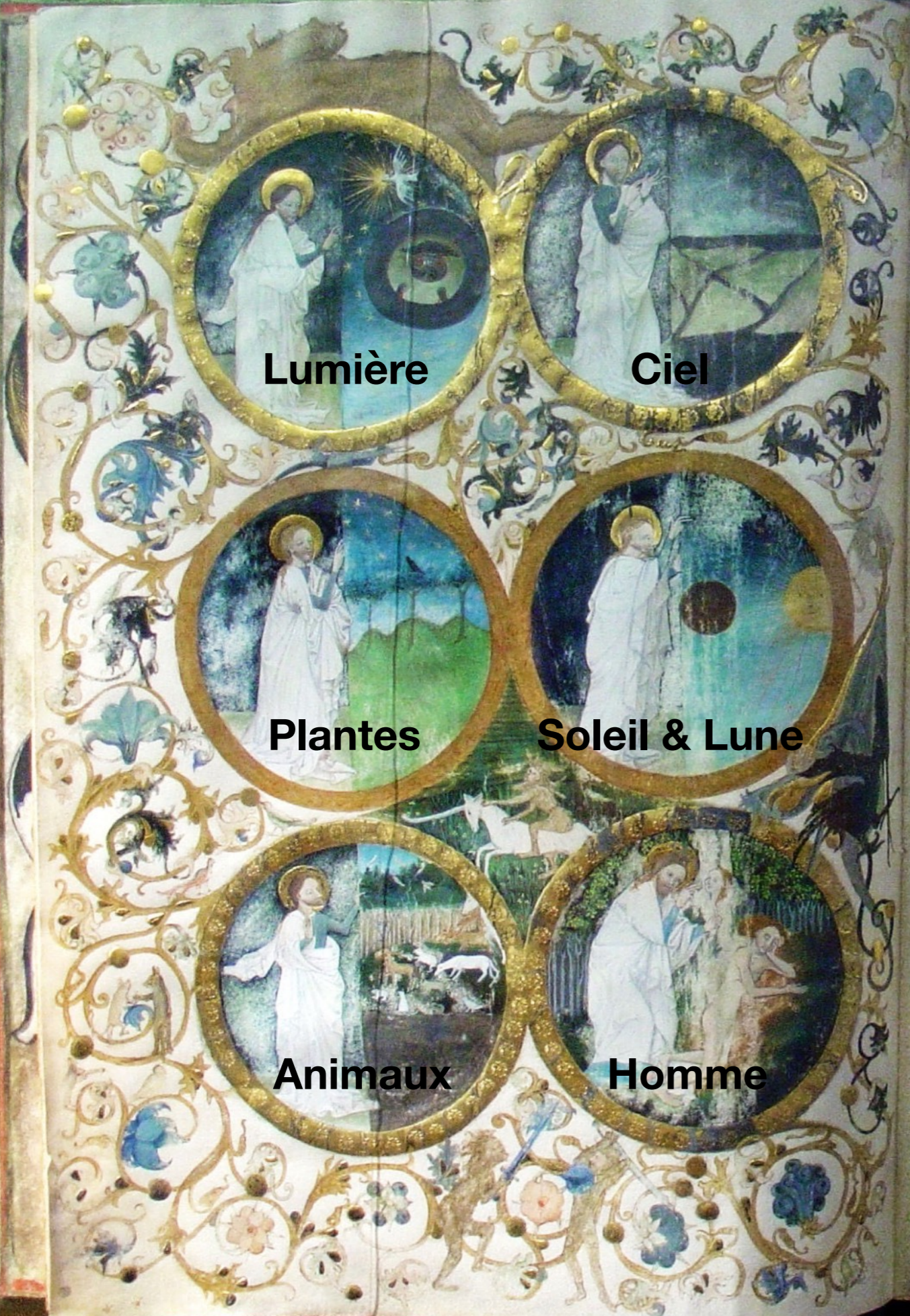


Denis BAURAIN

Société Royale des Sciences de Liège – 25/11/2022



La Genèse, Paul Delvaux, 1960



Lumière

Ciel

Plantes

Soleil & Lune

Animaux

Homme

Inapffuo da som ad paulum p

sbim sombi dme hestiois libros



Lateran
Sofius m
ca hua m
misa pte
res eod f
ff quissid
suis ale a
linga ama

anti fide probat id fidei pte
de amia pua ptebat de
em u nrisdo e et x qmto co
m hnt qm nisi nraab rei fay
a sub ms pua in copoz no
liboia e pelias aduab. Sa
da amor i x qm qm sarpalaz
sua ca confiat leymng: pete
ly hstiois quofa: f: m fuste p
p m ab: p uo adiffe poplo
mama tiffte ut ebe qbe x
fate no uant cora qm x pdnt
Sic p h a g o r a b m p h a u o s
u a g e . S i i p l a u o e i m m i r a c
t i b u e h i e r e n t m r a n c o r o x a
v r a b e . a u e . q u e d a m a g n a r e
c i a d r e t e r . a b o r o s i f t i e p r
g r a u i r . d r q u i a n e m e m a r
t a f i r o i e n s a u g m o t i a s
a d d e m e e u g n a s i p o b a n t
f i e t p e r m u s a t a r . d i f a g u l u s
m e l e n s a l i e n t r e a l d r e d e r
q u a s i a n u p u d e n t m i n e r e
d e n u t n i l i n g u a q u a t o t o o r e
f i n e n t e s p r e d i c a u t m r a u i s q
p a r a n s . d e m o d a t u s a r a m o
m i d e s i m o p a n n e . d i u o a u
t u i s . d m a n o . f u i s . r a m o
q u i b u s . m a i o r e m e n t e f e f i t
f o d u n l i m u l a t e r e e s o u e a
f o n t e n a n a n t e . d e u i m s r
p a n e n a n a n t e . f i n e q u e s
d a u e s s e m i s e l e c t a m e r
e u o p a m e l a t o r e f i a g m a
n o m a n t e m a i o r h o m i e f i n
m o n y t . S u a i e c t a u d i t u
e m i d i u s o u b e r e p m e a d u g
f a l l u d n a r a t e s e q u e c a m a
f a x p o d m u c f i n e t e m a n g
u f o l e r i s l o q u i t u r . f i e h i l a
o n u b i r m e n t r a n a d u i c m
u l t i p l a s m r a u s i u c a u u a
f i l l e b a n o s . a u t i s m a s s a s
e u l e n t . i n e m o x r e m t e b
f e t m q u e r e c a d e r e m l i z i f i
m o x p u s e r a u i e m a m u s o p
r t m e d e t r a m a n a s u e b i r
t a m e m u s r a m e c a d e r e m p
v e n t a d d a g a m a s u f i a n
t a m a n o f e c e n t e a u r o e d

Osculi forte vocantur: ut ex
as dya puos denagua e mor
qat de anu dieni et fideu
quic deente. Inde p h a b
d a b e s o m o s . a l e o s . m e d e v a t
f i u o s . p a n o s . f r a b . f e m a b
h y l e o . p a s t e m o s . r e f e r t u o
a l o r a n d a b u r x e t e f i u o r a m .
u t c a m o p d u s a b . r a m o s s i
m a j o h e m e n t i u d e t . a m e l l o
m e m e r e p u o s u y e d d i p e n t
i s m p e r y p l a u e n s s e m p e m e s
o r f e t . S i a p p t i s t u f i r p l e s t
m a o r o c o u n t u b . p h i l o s o p h
e d l o q u a r d e l a . m

Osculi sunt: ut ex
as dya puos denagua e mor
qat de anu dieni et fideu
quic deente. Inde p h a b
d a b e s o m o s . a l e o s . m e d e v a t
f i u o s . p a n o s . f r a b . f e m a b
h y l e o . p a s t e m o s . r e f e r t u o
a l o r a n d a b u r x e t e f i u o r a m .
u t c a m o p d u s a b . r a m o s s i
m a j o h e m e n t i u d e t . a m e l l o
m e m e r e p u o s u y e d d i p e n t
i s m p e r y p l a u e n s s e m p e m e s
o r f e t . S i a p p t i s t u f i r p l e s t
m a o r o c o u n t u b . p h i l o s o p h
e d l o q u a r d e l a . m

Hic quoque
dicitur quod
dixit deus
tertia die
creavit
firmamentum
super aquas
et vocavit
firmamentum
caelum.
Et vespere
fuit et mane
fuit dies tertius.
Et factus est
caelum et terra
et aqua.

La Création du monde en six jours
Bible de Jan de Selmberk, 1440



Forêt tropicale avec singes, Henri Rousseau, 1910











Henri Rousseau
1910












Algues mélimélo, Rosa Gago, 2014

Données géologiques

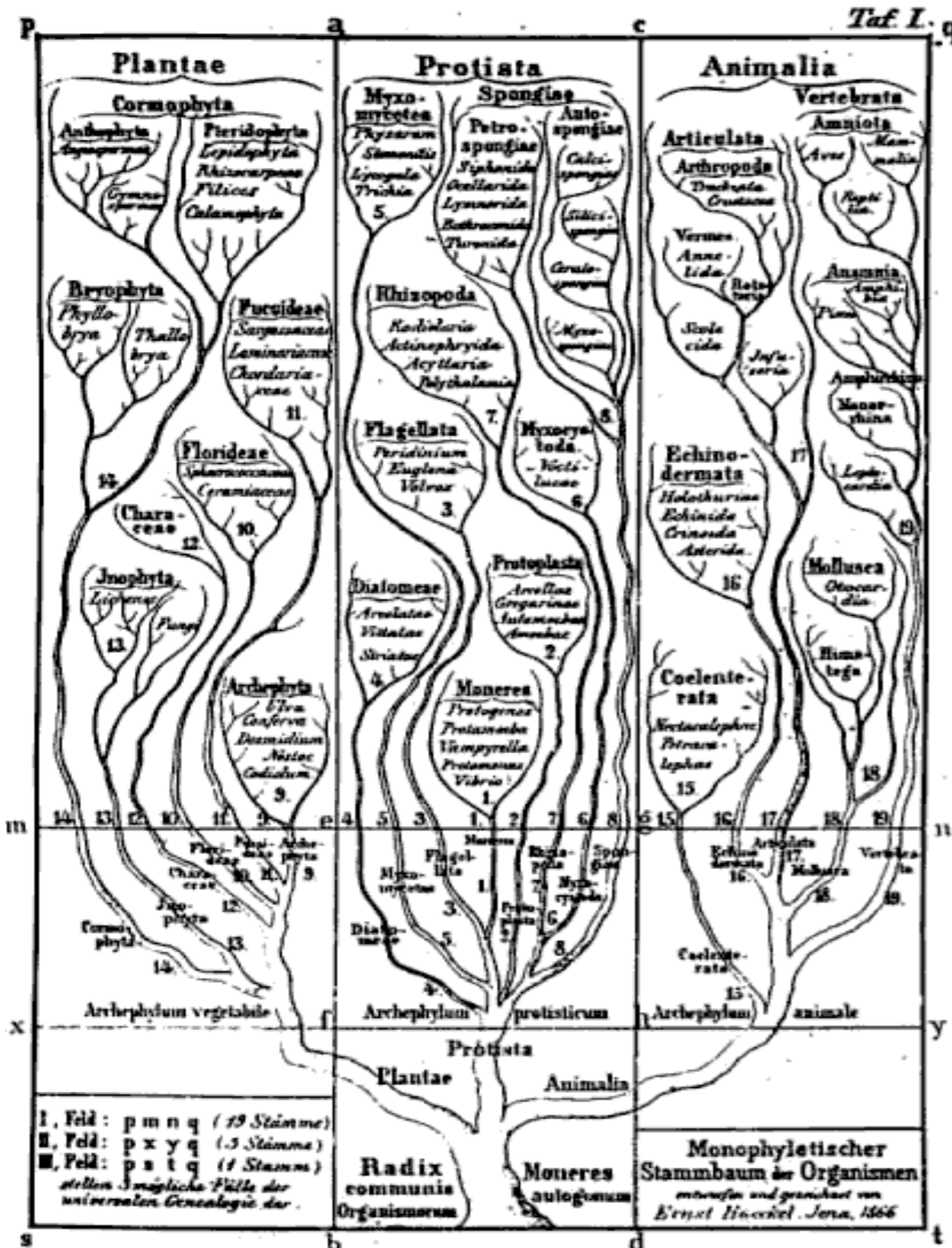
Tableau 25.1 Les archives géologiques

Durée relative des éons	Ère	Période	Époque	Âge (millions d'années écoulées)	Jalons de l'histoire de la vie		
Phanérozoïque	Cénozoïque	Quaternaire	Holocène	0,01	Temps historiques		
			Pléistocène	2,6	Époque glaciaire; apparition du genre <i>Homo</i>		
		Néogène	Pliocène	5,3	Apparition des ancêtres des humains bipèdes		
			Miocène		Poursuite de la radiance adaptative des mammifères et des angiospermes; apparition des premiers ancêtres directs des humains		
			Oligocène	23	Origine de nombreux groupes de primates		
		Paléogène	Éocène	34	Suprématie accrue des angiospermes; poursuite de la radiance adaptative de la plupart des ordres de mammifères modernes		
			Paléocène	56	Importante radiance adaptative des mammifères, des oiseaux et des insectes pollinisateurs		
			Crétacé	66	Apparition et diversification des plantes à fleurs (angiospermes); extinction de nombreux groupes d'organismes, dont les dinosaures, à la fin de la période (extinctions du Crétacé)		
		Mésozoïque	Jurassique		145	Suprématie des gymnospermes chez les végétaux; abondance et diversité des dinosaures	
				Trias	201	Domination des paysages par les conifères (gymnospermes); radiance adaptative des dinosaures; origine des mammifères	
				252			

Données géologiques

				origine des mammifères		
	Paléozoïque	Permien	252	Radiance adaptative des reptiles; origine de la plupart des ordres d'insectes modernes; extinction de nombreux organismes marins et terrestres à la fin de la période		
		Carbonifère	299	Immenses forêts de plantes vasculaires; apparition des premières plantes à graines; origine des reptiles; suprématie des amphibiens		
		Dévonien	359	Diversification des poissons osseux; premiers tétrapodes et premiers insectes		
		Silurien	419	Diversification des premières plantes vasculaires		
		Ordovicien	444	Abondance des algues marines; colonisation de la terre ferme par les eumycètes, les végétaux et les animaux		
		Cambrien	485	Augmentation soudaine de la diversité de nombreux embranchements d'animaux (explosion du Cambrien)		
Protérozoïque		Néo-protérozoïque	Édiacarien	541	Présence de diverses algues et d'invertébrés à corps mou	
				635		
			1 000	Fossiles d'eucaryotes les plus anciens		
Archéen			1 800			
			2 500			
Archéen			2 700	Accumulation de molécules d'oxygène (O ₂) dans l'atmosphère		
			3 500	Fossiles de procaryotes les plus anciens		
Hadéen			4 000	Roches les plus anciennes connues à la surface de la Terre		
			Environ 4 600	Origine de la Terre		

L'Arbre du Vivant

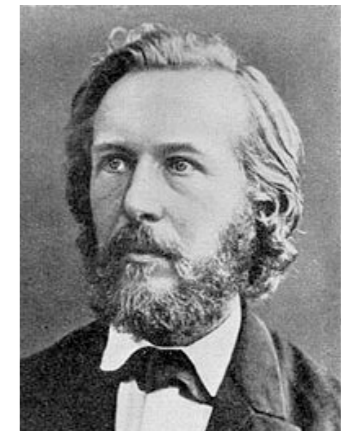


L'arbre du Vivant est une **classification** des êtres vivants tenant compte de leur histoire évolutive.

1859 1866



Ch. Darwin



E. Haeckel

Les 5 règnes du Vivant



Plantae



Fungi

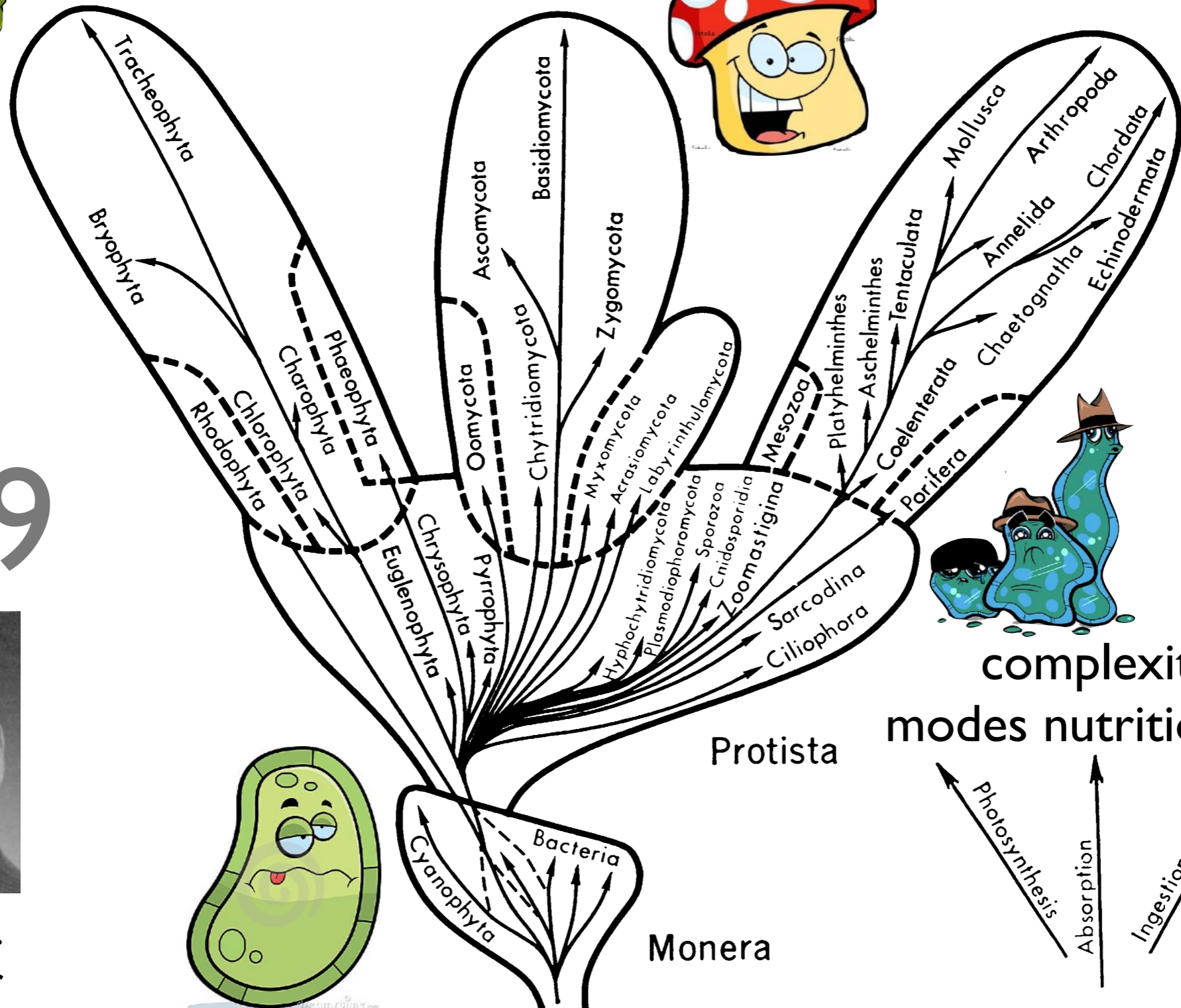
Animalia



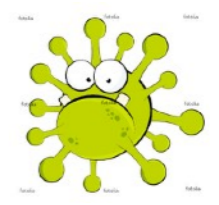
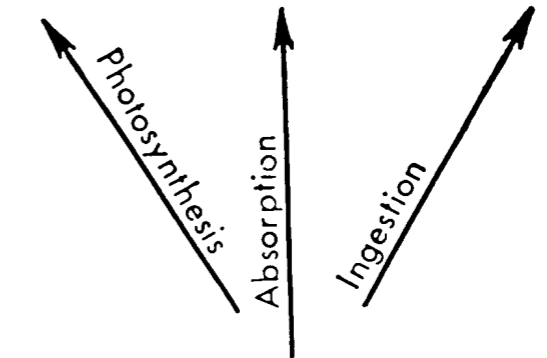
1969



