

OLIVIER GASCUEL

UN PIONNIER DE LA BIOINFORMATIQUE

À la lumière de ses résultats et projets récents, Olivier Gascuel se voit « dans une période très positive et créative ». Un exemple ? L'institut pluridisciplinaire que ce bioinformaticien monte à Montpellier actuellement. Et d'insister sur cette interface inhérente à sa discipline. « Quand j'ai commencé, cela ne paraissait pas forcément pertinent de mêler biologie et informatique. Mais ces quinze dernières années, les choses ont beaucoup changé. » En témoigne la reconnaissance internationale de son programme de phylogénie PhyML¹, utilisé par des disciplines aussi éloignées que la génomique, l'écologie, la médecine ou la géologie... Clé du succès : un algorithme très rapide qui permet de traiter avec une grande précision des données jusqu'alors inexploitable. Toutefois, Olivier Gascuel, 53 ans, se garde bien de tout triomphalisme. Car son chemin était loin d'être « programmé ».

« J'AI TOUT DE SUITE AIMÉ LA BIOLOGIE MOLÉCULAIRE, CETTE SCIENCE EN RENOUVELLEMENT CONSTANT, AVEC DE VRAIES QUESTIONS EN PHASE AVEC MON ESPRIT CARTÉSIEN. »

Retour vers 1975. Intégré à l'École normale supérieure, ce « doué en math » souhaite faire œuvre utile. Olivier troque l'abstraction contre des études d'architecture. En parallèle, il commence une thèse en intelligence

artificielle, alors en pleine émergence. Ses travaux sont appliqués à la médecine. De la pluridisciplinarité, déjà. 1981 : au lendemain de sa soutenance, le voici envoyé en tant que coopérant au Burkina Faso... À son retour en France, il hésite entre architecture et informatique. « L'équipe de mon laboratoire de thèse m'a incité à postuler au CNRS, j'ai suivi. » Avec un atout maître : le succès de sa thèse consacrée aux systèmes experts médicaux. Ceux-là miment le raisonnement des médecins, notamment pour faire des diagnostics. Il entre donc au CNRS, en 1983, à l'Institut de programmation de Jussieu.

Deux ans plus tard, le jeune chercheur rejoint une unité d'informatique médicale de l'Inserm. Et goûte alors à la biologie moléculaire. « J'ai tout de suite aimé cette science en renouvellement constant, avec de vraies questions en phase avec mon esprit cartésien. » De connivence avec le biologiste Antoine Danchin – basé à l'Institut Pasteur –, notre informaticien se lance, à partir de 1986, dans l'analyse des séquences biologiques, notamment pour prédire la structure des protéines. Dans une atmosphère de liberté hors du commun, ces pionniers de la bioinformatique défrichent le terrain...

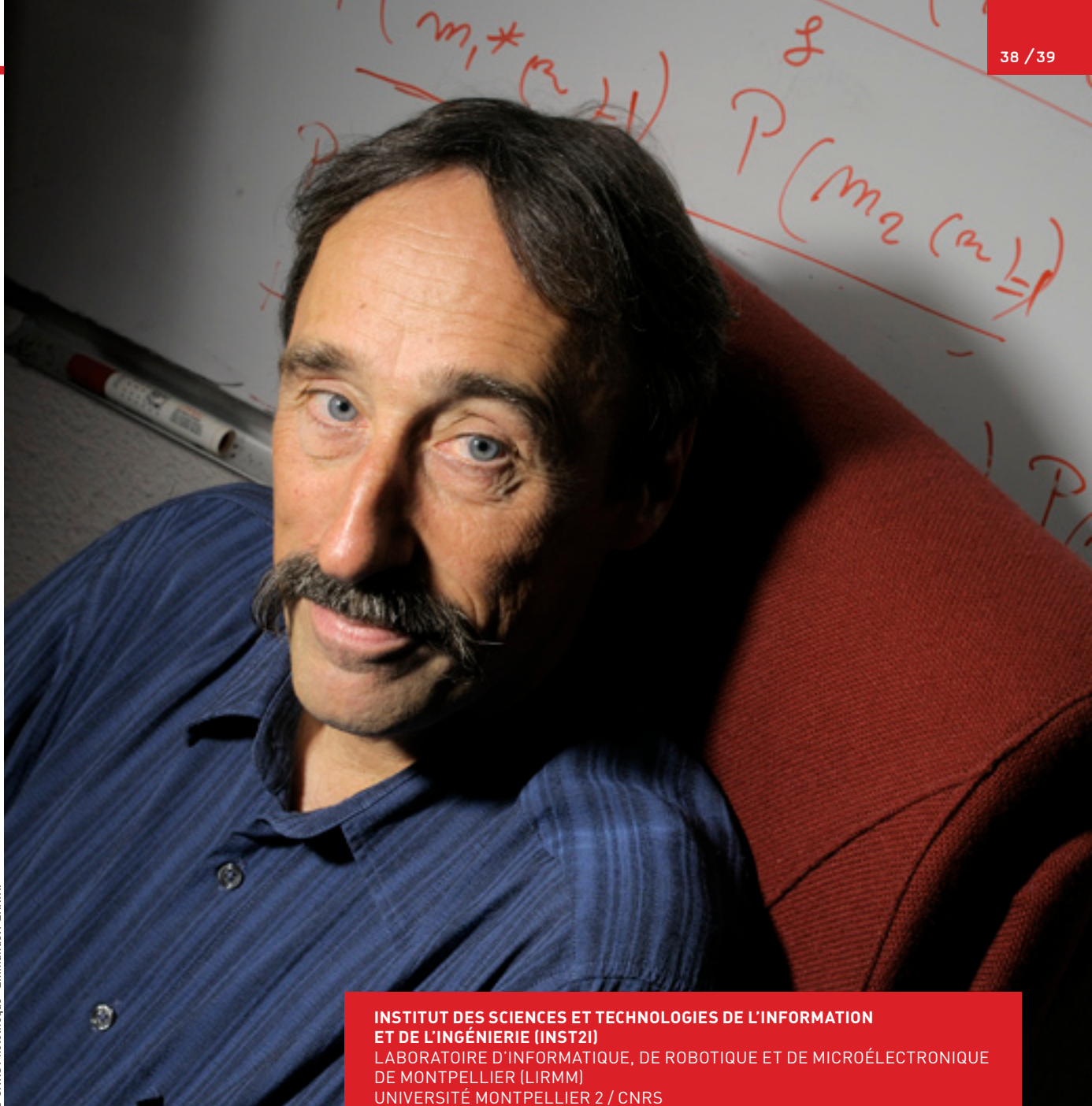
LA PHYLOGÉNIE EST L'OUTIL NUMÉRO UN POUR RECONSTRUIRE L'ÉVOLUTION.

