



Olivier Gascuel

Élu membre le 17 décembre 2019 dans la section de Biologie Intégrative

Olivier Gascuel, né en 1956, est directeur de recherche au CNRS et à l'Institut Pasteur

Formation et carrière

1981	Docteur ès sciences en informatique, Université Pierre et Marie Curie, Paris
1981	Architecte DPLG, École Nationale Supérieure d'Architecture de Paris La Villette (UP6)
1983-1987	Entrée au CNRS à l'Institut de Programmation, Paris
1988-2014	Laboratoire d'Informatique, de Robotique et de Microélectronique de Montpellier
2015-2019	Directeur du Centre de Bioinformatique, Biostatistique et Biologie Intégrative (Institut Pasteur et CNRS), Paris
2019-	Directeur du Département de Biologie Computationnelle (Institut Pasteur et CNRS), Paris

Autres fonctions

2009-2012	Président de la Commission Interdisciplinaire "Modélisation des Systèmes Biologiques, Bioinformatique" du Comité National du CNRS
2012-2015	Porteur du PIA "Institut de Biologie Computationnelle" à Montpellier
2016-	Porteur du PIA Convergence INCEPTION avec Thomas Bourgeron
2019-	Titulaire d'une Chaire d'Intelligence Artificielle dans le PIA 3IA PRAIRIE

Œuvre scientifique

Olivier Gascuel est un bio-informaticien, spécialiste de l'évolution biologique et sa reconstruction à partir de l'ADN. Après des études de mathématique et d'informatique, il s'intéresse à la biologie et joue un rôle pionnier dans le lancement de la bio-informatique. Il est aujourd'hui directeur de recherche au CNRS et à l'Institut Pasteur, où il dirige le département de Biologie computationnelle. Il travaille avec son équipe sur la phylogénie moléculaire, les modèles d'évolution et les algorithmes pour traiter les masses de données d'aujourd'hui. Il utilise ces méthodes pour étudier les virus et les grandes pandémies, notamment le VIH-sida.

Ma formation est en mathématique et informatique. Puis j'ai découvert la biologie moléculaire, l'apprentissage statistique et les théories de l'évolution. Mon travail actuel porte sur ces dernières, à l'aide de modèles, d'algorithmes et de logiciels. Les données d'ADN disponibles aujourd'hui sur des millions d'espèces permettent de remonter dans le passé jusqu'aux origines de la vie. Mon objectif principal est d'inventer de nouvelles méthodes permettant cette exploration. Mes applications privilégiées portent sur l'évolution des virus et des pandémies, notamment le VIH.



Ma thèse portait sur les applications de l'intelligence artificielle à la médecine. Après un an passé en Afrique comme architecte je suis revenu en France. Ma thèse avait eu du succès, je suis rentré au CNRS en 1983. Je me suis tourné vers l'apprentissage statistique (ou "machine learning") et ses bases théoriques. En 1985 j'ai découvert la biologie moléculaire et ce qui allait s'appeler la bioinformatique, dont l'objectif est d'analyser les données biologiques, notamment les séquences d'ADN et de protéines.

En 1995 j'ai découvert la phylogénétique qui constitue une parfaite synthèse entre théorie (quels modèles ? quelles propriétés ? que peut-on reconstruire du passé ?), algorithmique (pour inférer des phylogénies fiables à partir des données en croissance exponentielle d'aujourd'hui), et les applications biologiques innombrables (« Rien en biologie n'a de sens, si ce n'est à la lumière de l'évolution », T. Dobzhansky 1973). Ces travaux interdisciplinaires ont notamment abouti à des logiciels d'inférence phylogénétique maintenant utilisés dans de très nombreux domaines, de la médecine à l'écologie en passant par la génomique.

En 2005 j'ai été chargé par le Ministère des Affaires Etrangères et le CNRS d'animer et développer la bioinformatique en Afrique. J'ai alors découvert la complexité de pathogènes majeurs comme les plasmodiums (paludisme) et le VIH-SIDA. Mes activités se sont largement orientées dans cette direction. J'ai rejoint l'Institut Pasteur en 2015. J'y dirige actuellement le Département de Biologie Computationnelle et en son sein l'Unité de Bioinformatique Evolutive. Nos objectifs sont d'avancer sur les modèles et algorithmes phylogénétiques, et d'appliquer ces méthodes à l'étude des virus et des grandes pandémies.

Distinctions et Prix

- *Fast Breaking Paper* 2005 et *Current Classic in Environment and Ecology* 2007-2011 (article le plus cité dans le domaine, cf. Science Watch)
- Médaille d'Argent du CNRS en Sciences Informatiques, 2009
- Grand Prix INRIA - Académie des Sciences en Sciences Numériques, 2017

Publications les plus représentatives

Guindon S, [Gascuel O](#), "A simple, fast and accurate algorithm to infer large phylogenies by maximum-likelihood", *Systematic Biology* 52(5):696-704, 2003.

Anisimova M, [Gascuel O](#), "Approximate Likelihood-Ratio Test for Branches: A Fast, Accurate, and Powerful Alternative", *Systematic Biology* 55(4), 539-552, 2006.

Le SQ., [Gascuel O](#), "An improved general amino acid replacement matrix". *Molecular Biology and Evolution* 25(7):1307-20, 2008.

Le SQ, Lartillot N, [Gascuel O](#), "Phylogenetic mixture models for proteins". *Philosophical Transactions of the Royal Society - Biological Science B*, 363(1512): 3965-3976, 2008.



Guindon S, Dufayard JF, Anisimova M, Hordijk W, Lefort V, Gascuel O, "New Algorithms and Methods to Estimate Maximum-Likelihood Phylogenies: Assessing the Performance of PhyML 3.0". *Systematic Biology*, 59:307-21, 2010.

Gascuel O, Steel M, "A 'stochastic safety radius' for distance-based tree reconstruction", *Algorithmica*, 1-18, 2015.

Cassan E, Arigon-Chifolleau AM, Mesnard JM, Gross A, Gascuel O, "Concomitant Emergence of the AntiSense Protein Gene of HIV-1 and of the Pandemic", *Proc. National Academy of Science USA* 113(41), 11537-11542, 2016.

Lemoine F, Domelevo Entfellner JB, Wilkinson E, Correia D, Dávila Felipe M, De Oliveira T, Gascuel O, "Renewing Felsenstein's phylogenetic bootstrap in the era of big data", *Nature*, 556(7702):452-456, 2018.

Ishikawa SA, Zhukova A, Iwasaki W, Gascuel O, "A Fast Likelihood Method to Reconstruct and Visualize Ancestral Scenarios", *Molecular Biology and Evolution*, 36(9):2069-2085, 2019.

Gascuel O, Steel M, "A Darwinian Uncertainty Principle", *Systematic Biology*, 0(0), 1-10, 2019.

Principaux ouvrages

"Statistiques et Réseaux de Neurones", S. Thiria, Y. Lechevallier, O. Gascuel and S. Canu (eds), Dunod, 1997.

"Mathematics of Evolution & Phylogeny", O. Gascuel (ed), Oxford University Press, 2005, 2007 2nd edition.

"Reconstructing Evolution: New Mathematical and Computational Advances", O. Gascuel and M. Steel (eds), Oxford University Press, 2007.