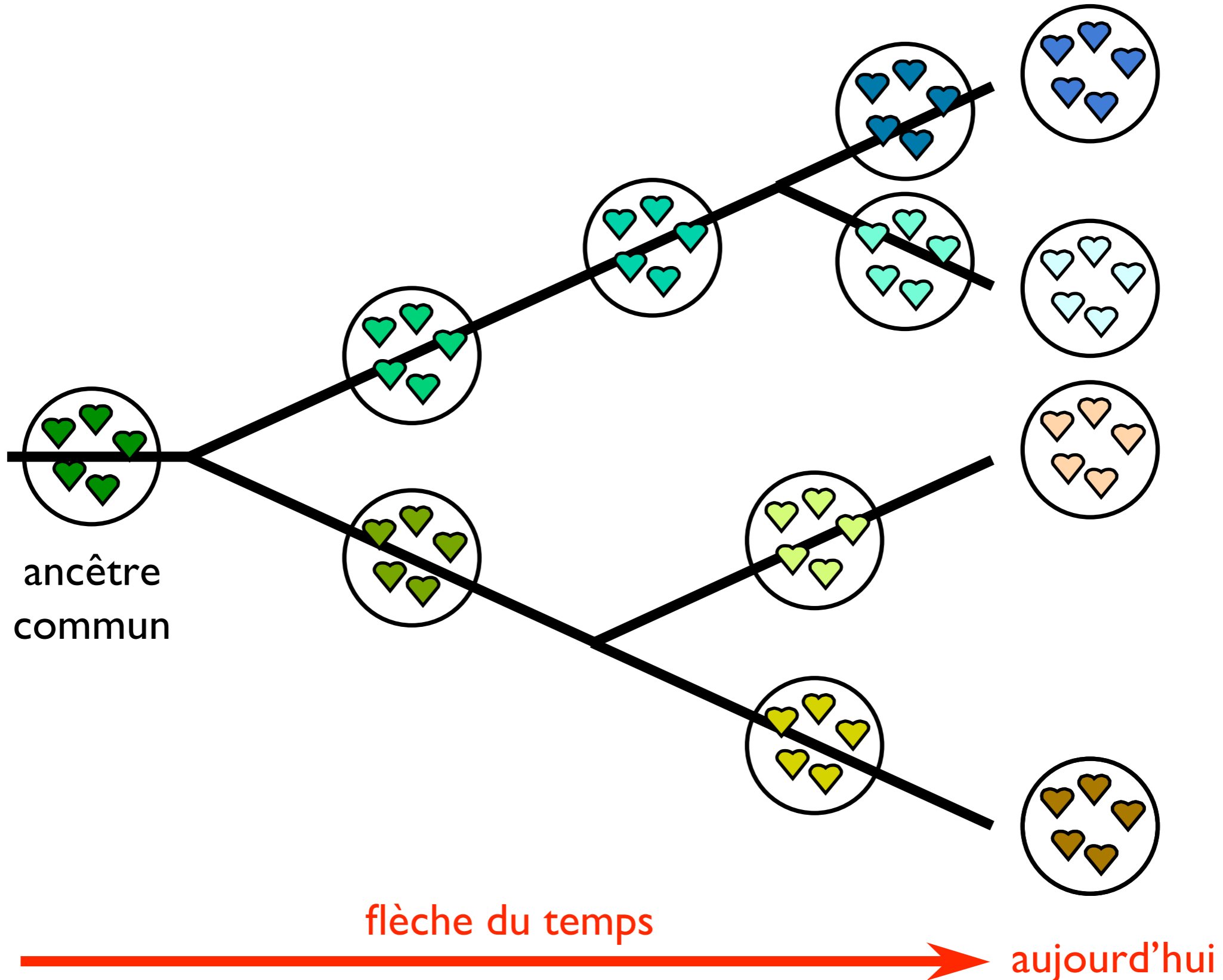
Robert H. Whittaker



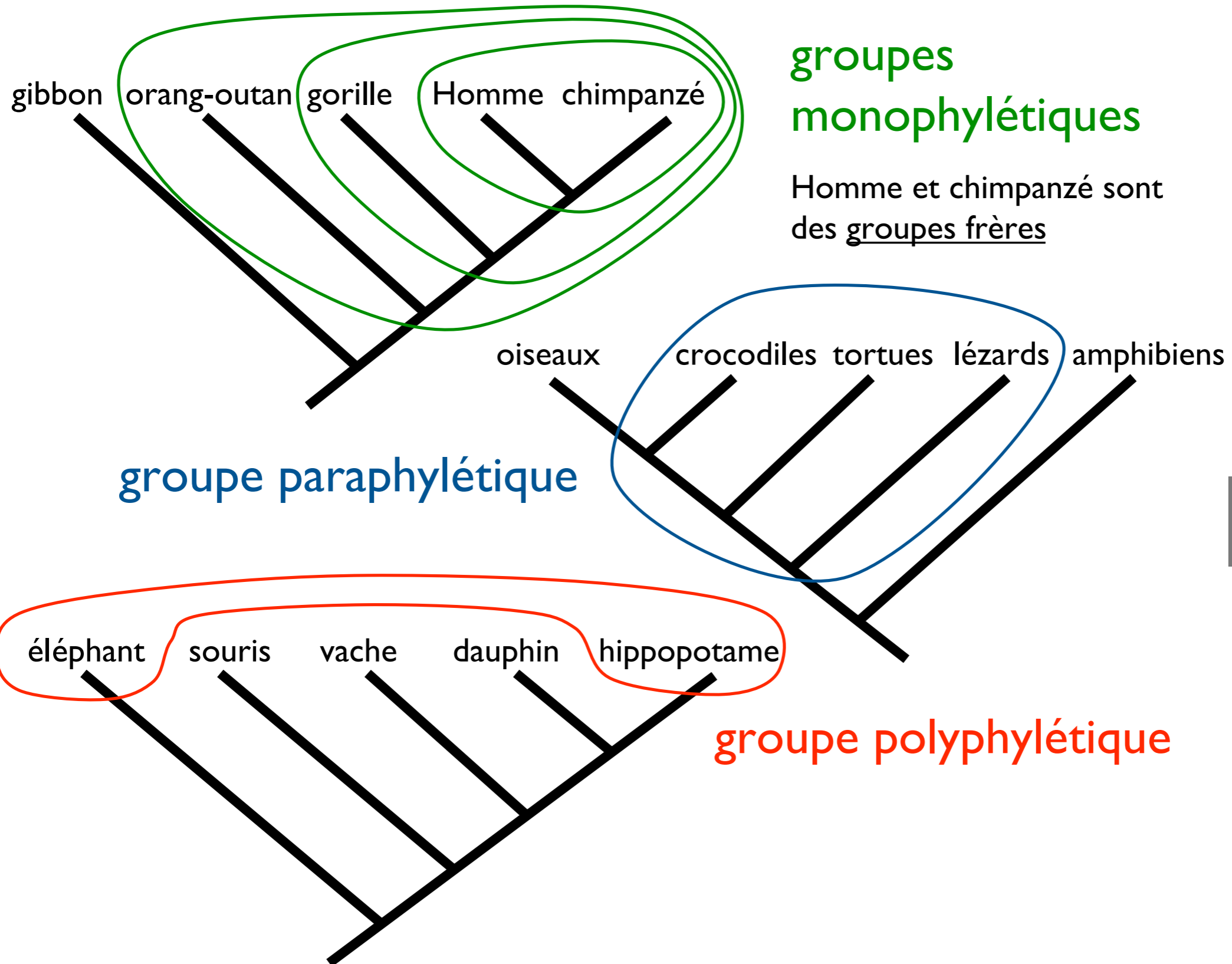
complexité
modes nutritionnels



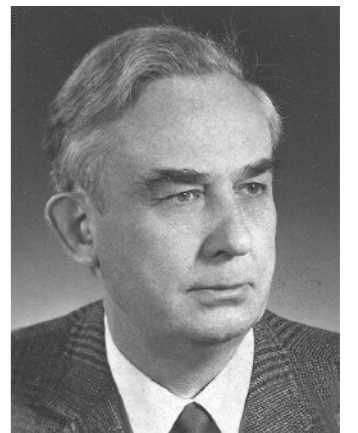
Phylogénie = Spéciations



Systematique phylogénétique

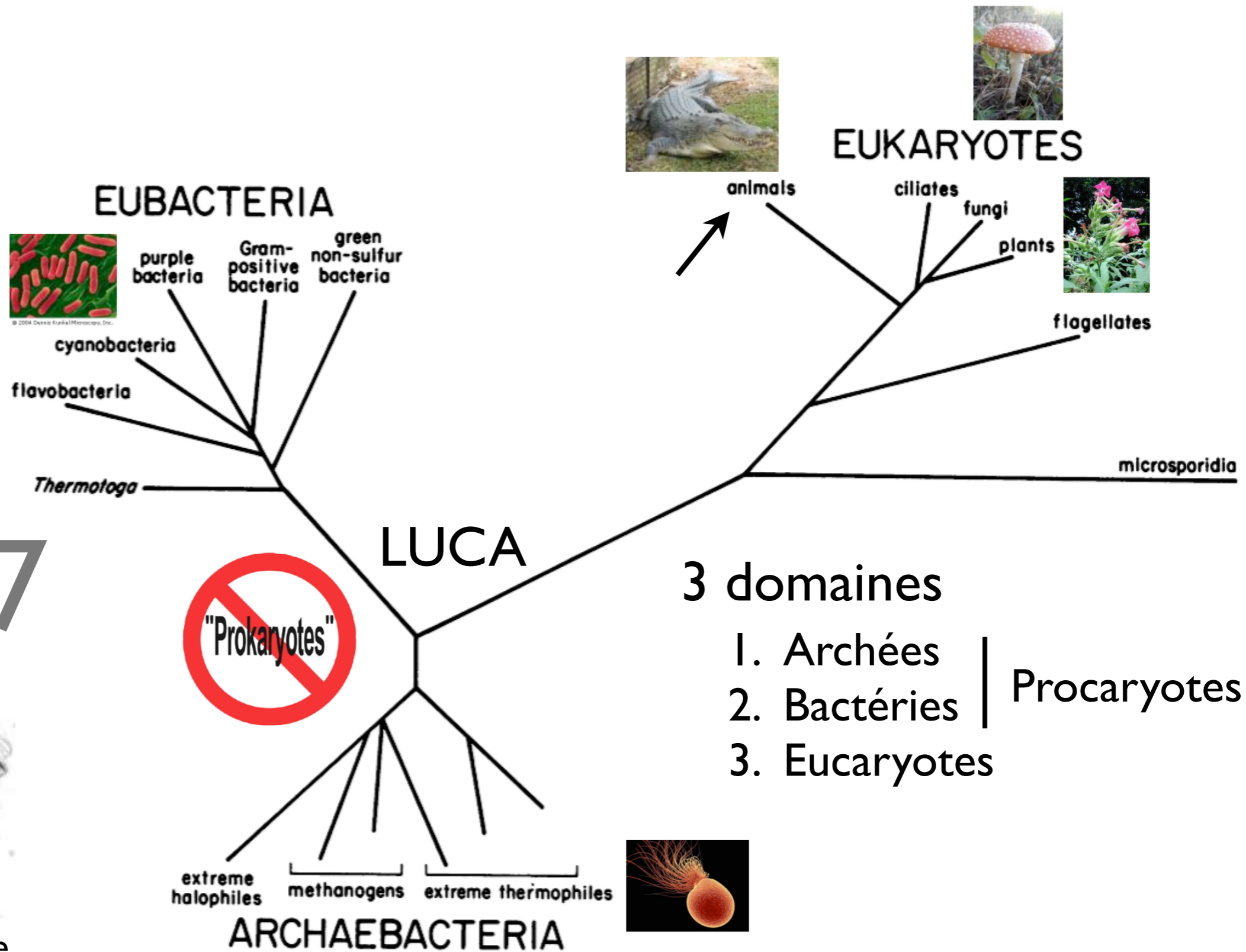


1966



Willi Hennig

Les 3 domaines du Vivant



1977



Carl Woese

3 domaines

- 1. Archées
 - 2. Bactéries
 - 3. Eucaryotes
- | Procaryotes

Diaphoretickes

SAR

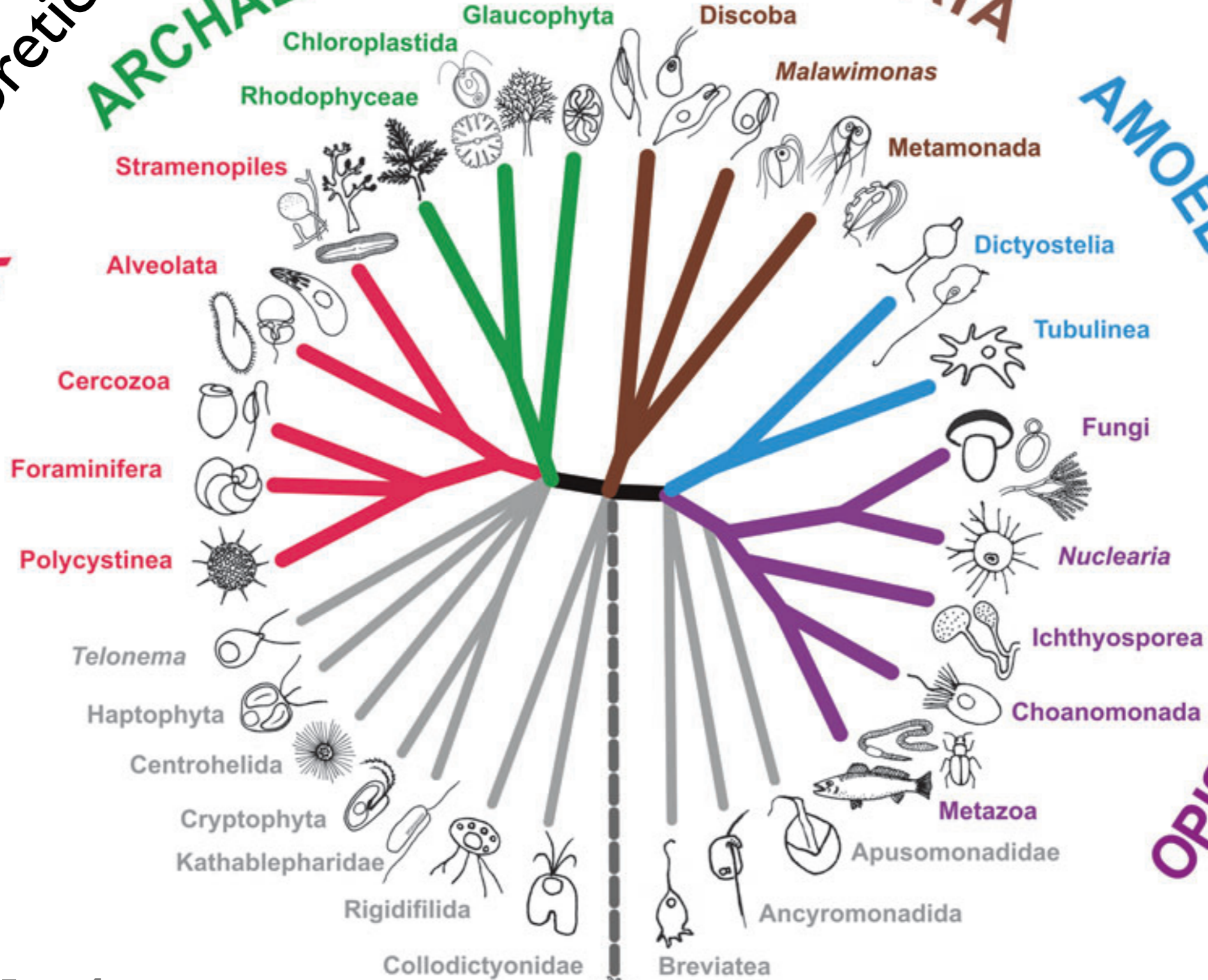
ARCHAEPLASTIDA

EXCAVATA

AMOEBOSAZA

Amorphea

OPISTHOKONTA

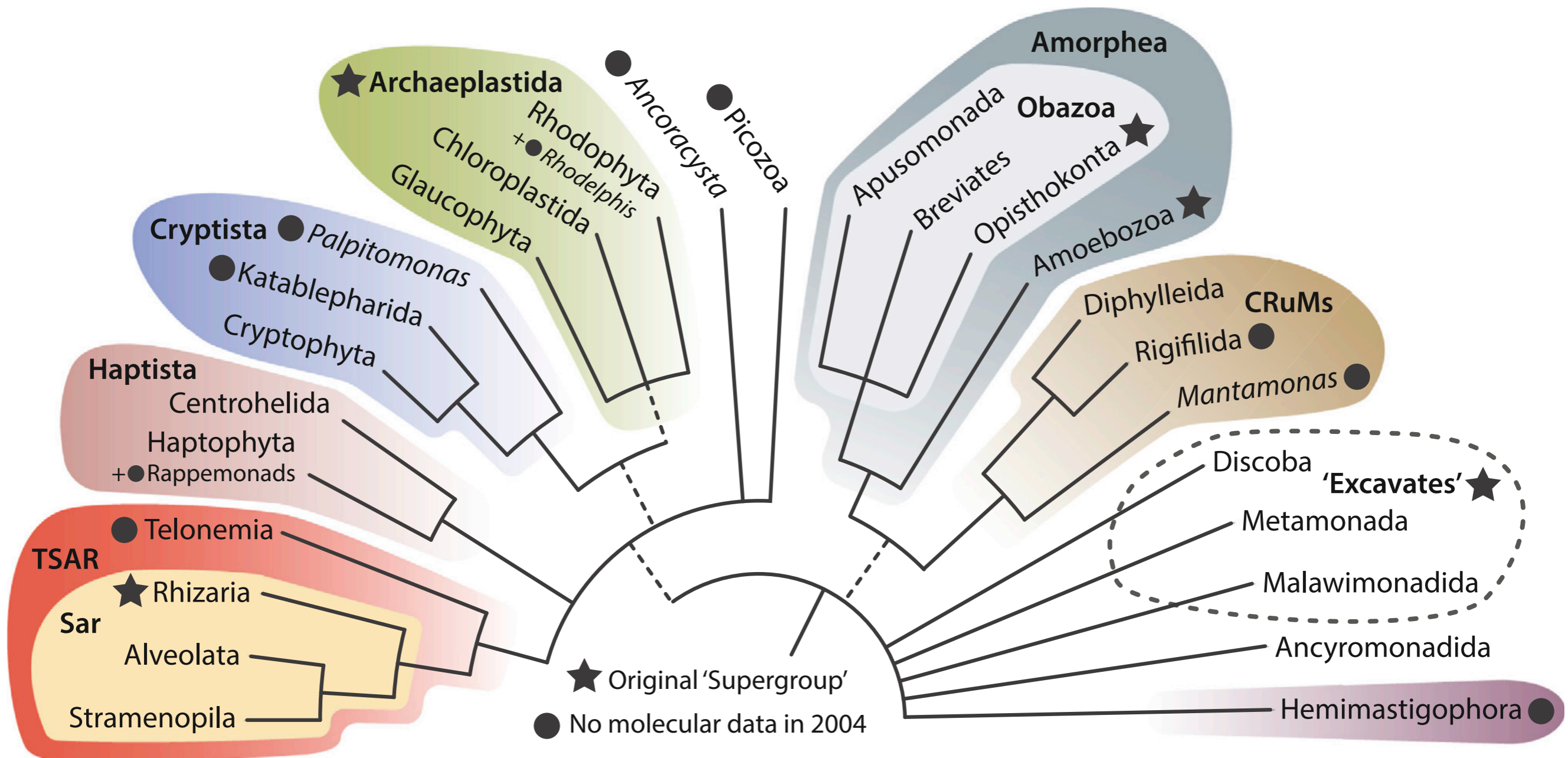


2014

ARCHAEBACTERIA EUBACTERIA

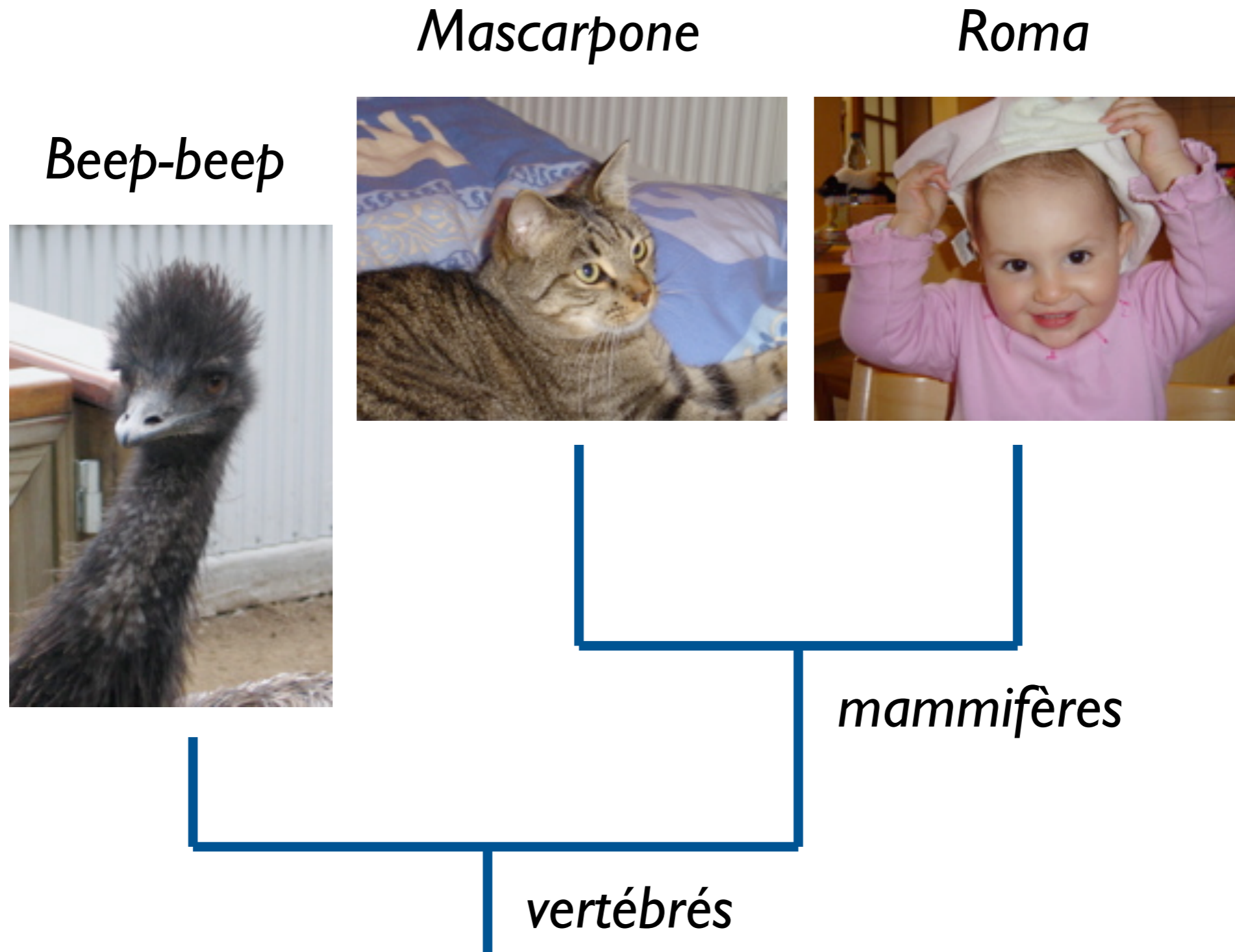
Les Eucaryotes aujourd'hui

~2020



Phylogénie morphologique

On compare les caractères qu'on peut observer à l'oeil.



Phylogénie moléculaire

