Evolution du répertoire de gènes par exploration de données de génomique des populations à large échelle chez *Saccharomyces cerevisiae*.

Nous disposons des séquences génomiques d'environ 2000 souches de *S. cerevisiae* générées par les technologies de séquençage de 2eme génération (Illumina) ainsi que des assemblages complets d'une centaine de génomes générés par séquençage de 3eme génération (Oxford Nanopore). Ces données fournisse une possibilité unique d'étudier l'évolution du repertoire de gènes notamment en ce qui concerne l'émergence de nouveaux gènes, les familles multigéniques telles que les gènes de tRNA et les gènes impliqués dans la reproduction sexuée et le cycle de vie des levures. Le projet consistera donc à assembler le jeux complet des données génomiques, identifier les cas de création, perte et changement du nombre de copie de gènes. Dans un deuxième temps il s'agira de reconstruire les séquences ancestrales et décrire les mécanismes évolutifs à l'origine de ces adaptations.