Le vent tourne en 1987. Rappelé par le CNRS, il change de ville et de thématique. Direction Montpellier, dans le laboratoire qui deviendra le LIRMM (Laboratoire d'informatique, de robotique et de microélectronique). L'occasion de renouer avec les mathématiques, en particulier les théories statistiques de l'apprentissage. Quelques années plus tard, le séquençage du génome humain est lancé... et la communauté internationale saisit vite l'importance de l'outil informatique pour décrypter ces données.

Fort de ses « publiés » en bioinformatique et de son expérience de la pluridisciplinarité, Olivier Gascuel endosse des responsabilités nationales d'animation de la recherche à l'interface entre informatique, mathématique et biologie. Dans le même temps, il découvre la phylogénie moléculaire, un domaine encore confidentiel combinant ces trois disciplines.

« *Nothing in biology makes sense, except in the light of evolution.* »² C'est à l'aune de ce concept qu'Olivier mesure l'enjeu de la phylogénie : basée sur l'analyse des séquences d'ADN ou de protéines, elle est l'outil numéro un pour reconstruire l'évolution. Problème : celle-ci ne s'est produite qu'une fois, il y a fort longtemps, et





**INSTITUT DES SCIENCES ET TECHNOLOGIES DE L'INFORMATION
ET DE L'INGÉNIERIE (INST2I)**

LABORATOIRE D'INFORMATIQUE, DE ROBOTIQUE ET DE MICROÉLECTRONIQUE
DE MONTPELLIER (LIRMM)
UNIVERSITÉ MONTPELLIER 2 / CNRS
MONTPELLIER
<http://www.lirmm.fr>

on ne dispose donc pas d'observation directe. « Pour y avoir accès, on doit bâtir des modèles mathématiques réalistes et mettre en place des méthodes informatiques sophistiquées pour donner l'explication la plus plausible des données contemporaines. C'est le cœur de mes recherches actuelles. »

Et de collaborer avec de nombreux biologistes, ici sur le décryptage du génome de *Plasmodium falciparum*, le vecteur du paludisme, là sur l'évolution de la pandémie du sida, de proposer des modèles, de démontrer des théorèmes, d'implémenter des algorithmes, et enfin d'éditer plusieurs ouvrages réunissant les meilleurs spécialistes mondiaux. L'algorithme et le programme PhyML, publiés en 2003 et réalisés avec Stéphane Guindon, l'un de ses collaborateurs, marquent un tournant. Au point d'être cités plus de 2000 fois pour leurs très nombreuses applications : prédire la fonction des gènes, retracer l'origine des épidémies ou encore faire l'inventaire de la biodiversité...

Tenace et optimiste, Olivier Gascuel œuvre sans relâche à la reconnaissance de sa discipline. En organisant un congrès annuel à Montpellier, en animant des écoles d'été sur le continent africain...

Sans oublier de consacrer du temps à ses quatre filles, aux randonnées en montagne, aux voyages, « il y a tellement de choses à faire ! »

¹ Logiciel construisant les arbres phylogénétiques *via* la méthode de maximum de vraisemblance. Elle consiste à expliquer les séquences contemporaines par un modèle probabiliste qui porte à la fois sur la parenté entre les séquences (phylogénie) et sur les mécanismes mutationnels agissant sur ces séquences.

² Phrase célèbre du biologiste russo-américain Theodosius Dobzhanski (1900-1975), qui fut l'un des premiers à expliquer le lien étroit unissant la génétique et la théorie de l'évolution de Darwin.