On compare les génomes sous-tendant les phénotypes.



Mónica & Penélope : *Homo sapiens*



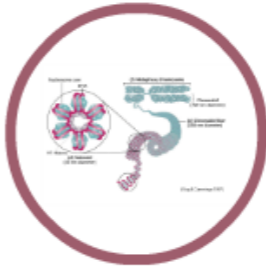
César : *Pan troglodytes*



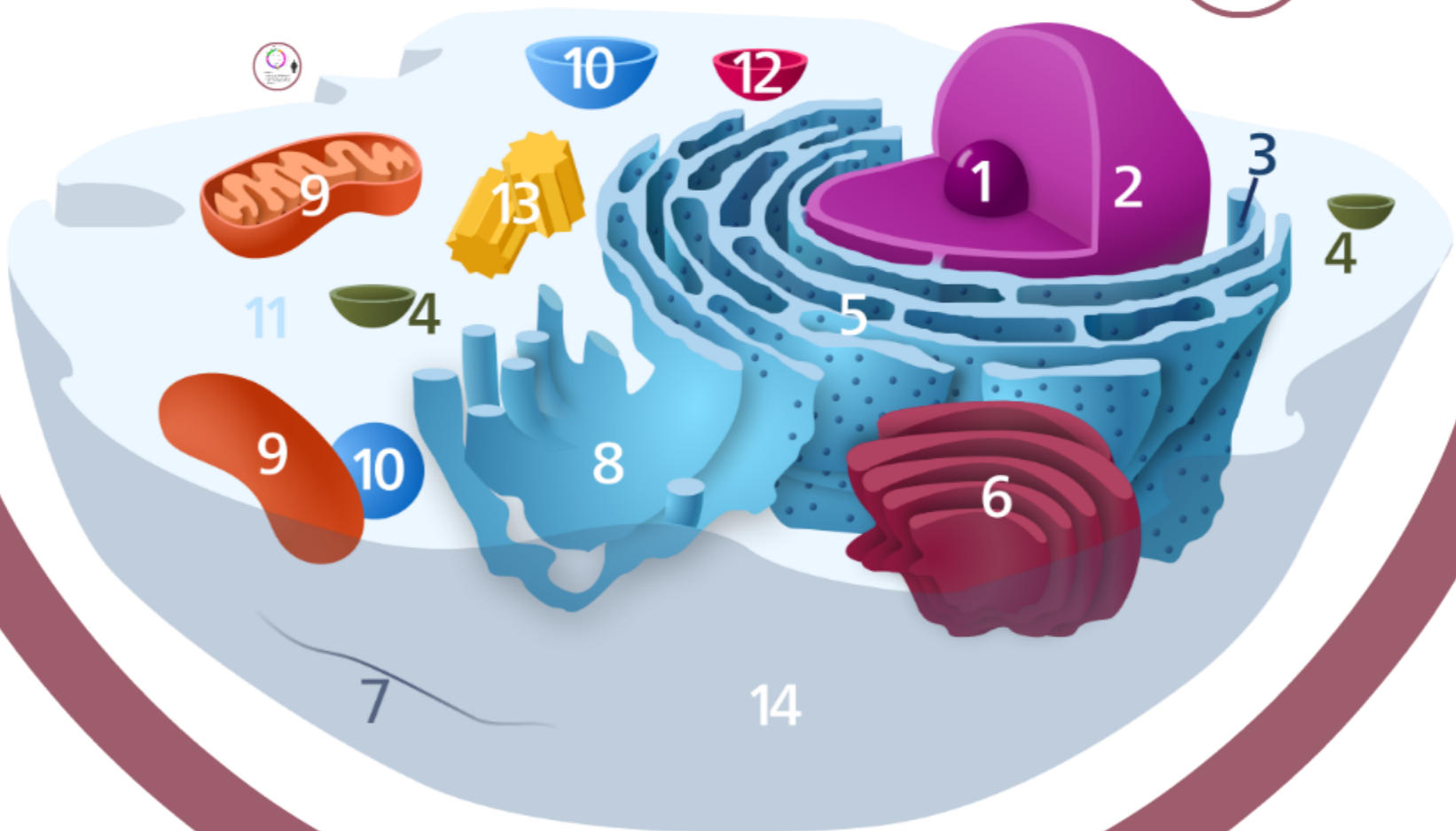
Andy : *Homo sapiens*

D'où vient le signal ?

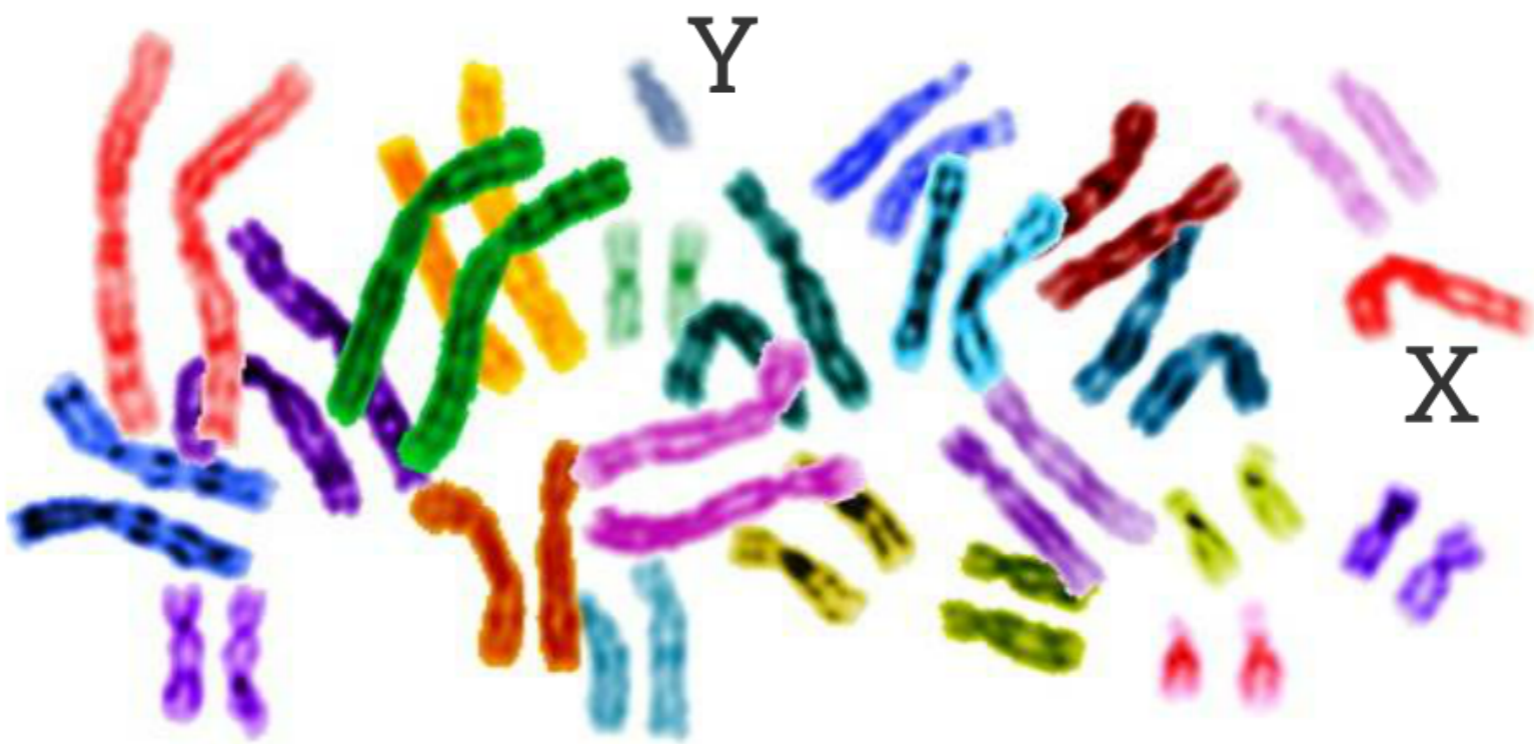
```
ACGACTCA
GATAGCATACATACAT
AACGACTATACATACGACT
CAACCTCAGACCCATACTCAGCAT
ACGACATAOGAACGACTACAGCAGCA
GACATCAGCAGTACGACATCAGCATCGA
CACGCTCAGACTCTCCATACTCAGCATAAG
ATACGACATACGACTACAGCAGCAGCAT
GCAGACTACGACATCAGCATOGACAGCATA
GACAGCATAOGGACTACAAGCTACAGCA
ACCTACATCGACTACATCATCAGACATCA
ATCATAOGGACAGCATAGACATACTAGCT
TCTATATCACAGACAATCTACTAAGC
GTACACTACAATCGAGACAGGCTC
TCTCCATACCGCAAGGAGCG
TGAGACTTACCGAAC
TATAGCT
```



D'où vient
l'information ?



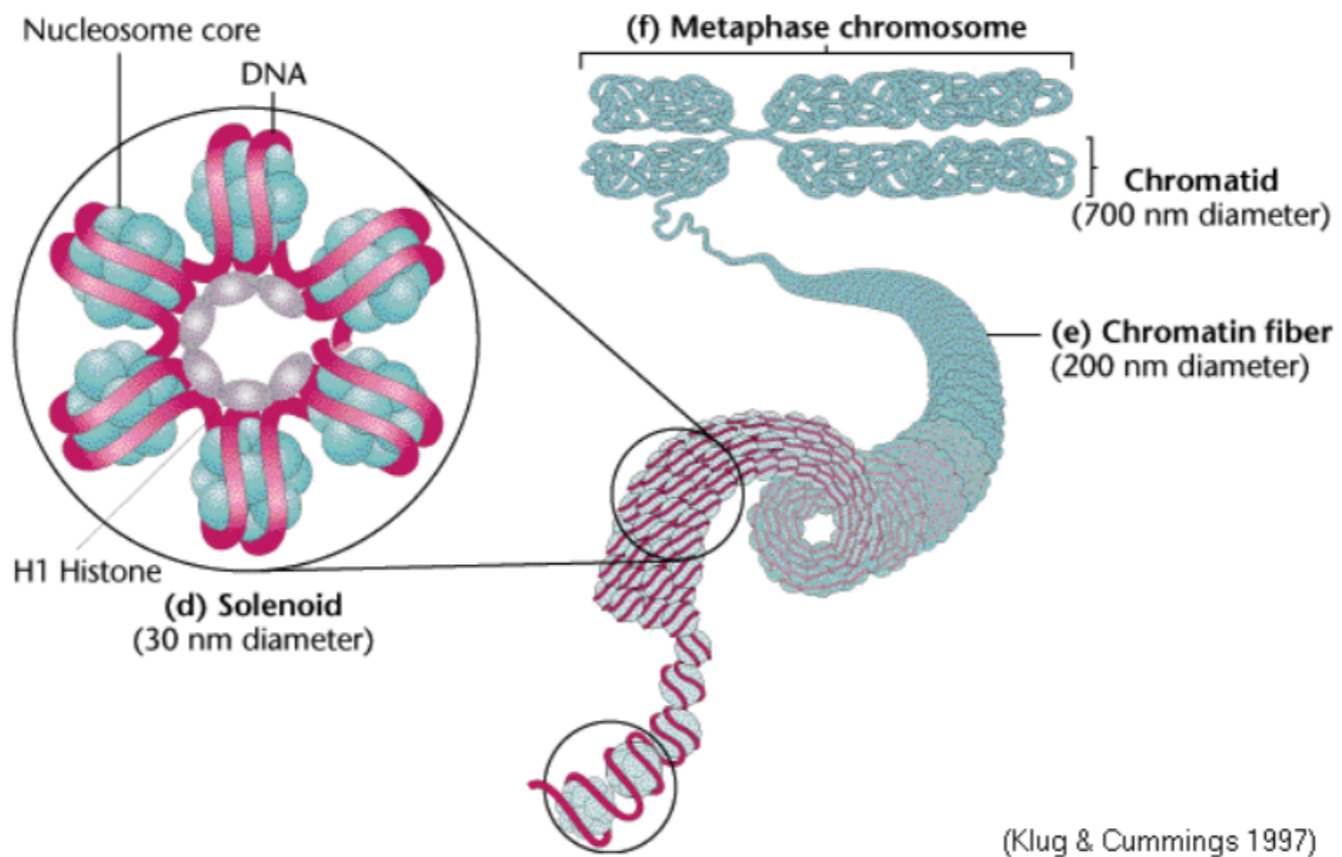
D'où vient le signal ?



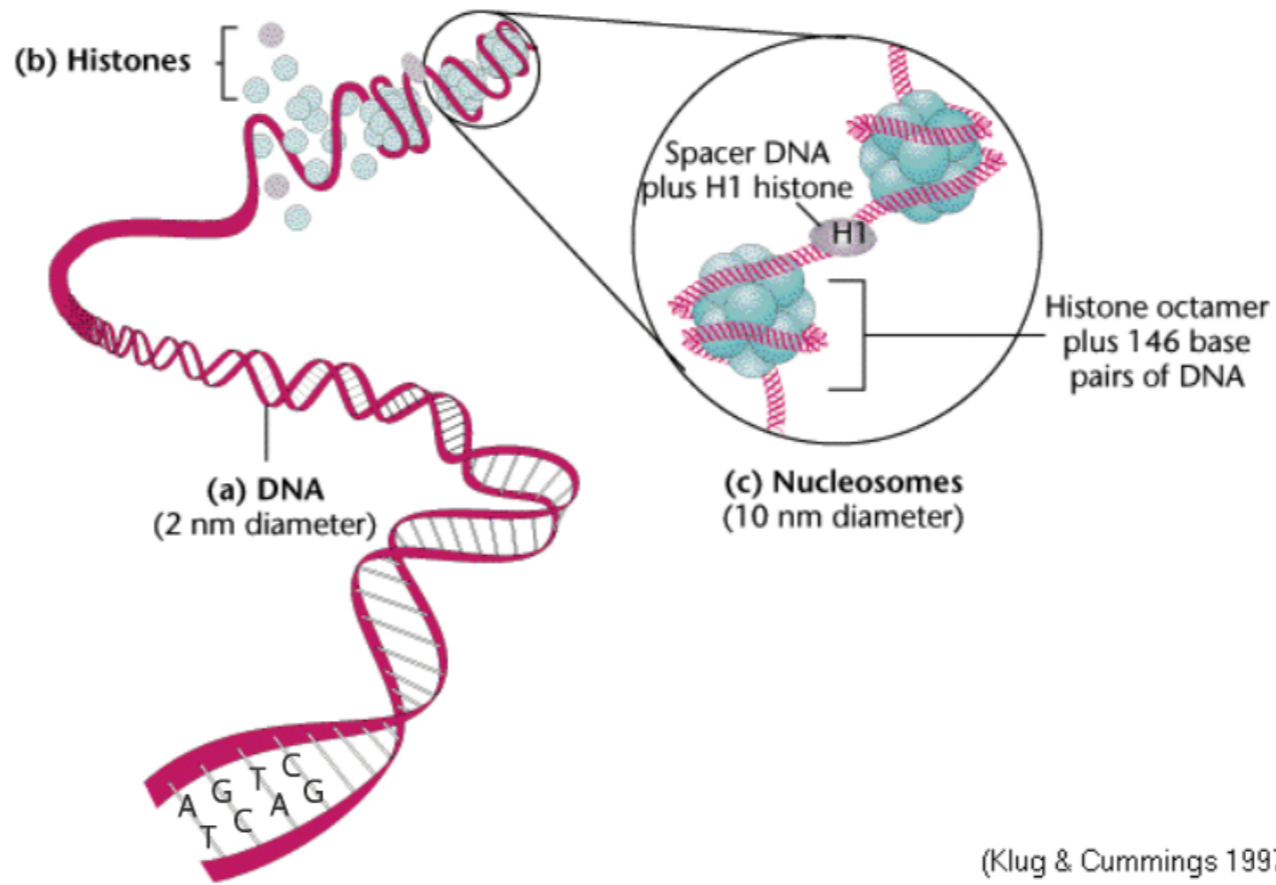
Caryotype humain :

- 22 paires d'autosomes
- 2 chromosomes sexuels

D'où vient le signal ?



D'où vient le signal ?



Génome humain :

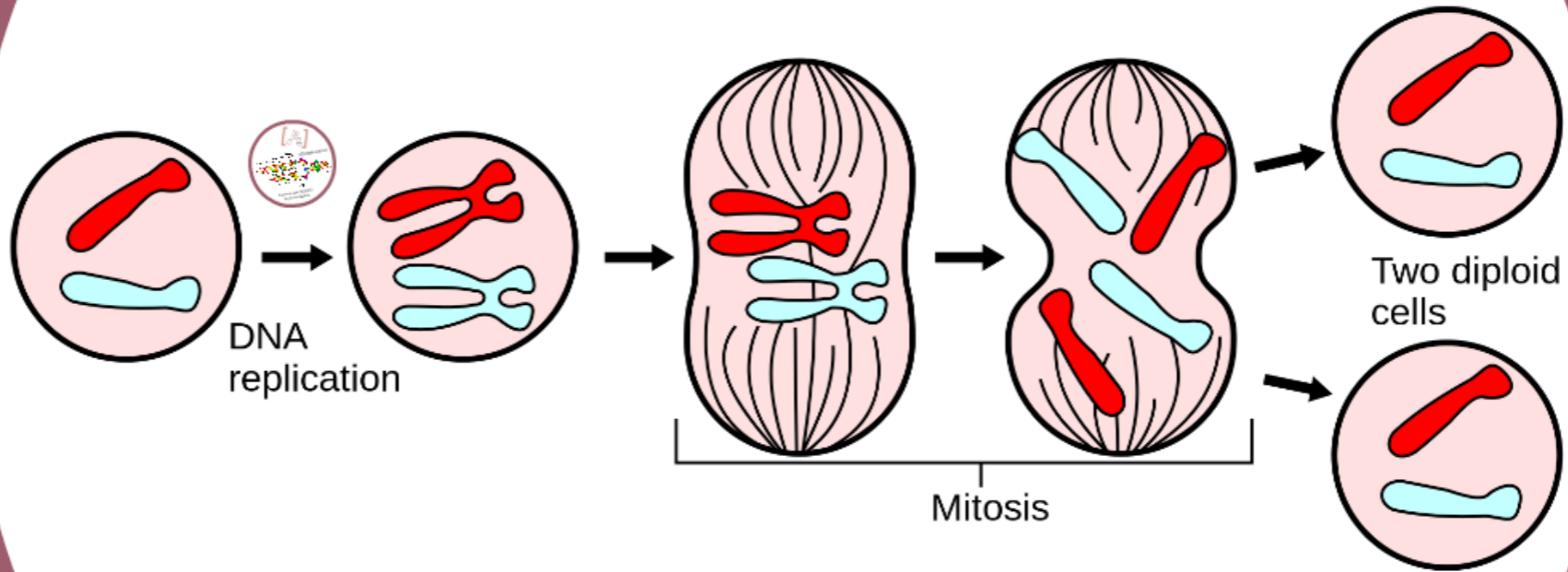
- 3 milliards de pb (x2)

D'où vient le signal ?

ACGACTCA
GATAGCATAACAT
AACGACTATACATACGACT
CAACCTCAGACCCATACTCAGCAT
ACGACATACGAACGACTACAGCAGCA
GACATCAGCAGTACGACATCAGCATCGA
CACGCTCAGACTCTCCATACTCAGCATAACG
ATACGACATACGACTACAGCAGCACGACAT
GCAGACTACGACATCAGCATCGACAGCATA
GACAGCATAACGAGACTACAAGCTACAGCA
ACCTACATCGACTACATCATCAGACATCA
ATCATACGACAGCATAGACATACTAGCT
TCTATATCACAGACAATCTACTAAGC
GTACACTACAATCGAGACACGCTC
TCTCCATAACCGCAAGGAGCG
TGAGACTTACCGAAC
TATAGCT

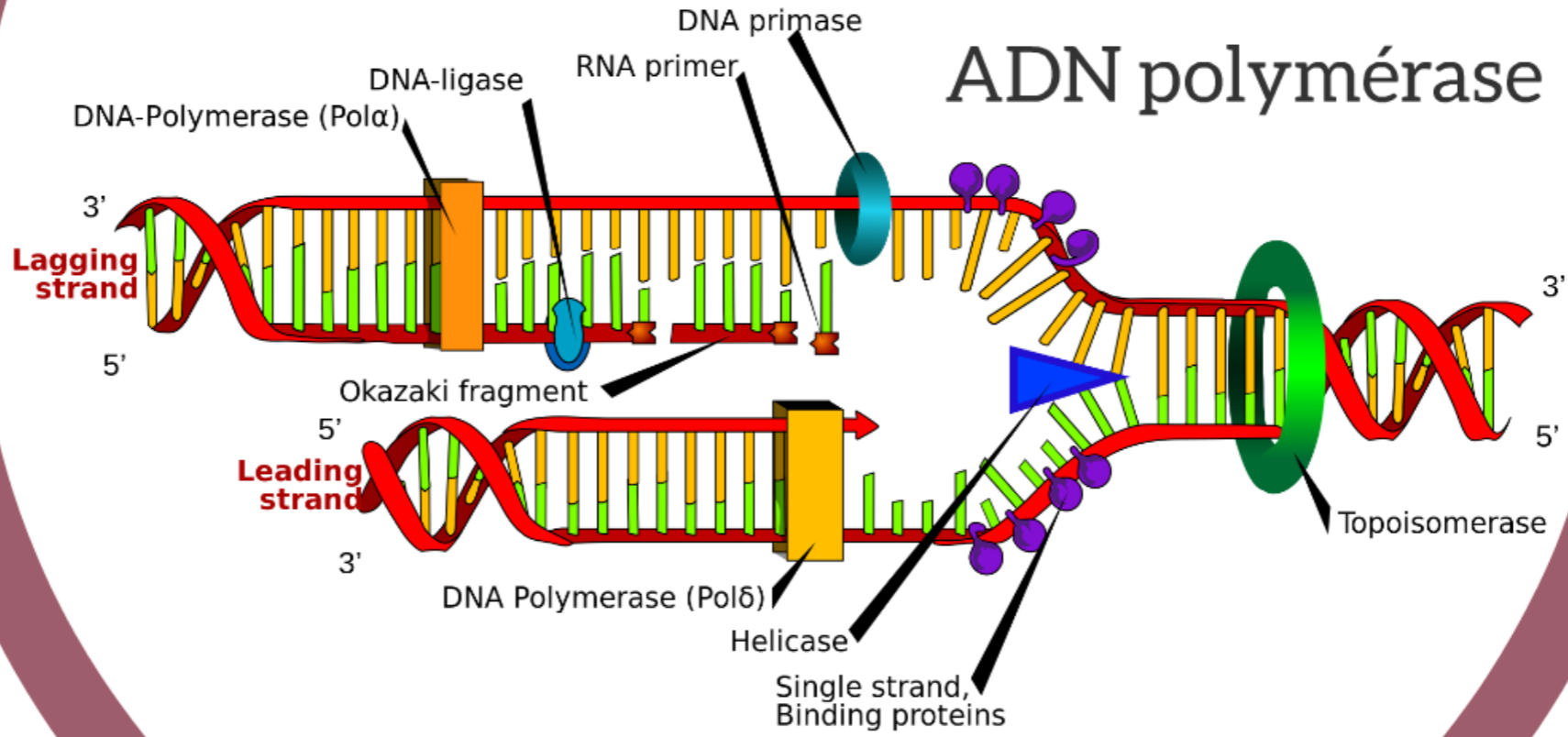
D'où vient le signal ?

Le matériel génétique est transmis à la descendance. C'est la base de l'hérédité.



L'ADN est répliqué en phase S du cycle cellulaire.

D'où vient le signal ?



1 erreur par milliard
de pb copiées

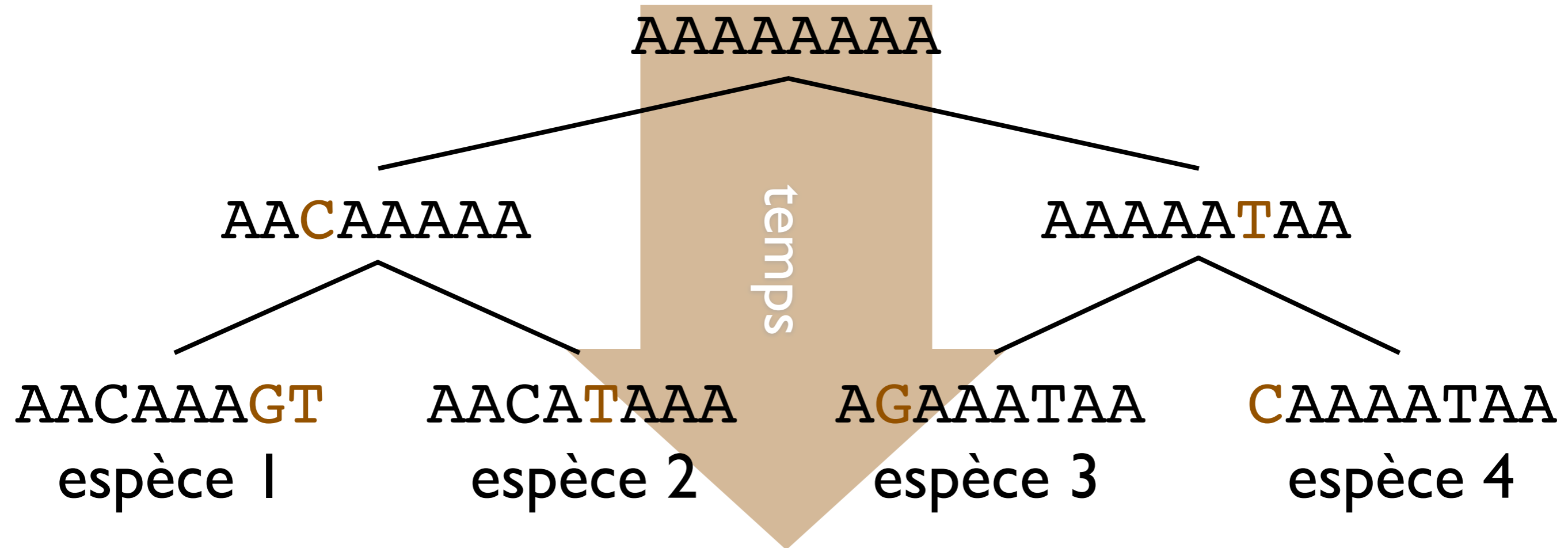
Phylogénie moléculaire

L'accumulation des erreurs forme le signal phylogénétique.



Phylogénie moléculaire

On peut reconstituer l'arbre en suivant la piste des erreurs.

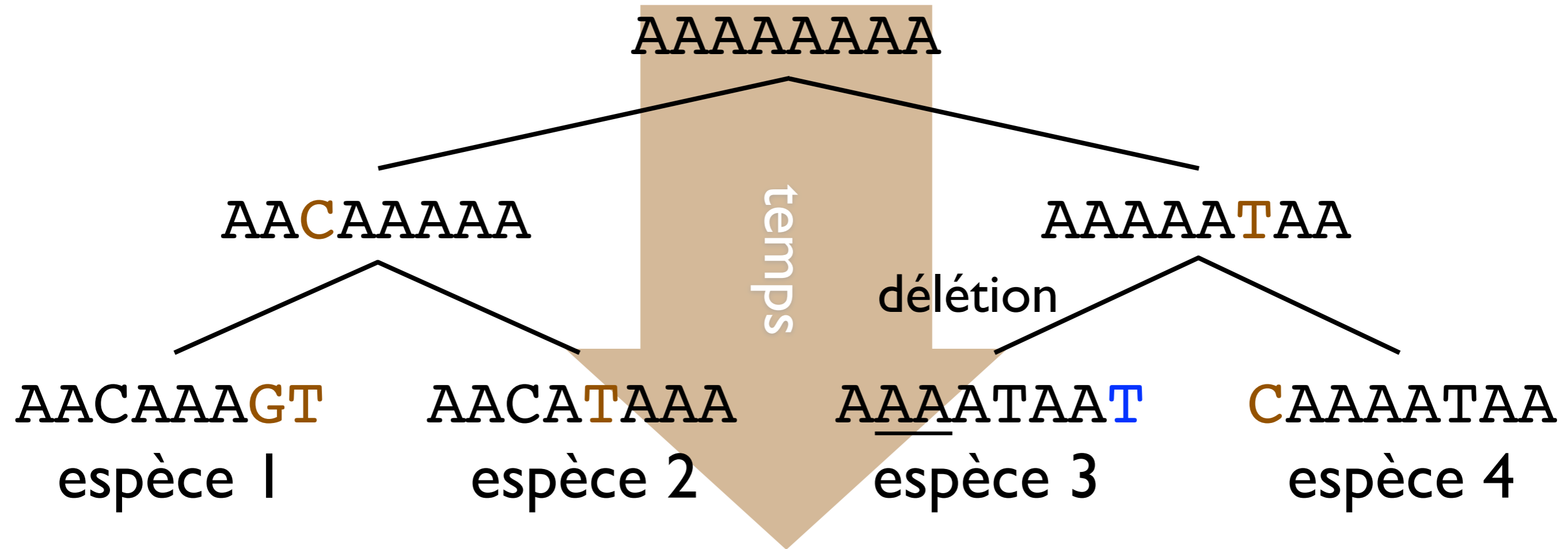


- 1 AACAAAAGT
- 2 AACATAAAA
- 3 AGAAAATAA
- 4 CAAAATAA

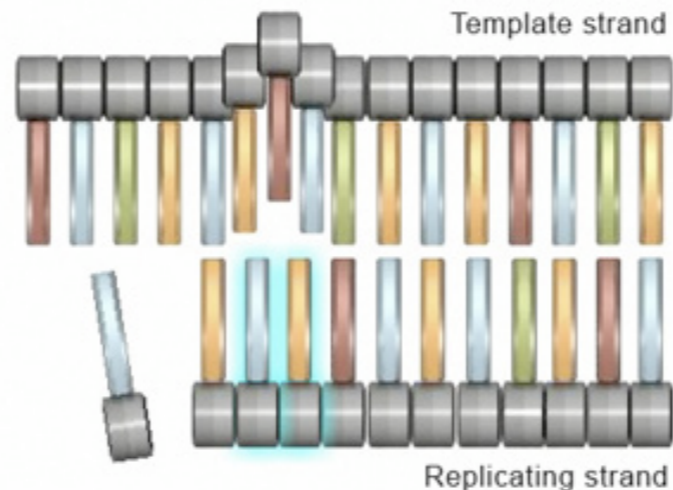
Les erreurs étant assez **rare**s, la majorité des différences de séquence entre espèces sont donc **héritées** des ancêtres communs.

Phylogénie moléculaire

Il est impératif de comparer des positions homologues.

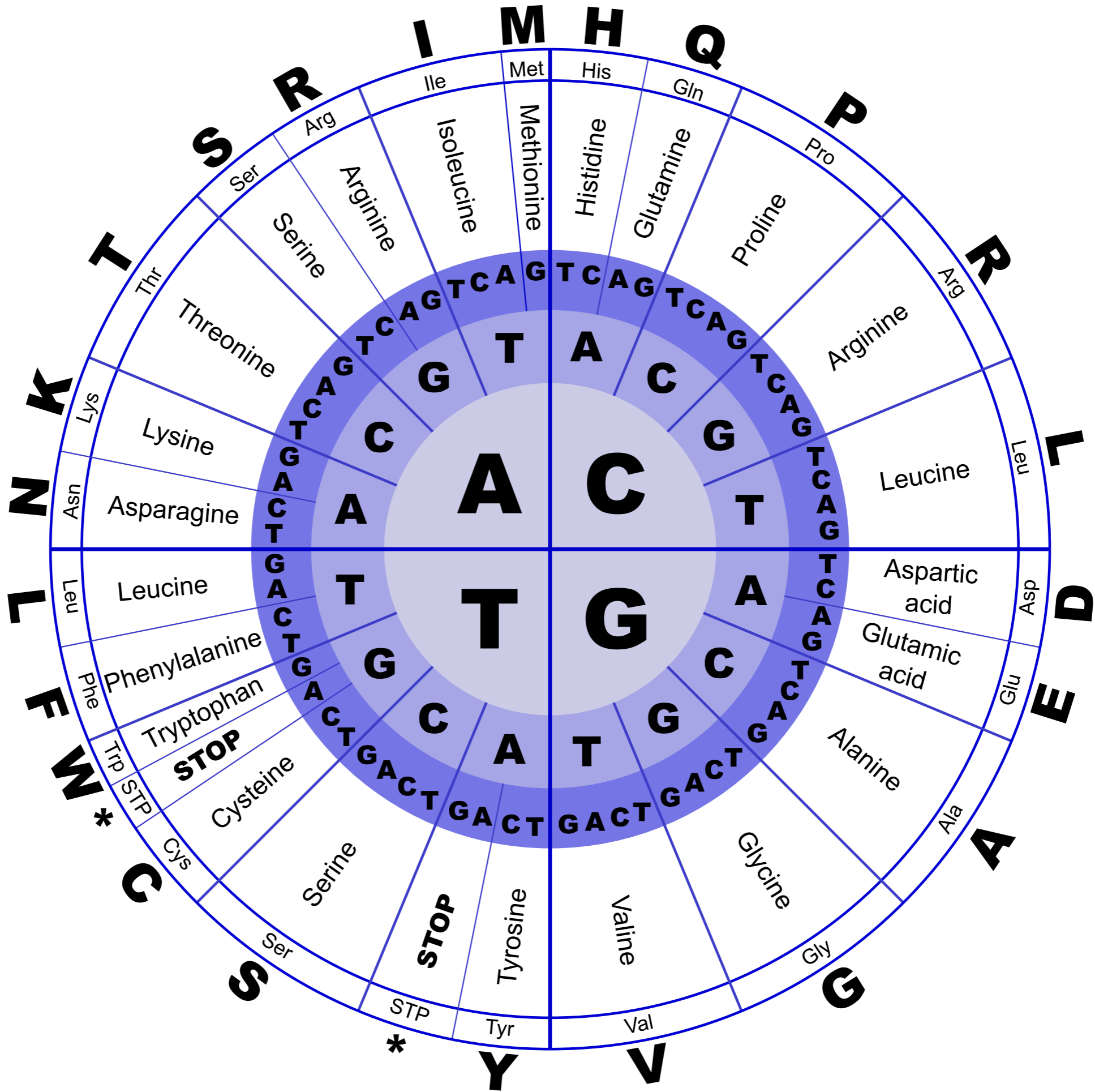


1 AAC**C**AAAG**T**
2 AAC**C**ATAAA
3 AAAA**T**AA**T**
4 CAAAA**T**AA



1 AAC**C**AAAG**T**
2 AAC**C**ATAAA
3 AA-**A**A**T**AA
4 CAAAA**T**AA

D'où vient le signal ?



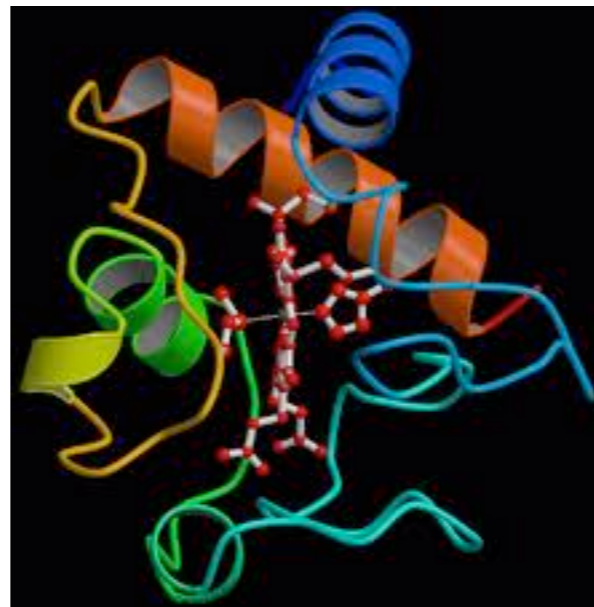
Exemple : cytochrome c

>cheval

```
MGDVEKGGKKIFVQKCAQCHTVEKGGKHKKTGPNLHGLFGRKTGQAPGFSYTDANKNKGITW  
KEETLMEYLENPKKYIPGTKMIFAGIKKKTEREDLIAYLKKATNE
```

>humain (70 MA)

```
MGDVEKGGKKIFIMKCSQCHTVEKGGKHKKTGPNLHGLFGRKTGQAPGYSYTAANKNKGIIW  
GEDTLMEYLENPKKYIPGTKMIFVGIKKKEERADLIAYLKKATNE
```



cytochrome c

Exemple : cytochrome c

>cheval

MGDVEKGKKIFVQKCAQCHTVEKGGKHKKTGPNLHGLFGRKTGQAPGFSYTDANKNKGITW
KEETLMEYLENPKKYIPGTKMIFAGIKKKTEREDLIAYLKATNE

>humain (70 MA)

MGDVEKGKKIFIMKCSQCHTVEKGGKHKKTGPNLHGLFGRKTGQAPGYSYTAANKNKGIIW
GEDTLMEYLENPKKYIPGTKMIFVGIKKKEERADLIAYLKATNE

>poisson (460 MA)

MGDVEKGKKVVFVQKCAQCHTVENGGKHKVGPNLWGLFGRKTGQAEGFSYTDANKSKGIW
GEDTLMEYLENPKKYIPGTKMIFAGIKKKGERADLIAYLKATS

>plante (2200 MA = 2,2 GA)

MQVADISLQGDAAKGANLFKTRCAQCHTLKAGEGNKIGPELHGLFGRKTGSVAGYSYTD
NKQKGI EWKDDTLFEYLENPKKYIPGTKMAFGGLKKPKDRNDLITFLEETK

Exemple : cytochrome c

>cheval

-----MGDVEKGKKIFVQKCAQCHTVEKGGKHKKTGPNLHGLFGRKTGQAPGFSYTDA
NKNKGITWKEETLMEYLENPKKYIPGTKMIFAGIKKKTEREDLIAYLKKATNE

>humain (70 MA)

-----MGDVEKGKKIFIMKCSQCHTVEKGGKHKKTGPNLHGLFGRKTGQAPGYSYTAA
NKNKGIIWGEDTLMEYLENPKKYIPGTKMIFVGIKKKEERADLIAYLKKATNE

>poisson (460 MA)

-----MGDVEKGKKVVFVQKCAQCHTVENGGKHKVGPNLWGLFGRKTGQAEGFSYTDA
NKSKGIVWGEDTLMEYLENPKKYIPGTKMIFAGIKKKGERADLIAYLKSATS

>plante (2200 MA = 2,2 GA)

MQVADISLQGDAAKKGANLFKTRCAQCHTLKAGEGNKIGPELHGLFGRKTGSVAGYSYTDA
NKQKGI EWKDDTLFEYLENPKKYIPGTKMAFGGLKKPKDRNDLITFLEEETK

>amibe (2000 MA = 2 GA)

MSDIIARGNVENGDKLFFKARCAQCHTTANGAPNKQGPPLYGLFFPKSRSFPGYAYSDPNK
NTGKFCIMWGEQTLFDYLENPKKYIPKTKMAFAGFKSEQDRADVVAYLEQSTK

Exemple : cytochrome c

>cheval

-----MGDVEKGKKIFVQKCAQCHTVEKGGKHKKTGPNLHGLFGRKTGQAPGFSYTDA
NKNKG---ITWKEETLMEYLENPKKYIPGTKMIFAGIKKKTEREDLIAYLKKATNE

>humain (70 MA)

-----MGDVEKGKKIFIMKCSQCHTVEKGGKHKKTGPNLHGLFGRKTGQAPGYSYTAA
NKNKG---IIWGEDTLMEYLENPKKYIPGTKMIFVGIKKKEERADLIAYLKKATNE

>poisson (460 MA)

-----MGDVEKGKKVVFVQKCAQCHTVENGGKHKVGPNLWGLFGRKTGQAEGFSYTDA
NKSKG---IVWGEDTLMEYLENPKKYIPGTKMIFAGIKKKGERADLIAYLKSATS

>plante (2200 MA = 2,2 GA)

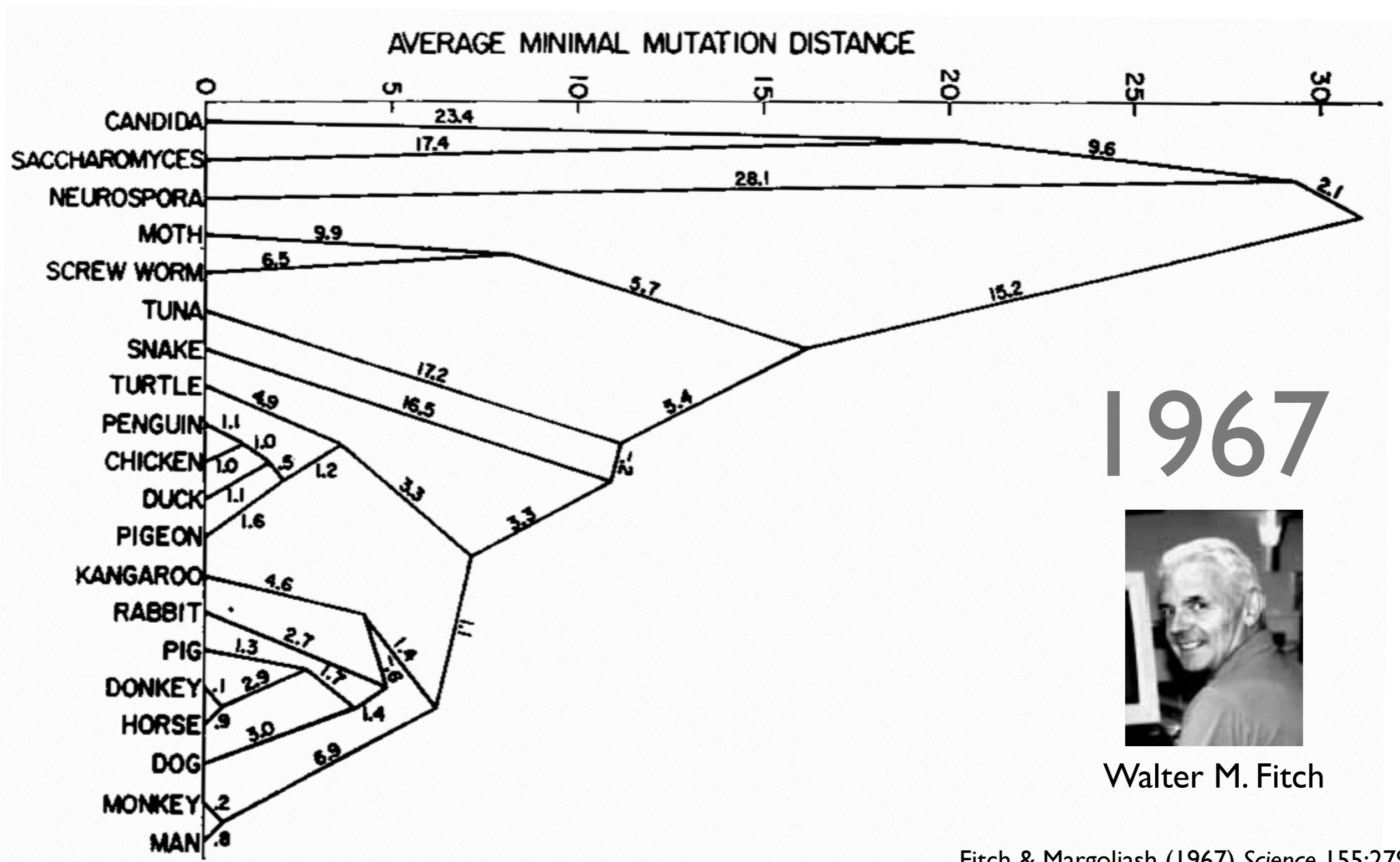
MQVADISLQGDAAKKGANLFFKTRCAQCHTLKAGEGNKIGPELHGLFGRKTGSVAGYSYTDA
NKQKG---IEWKDDTLFEYLENPKKYIPGTKMAFGGLKKPKDRNDLITFLEEETK

>amibe (2000 MA = 2 GA)

--MSDIIARGNVENGDKLFFKARCAQCHTTANGAPNKQGPPLYGLFFPKSRSFPGYAYSDF
NKNTGKFCIMWGEQTLFDYLENPKKYIPKTKMAFAGFKSEQDRADVWAYLEQSTK

Exemple : cytochrome c

La comparaison des séquences alignées produit un arbre.

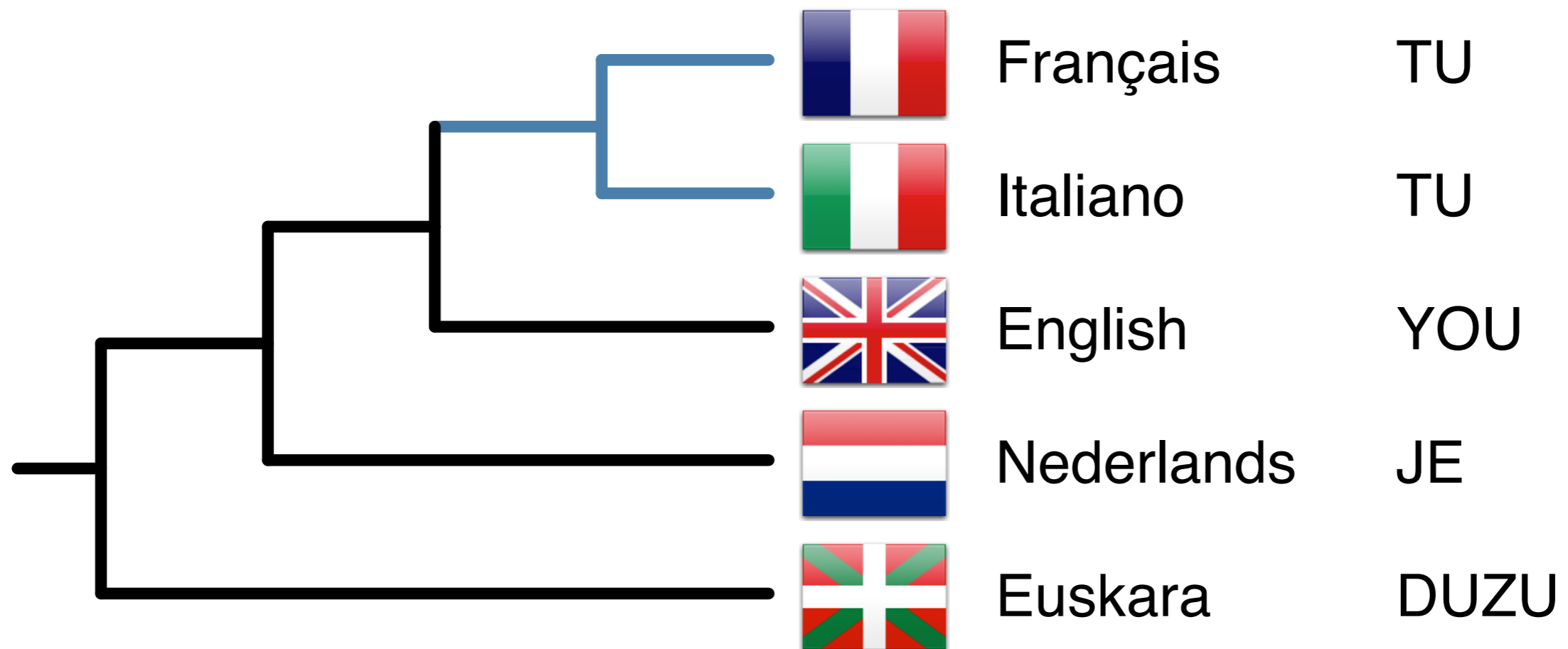


Phylogénomique

un exemple tiré de la linguistique

Potential relationships among European languages

based on the naive analysis of 1 word

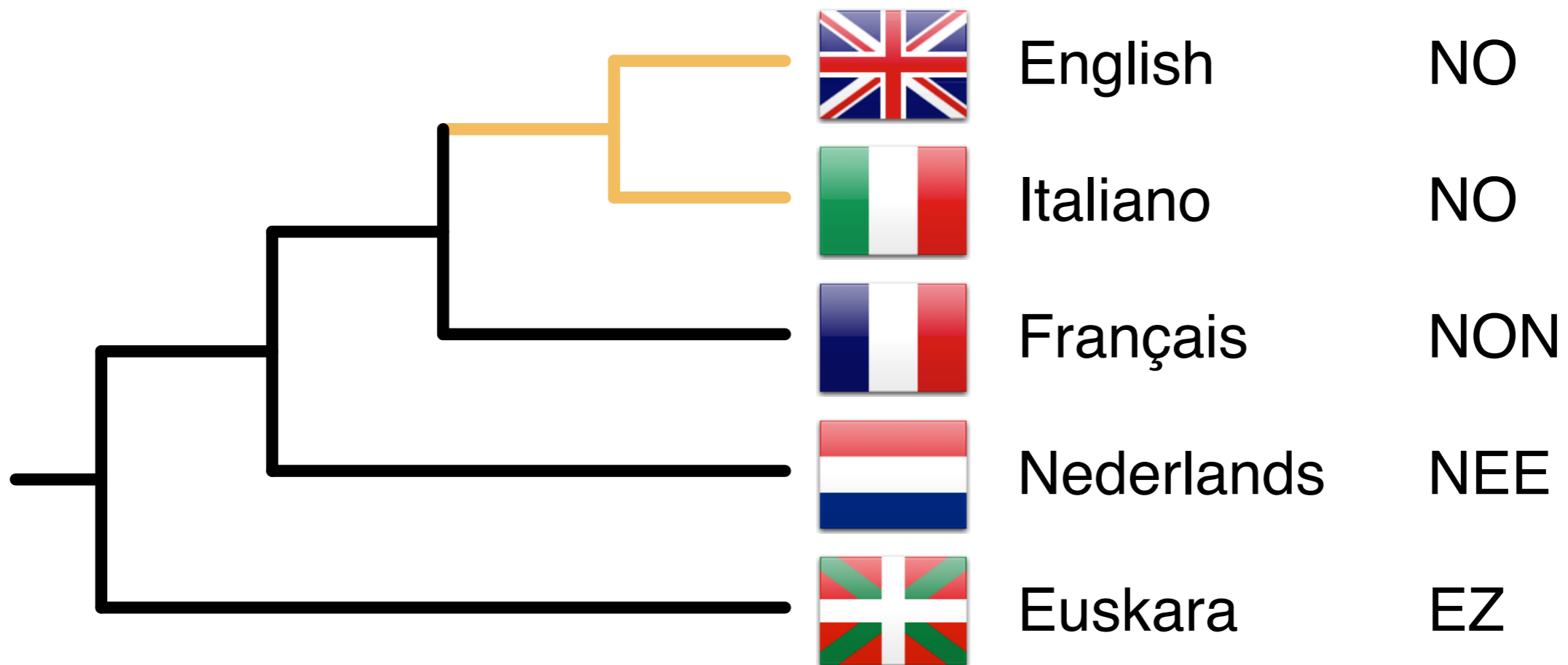


Phylogénomique

un exemple tiré de la linguistique

Potential relationships among European languages

based on the naive analysis of 1 word



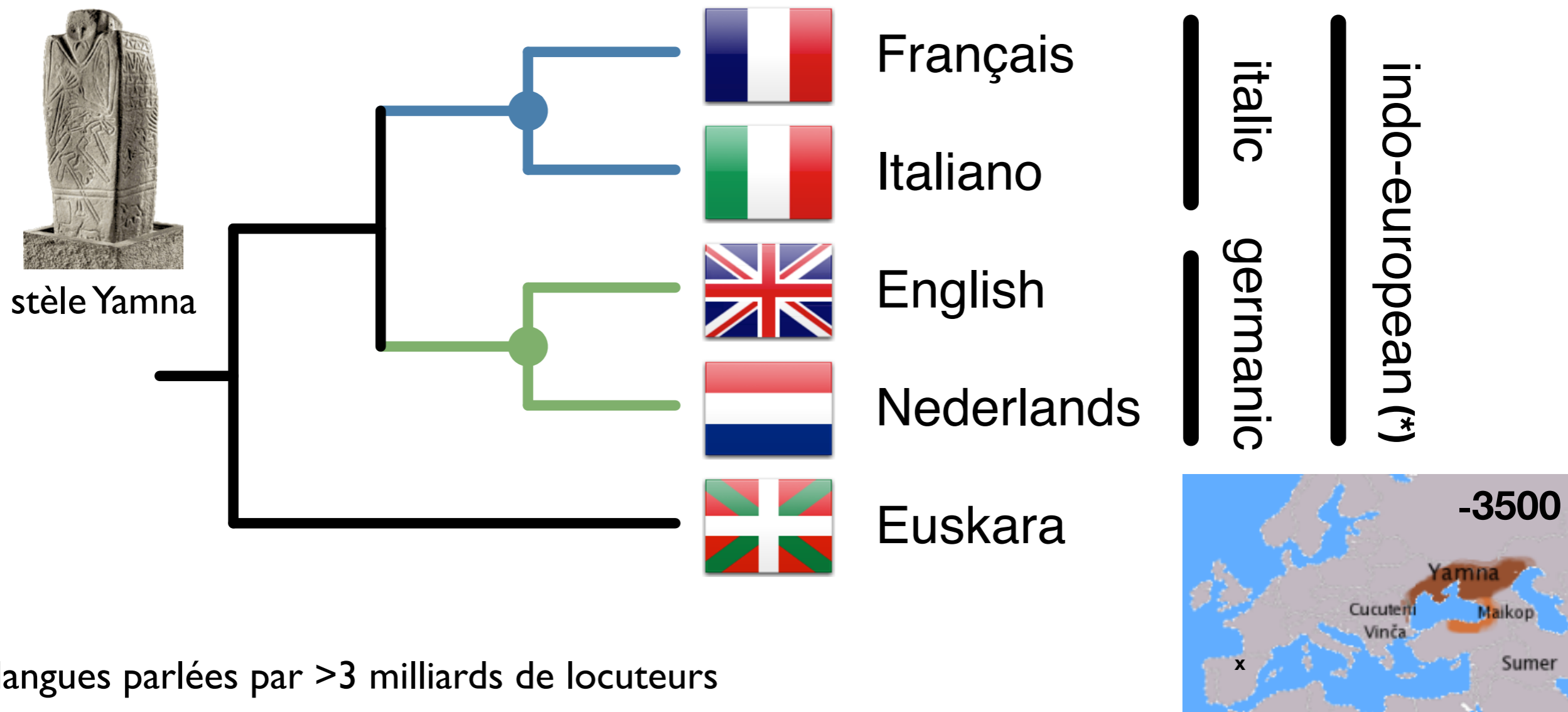
	français	italiano	english	nederlands	euskara
1	un	uno	one	een	bat
2	deux	due	two	twee	bi
3	trois	tre	three	drie	hiru
4	je	io	I	ik	ni
5	tu	tu	you	je	duzu
6	qui ?	chi?	who?	wie?	nor?
7	oui	si	yes	ja	bai
8	non	no	no	nee	ez
9	mère	madre	mother	moeder	ama
10	père	padre	father	vader	aita
11	dent	dente	tooth	tand	hortz
12	coeur	cuore	heart	hart	bihotza
13	pied	piede	foot	voet	oinez
14	souris	topolino	mouse	muis	saguaren

Phylogénomique

un exemple tiré de la linguistique

Known relationships among European languages

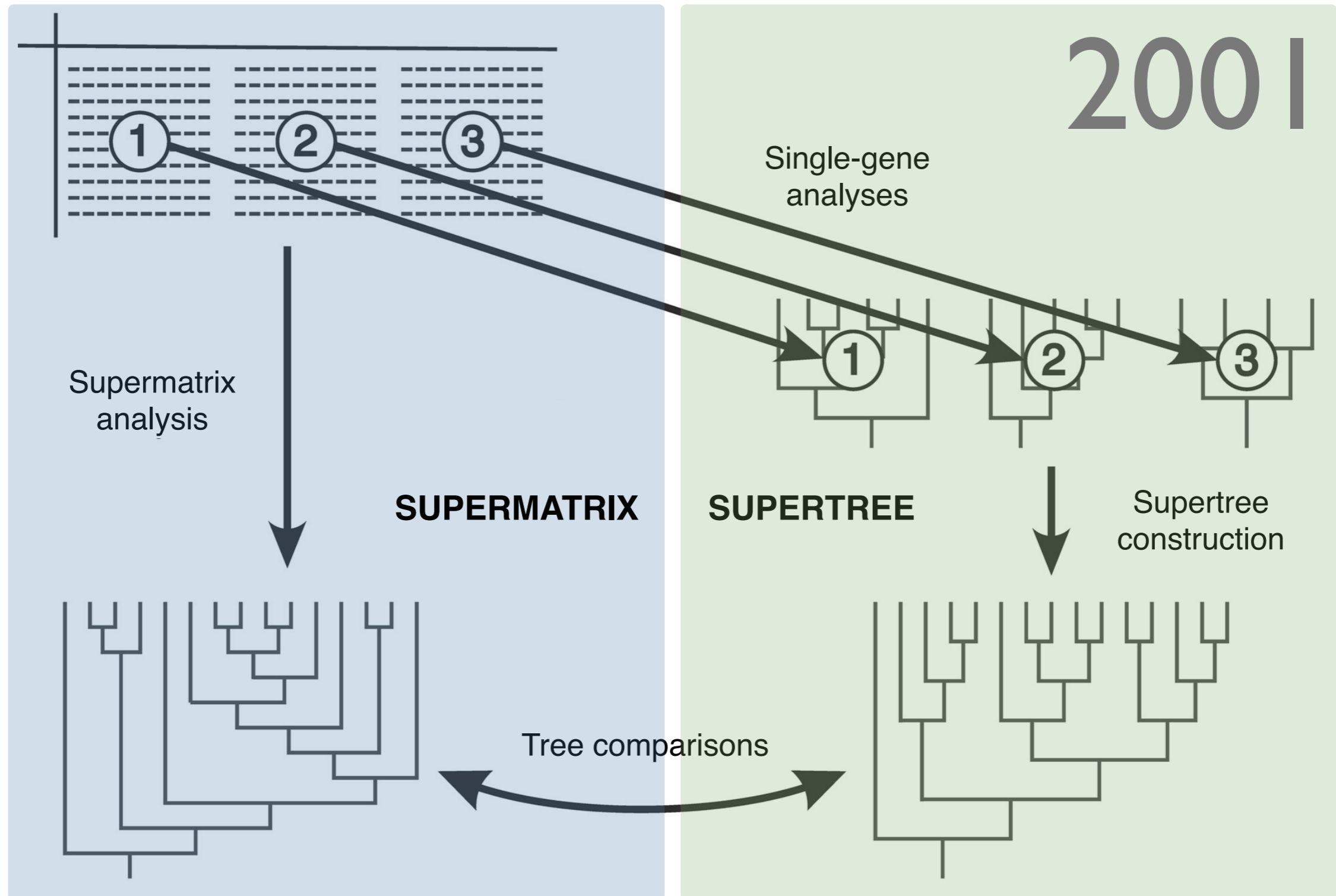
strongly supported by the naive analysis of 14 words



(*) 445 langues parlées par >3 milliards de locuteurs

Phylogénomique

application aux gènes des génomes à comparer

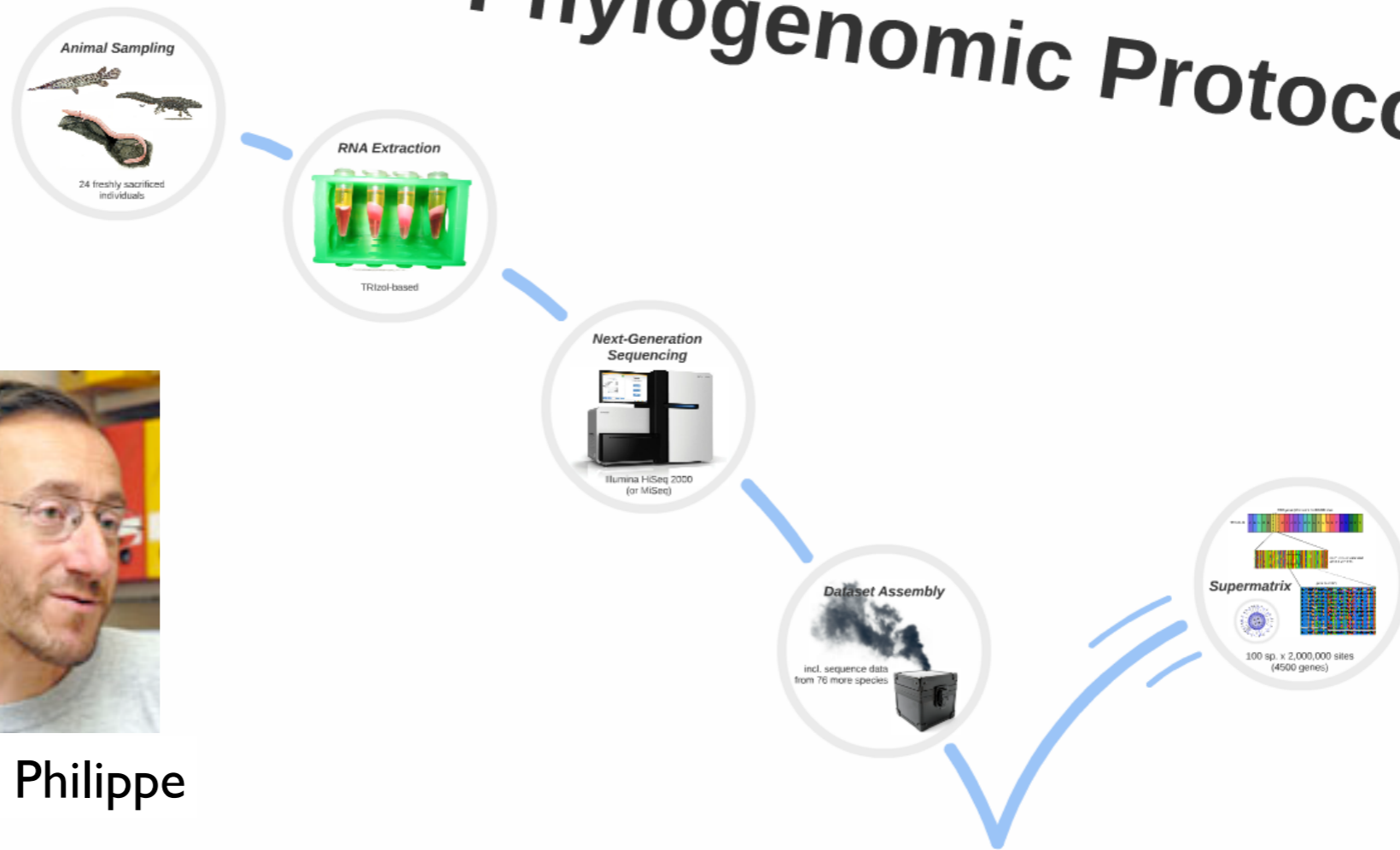


Arbre des Vertébrés

Phylogenomic Protocol



Hervé Philippe



Phylogenomics is the use of genome-scale data to reconstruct evolutionary relationships.

Arbre des Vertébrés

Animal Sampling



24 freshly sacrificed
individuals



Arbre des Vertébrés

RNA Extraction



TRIzol-based

Arbre des Vertébrés

Next-Generation Sequencing



Illumina HiSeq 2000
(or MiSeq)

Arbre des Vertébrés

Dataset Assembly

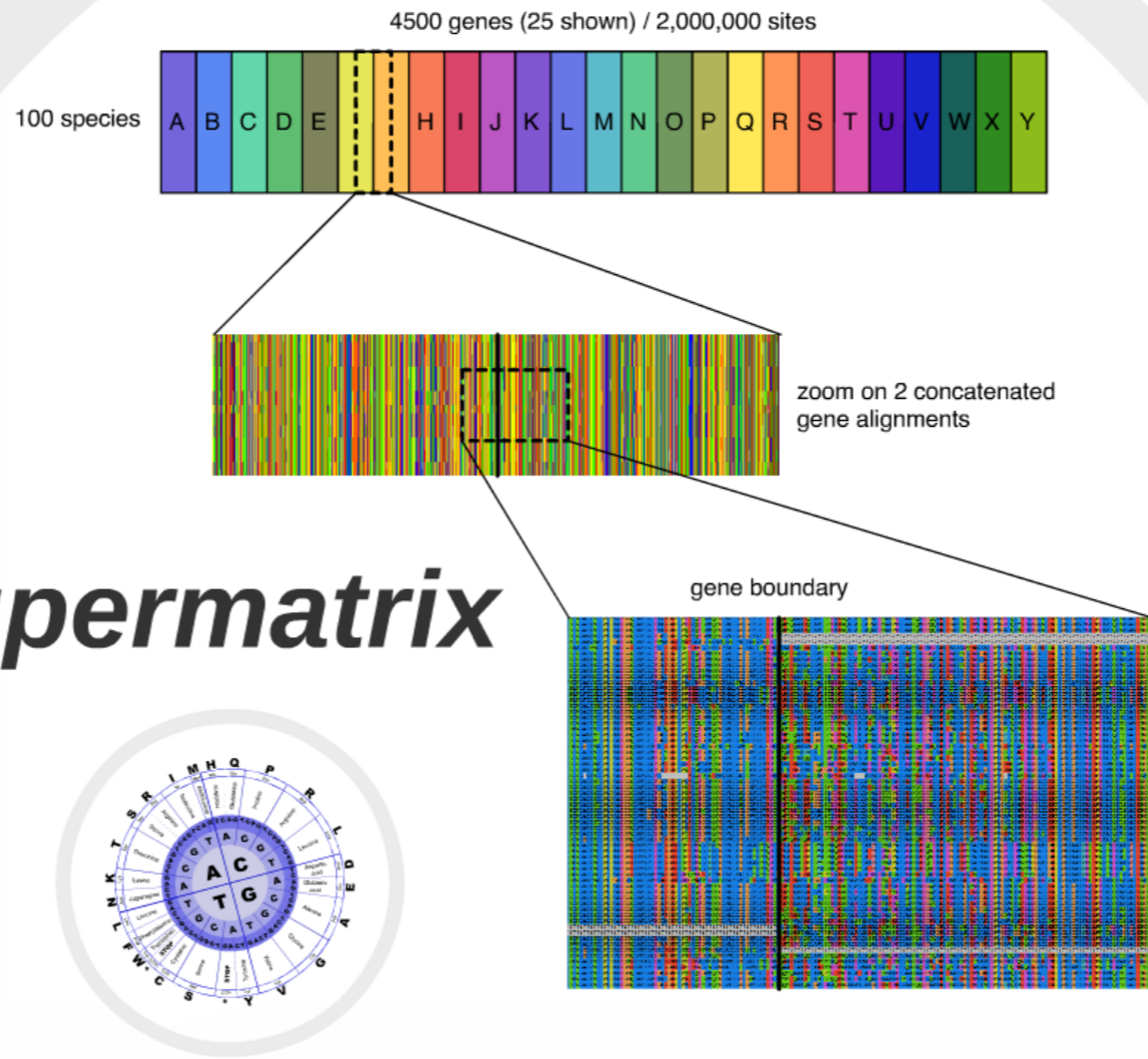
incl. sequence data
from 76 more species



Arbre des Vertébrés

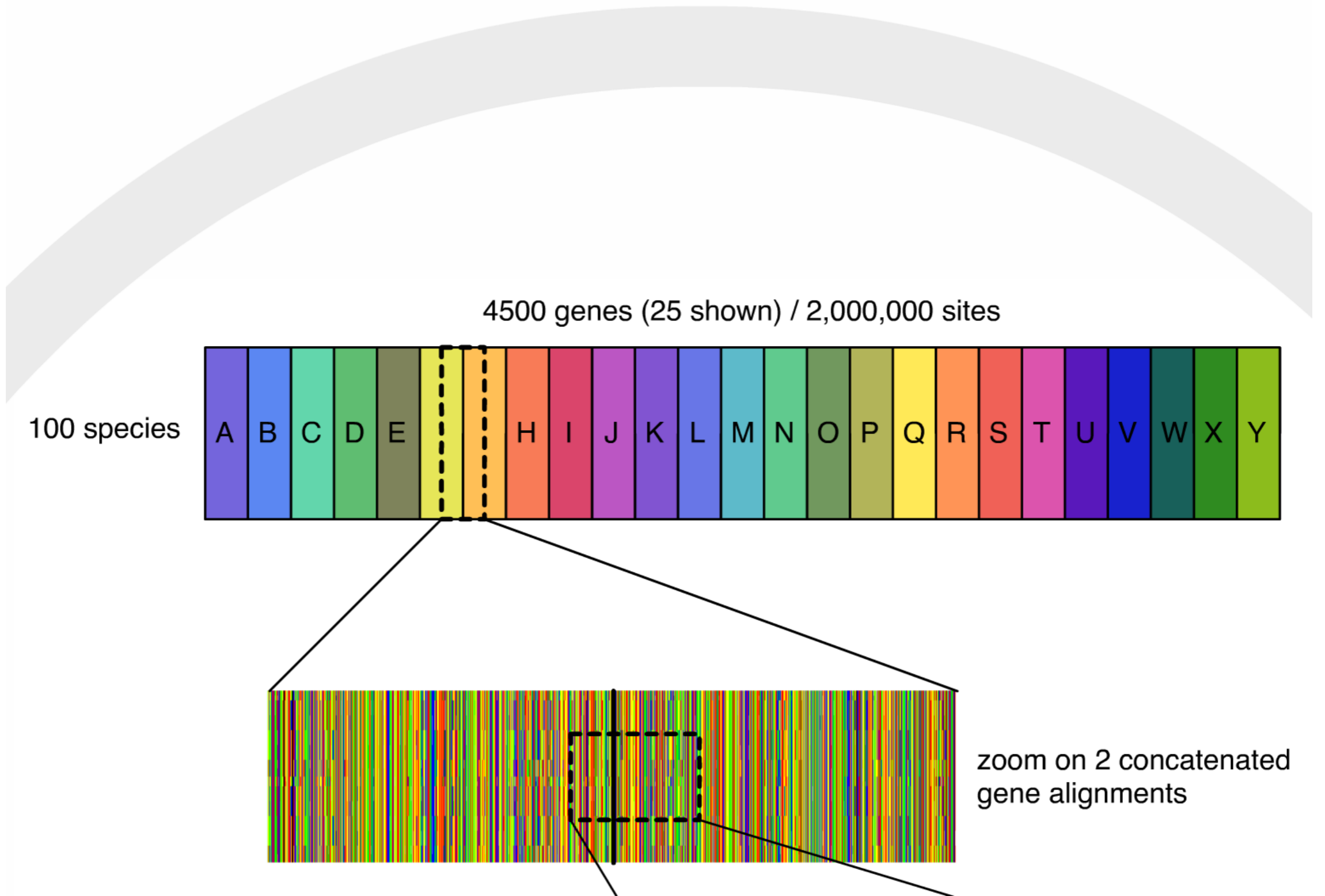


Supermatrix

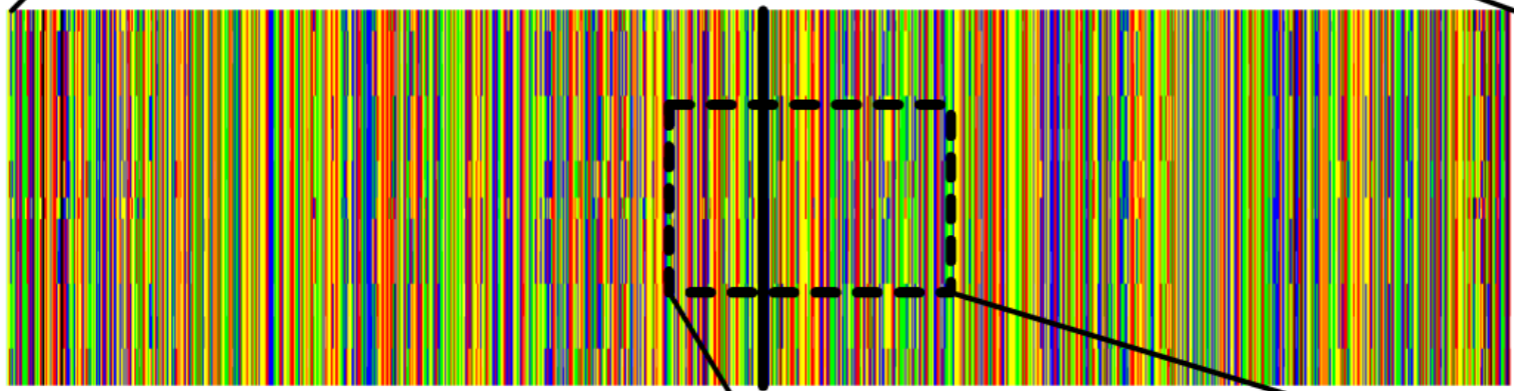
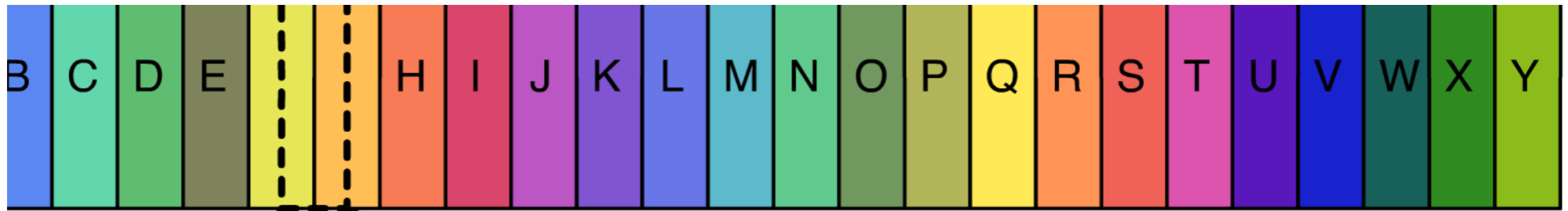


100 sp. x 2,000,000 sites
(4500 genes)

Arbre des Vertébrés



Arbre des Vertébrés



zoom on 2 concatenated gene alignments

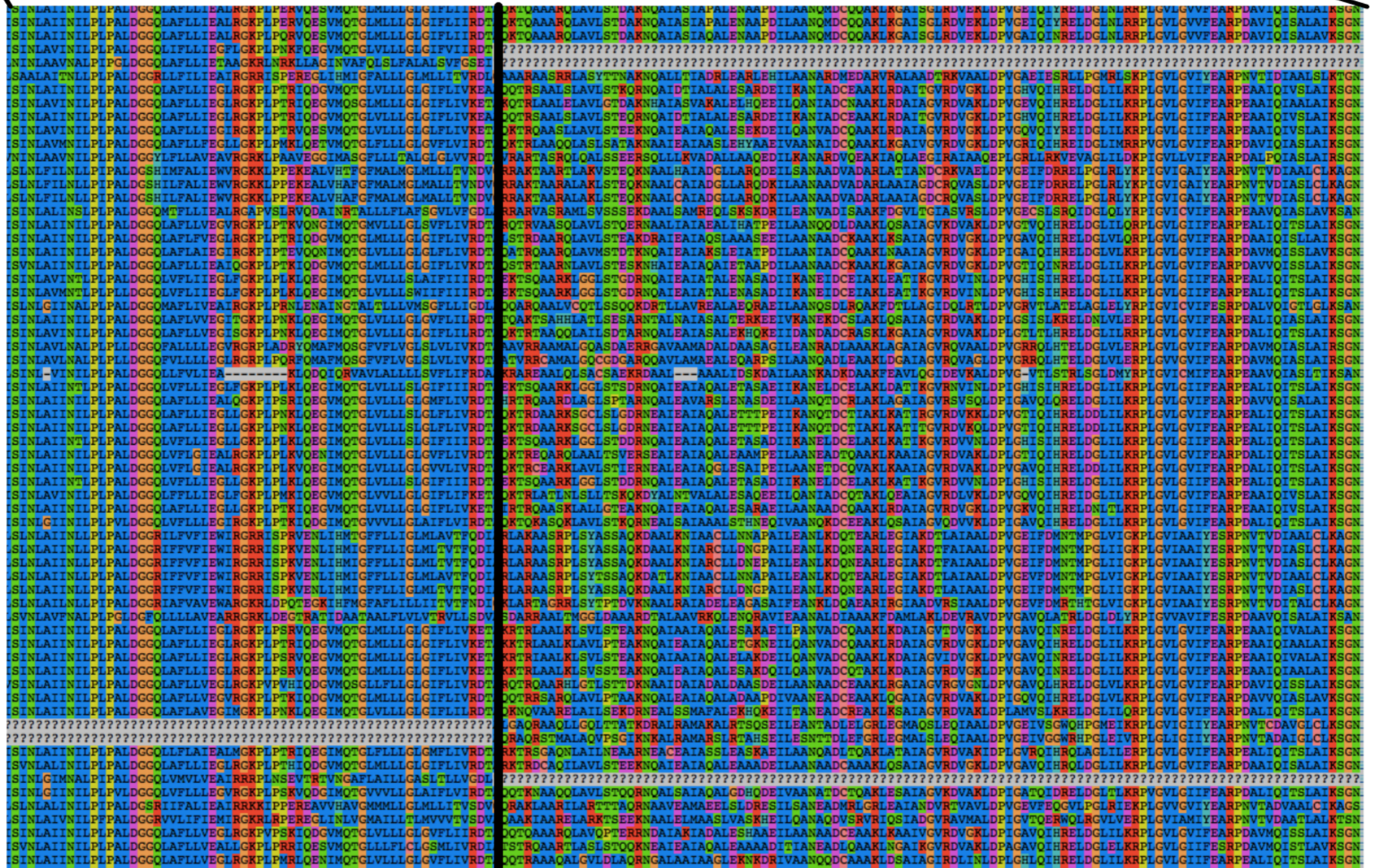
matrix

gene boundary

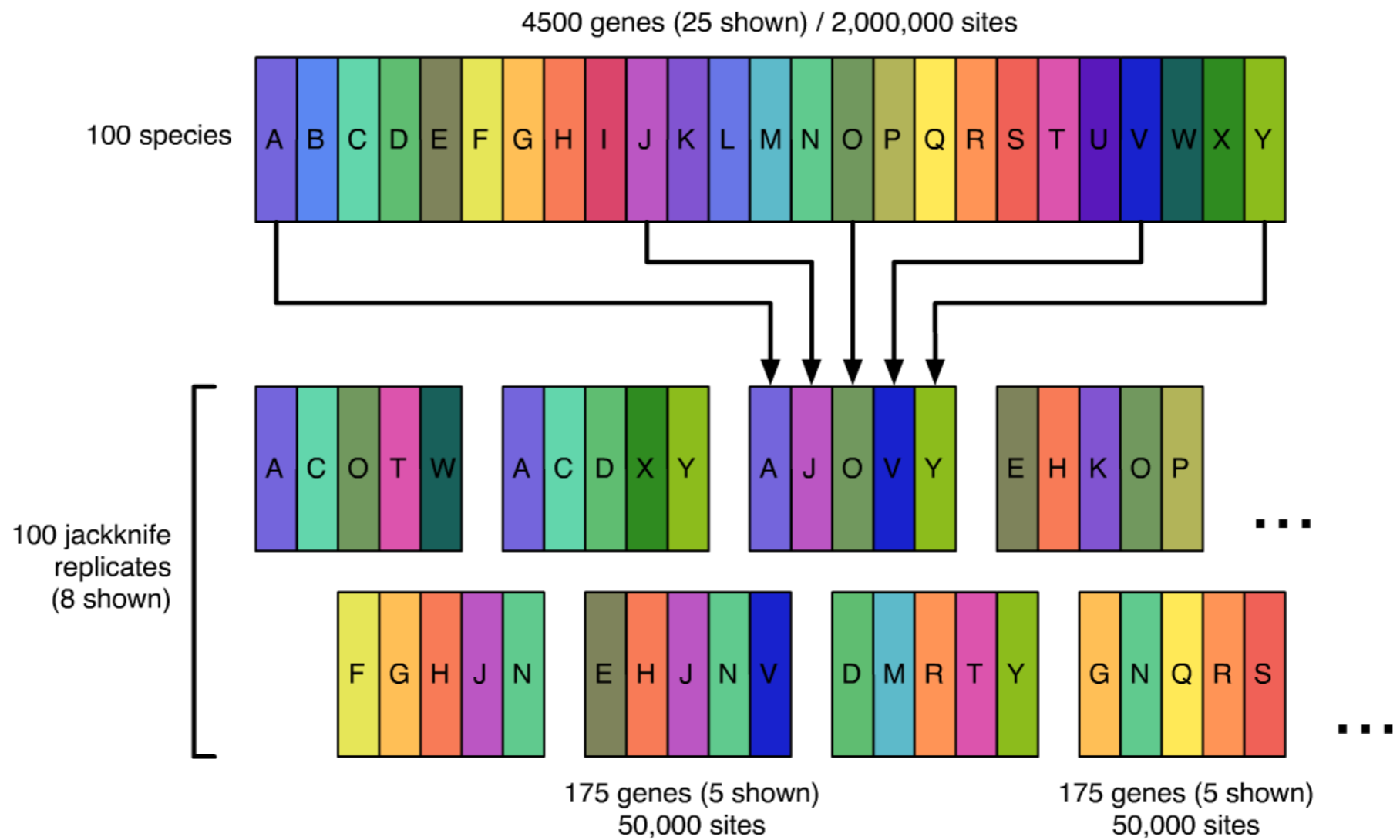


Arbre des Vertébrés

gene boundary




Arbre des Vertébrés



Our supermatrix was too large to be analysed "as is".
We thus used a gene resampling approach.

Arbre des Vertébrés

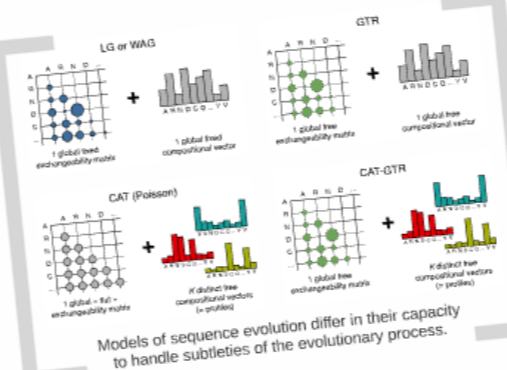


$f(\theta|X) = \frac{f(\theta)f(X|\theta)}{f(X)}$ with $\theta = (\tau, v)$
 $f(X) = \int f(\theta)f(X|\theta)d\theta$
 $= \sum_{\tau} \int_{v} f(v)f(X|\tau, v)dv$

Bayes' theorem applied to phylogenetics

The tree is the interesting part of the model while the model of sequence evolution is a necessary "nuisance".

We want to compute the (posterior) probability distribution of the model (tree and sequence model) given the data (supermatrix).

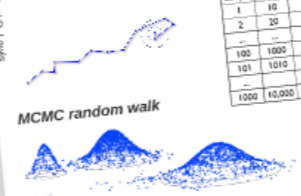


LG or WAG: 1 global tree, 1 global fixed compositional vector, 1 global tree exchangeability matrix.
GTR: 1 global tree, 1 global tree exchangeability matrix, 1 global tree compositional vector.
CAT (Poisson): 1 global tree, K distinct tree compositional vectors (K profiles), 1 global tree exchangeability matrix.
CAT-GTR: 1 global tree, K distinct tree compositional vectors (K profiles), 1 global tree exchangeability matrix.

Models of sequence evolution differ in their capacity to handle subtleties of the evolutionary process.



N. Lartillot



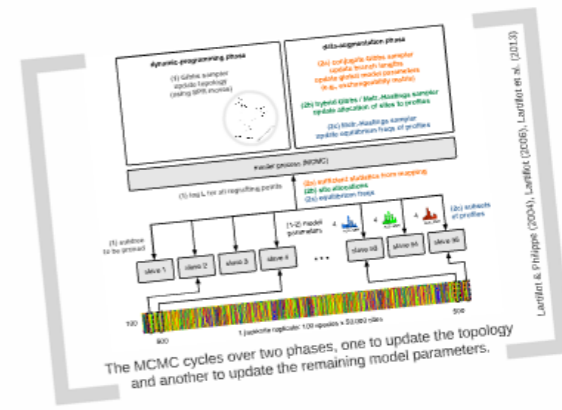
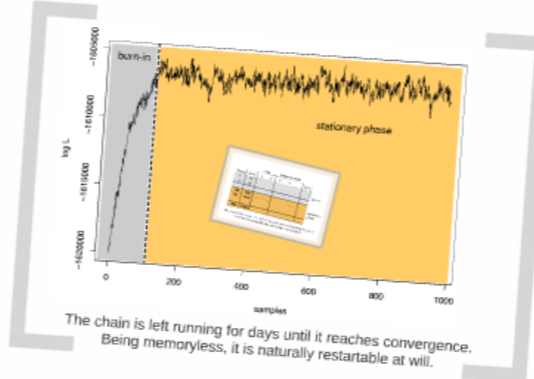
MCMC random walk

sample	cycle	t	v	R	tt	log L
1	10					
2	20					
...	...					
100	1000					
101	1010					
...	...					
1000	10,000					

MCMC samples of the parameter space

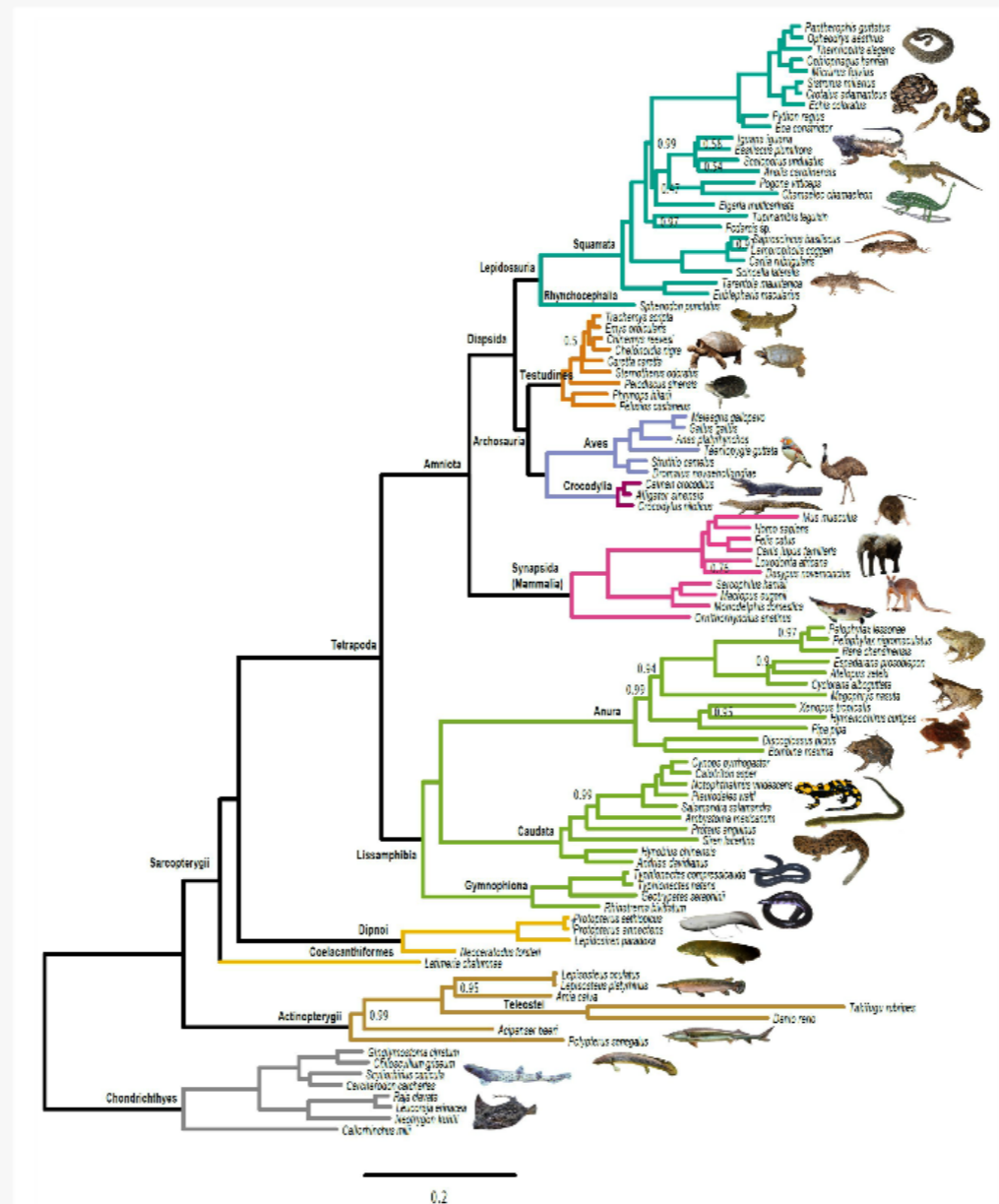
The best sequence models use complex mixtures that can only be implemented in a Bayesian framework.

The principle is to sample the posterior distribution using numerical simulation (Markov Chain Monte Carlo).



Each jackknife replicate was then analysed using a powerful Bayesian phylogenetic software: PhyloBayes MPI.

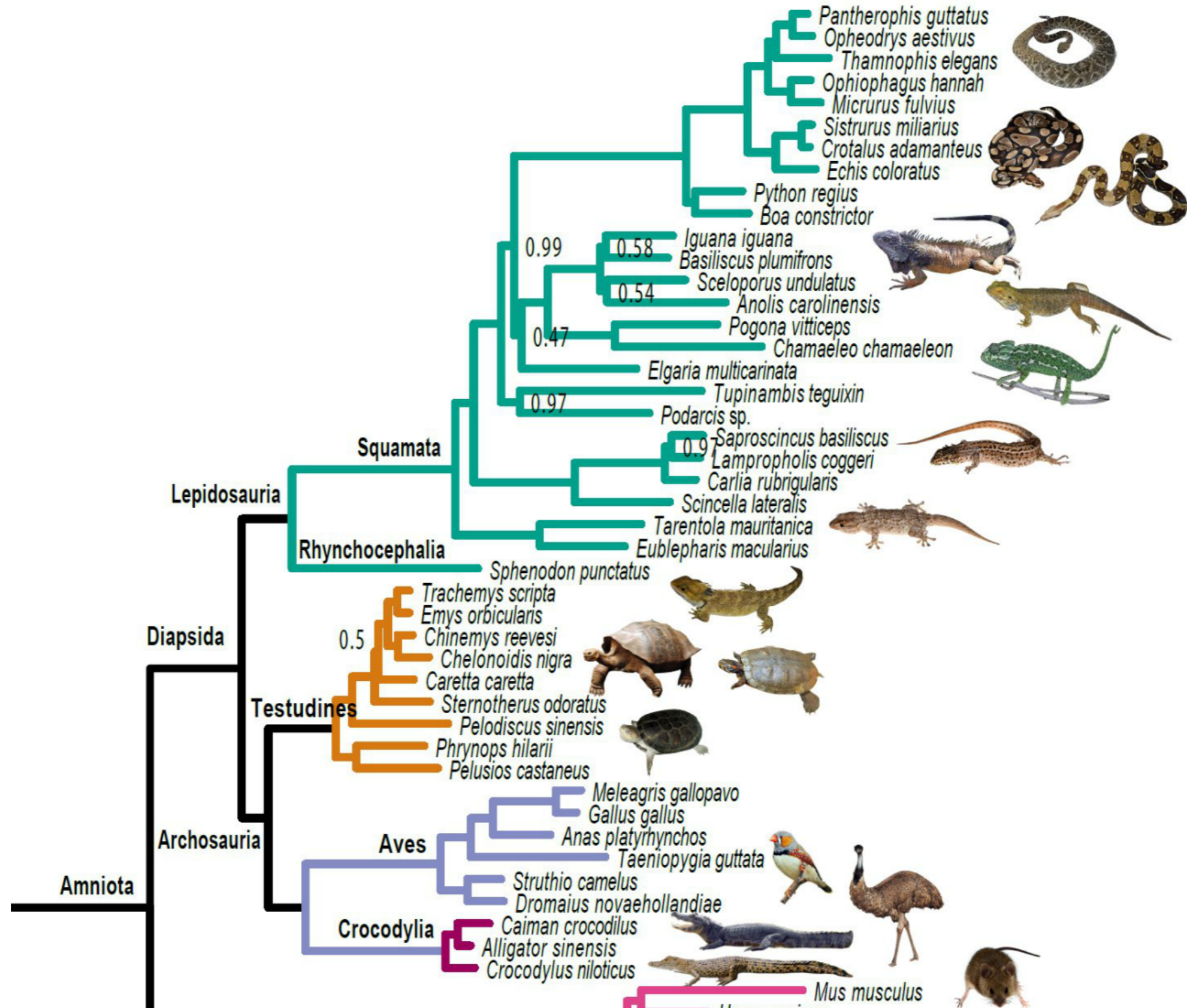
Arbre des Vertébrés



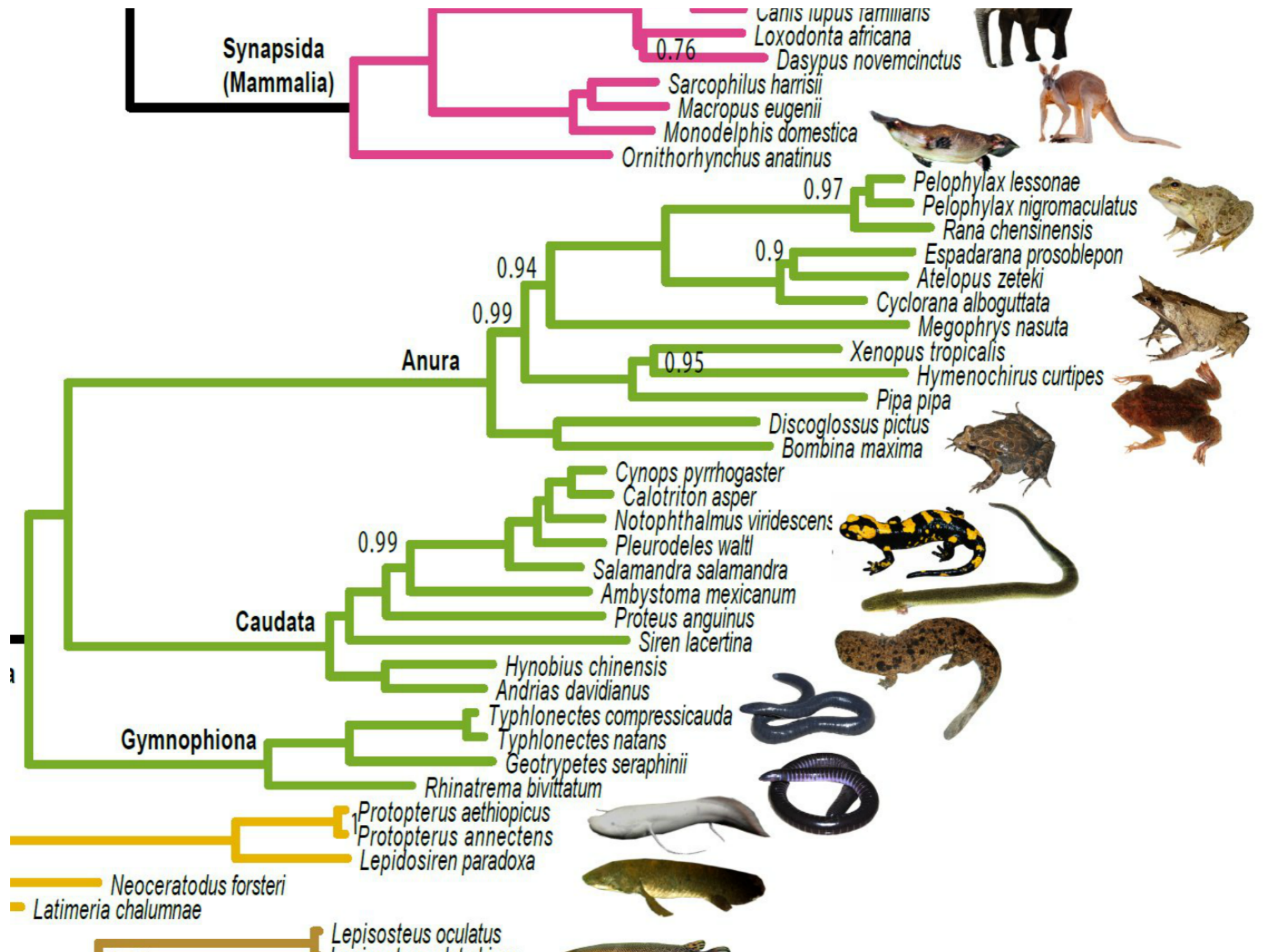
We obtained a new reference phylogenetic framework for the evolution vertebrates.

Irisarri, Baurain et al. (in prep.)

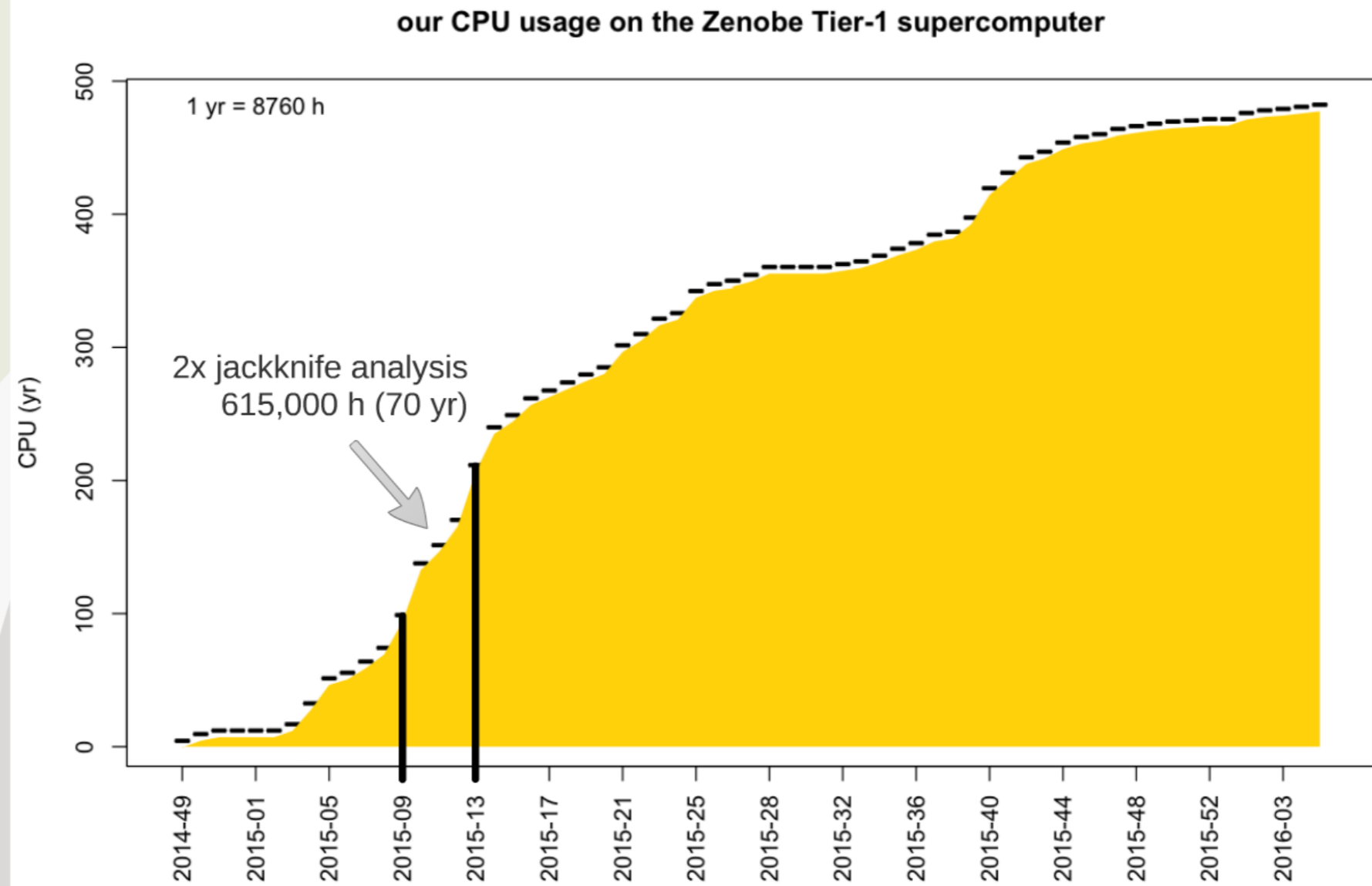
Arbre des Vertébrés



Arbre des Vertébrés



Arbre des Vertébrés



Even if we do not use many cores per job (96),
we still need quite a lot of computing power (hence HTC).

Infrastructure / Supercalculateur zenobe

Supercalculateur zenobe

Le supercalculateur *zenobe* a été baptisé en l'honneur de Zenobe Gramme, l'électricien belge inventeur de la dynamo.

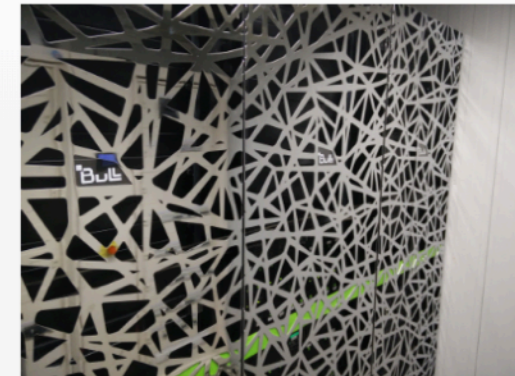
Il est constitué de deux parties combinées résultat d'un investissement de près de 5,5 millions d'euros, réalisé en trois temps :

- un calculateur acquis en 2011 dans le cadre du portefeuille de projets SINUS co-financé par le programme FEDER 2007-2013 constituant une base d'environ 3300 cœurs de calcul,
- son extension financée par la subvention PRACE Supercalculateur Tier-1 de la Région Wallonne, ajoutant fin 2013 environ 8200 cœurs de calcul à cette base, et
- le renouvellement, fin 2015, des nœuds de calcul acquis 4 ans plus tôt, dans le même cadre du portefeuille de projets SINUS, fournissant 5760 cœurs de calcul de dernière architecture

de sorte à ce qu'il constitue le supercalculateur Tier-1 de Wallonie avec près de 14000 cœurs de calcul. Le supercalculateur a été mis en exploitation, dans sa configuration Tier-1, pour 3 ans à compter du 1er juillet 2014.



Le supercalculateur a une capacité de calcul soutenue de plus de 330 TFLOPS (milliards d'opérations à la seconde). Sa meilleure position dans le classement mondial des 500 calculateurs les plus puissants a été enregistrée en novembre 2014 à la 300^e place. Il offre en outre une capacité de stockage haute performance de 350 To en parallèle des 120 To de stockage standard. L'infrastructure est connectée à haut débit (1 Gbps) au réseau de recherche belge, Belnet, et par là au réseau recherche européen GÉANT et à Internet. Les caractéristiques techniques détaillées du supercalculateur dans sa configuration actuelle sont reprises dans la [documentation](#).





Lucia de Brouckère

🏠 > Actualités > Cenaero inaugure le supercalculateur Lucia

17/11/2022

Cenaero inaugure le supercalculateur Lucia



Hébergé à Charleroi au sein de l'écosystème A6K et opéré par Cenaero, le supercalculateur Lucia, dont l'acquisition a été rendue possible grâce au financement de la Wallonie, permettra d'intensifier les activités de recherche fondamentale et appliquée. En avril 2020, le gouvernement wallon a en effet décidé d'octroyer un budget de 10 millions d'euros à Cenaero pour l'adaptation de son bâtiment et l'achat du supercalculateur. Grâce à ce nouvel équipement, la Wallonie entend renforcer et consolider son leadership en matière de calcul haute performance et d'intelligence artificielle.

« C'est la concrétisation d'un projet important qui va permettre aux entreprises wallonnes de bénéficier très directement d'une technologie aussi avancée. Des outils comme le supercalculateur Lucia combinent le calcul de haute performance et la

simulation numérique. Je me réjouis que nos entreprises, nos chercheurs et nos universités puissent tirer parti d'un tel investissement pour notre Région. Il est fondamental d'accroître notre compétitivité au travers de l'innovation et le supercalculateur Lucia est un atout supplémentaire en la matière » a déclaré Willy Borsus, ministre et vice-président du gouvernement wallon, présent à l'inauguration du 15 novembre.

Supporter la recherche et l'industrie

A l'instar de son utilisation dans la recherche fondamentale, le calcul haute performance s'est considérablement développé, ces dernières années, dans l'industrie. Le HPC trouve, désormais, des applications dans les domaines de l'automobile, de l'aéronautique, de l'énergie, de la finance, des télécommunications, de la santé, de la chimie, des biotechnologies, de l'agroalimentaire, du multi média ou encore de l'environnement.

« Le calcul haute performance et la simulation numérique sont devenus des outils incontournables pour la compétitivité des entreprises. Les industriels recourent de plus en plus souvent à ce type de supercalculateur pour réaliser des activités de R&D en vue de la mise sur le marché de produits innovants » explique le Dr Philippe Geuzaine, directeur général de Cenaero.

Résumé

1. Origine et diversité du Vivant

- La Création selon l'Ancien Testament
- Données géologiques

2. L'Arbre du Vivant

- Les 5 règnes du Vivant
- Les 3 domaines du Vivant

2. Phylogénie moléculaire

- D'où vient le signal ?
- Exemple : le cytochrome c

3. Phylogénomique

- Une analogie linguistique
- Exemple : l'arbre des Vertébrés



denis.baurain@uliege.be