



Lifemap

L'arbre de vie interactif

publié le 10/10/2016 - mis à jour le 21/12/2022

Descriptif :

Un outil puissant et élégant proposé par l'université de Lyon pour retrouver et positionner (parmi les eucaryotes, procaryotes), n'importe quelle espèce, genre... dans la phylogénie des êtres vivants.



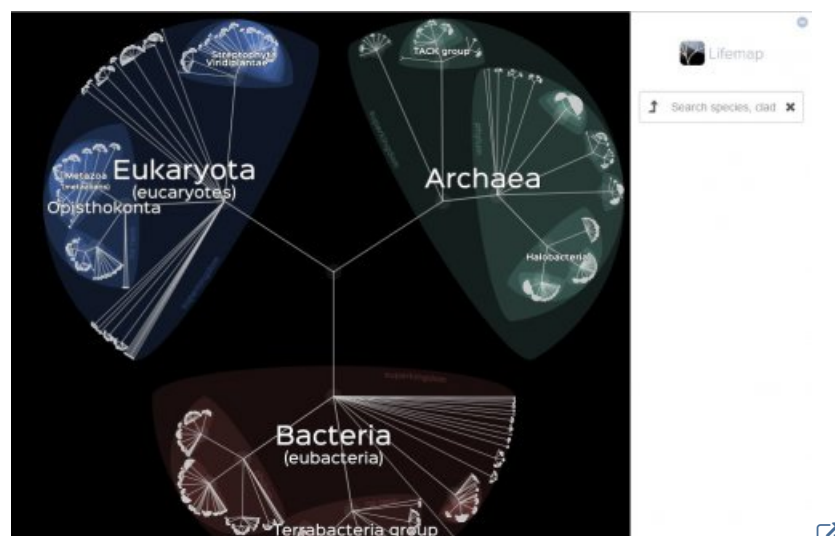
LifeMap est un outil interactif pour explorer "l'arbre de vie".¹

Le concept utilisé dans **LifeMap** est similaire à celui utilisé en **cartographie** avec des outils en ligne comme Google Maps © ou Open Street Maps : l'exploration se fait en zoomant pour obtenir des détails ou en dézoomant pour obtenir une vue panoramique.

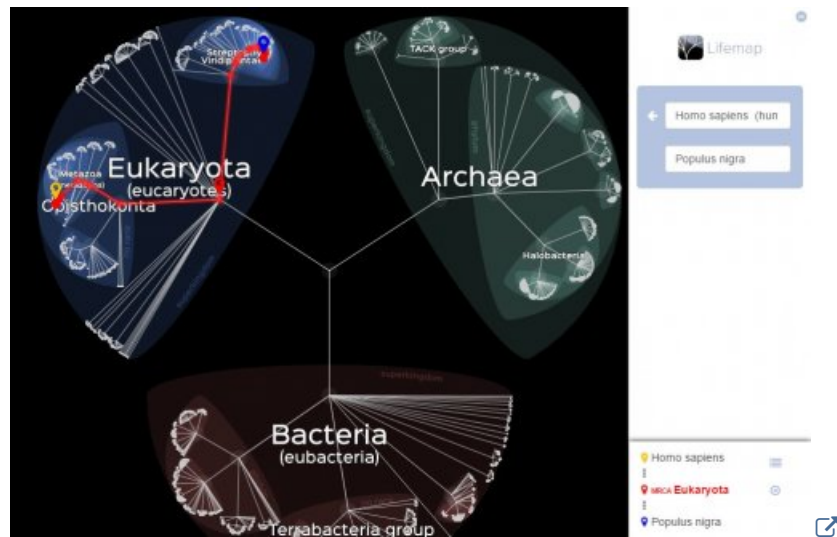
L'arbre actuel contient 802639 espèces : 3733 Archaea, 277426 Bactéria et 521480 eucaryotes. Cet arbre est fondé sur le travail de taxonomie publié par le NCBI ([National Center for Biotechnology Information](#)) et mis à jour régulièrement.

Tous les nœuds de l'arbre sont cliquables. Il affiche des informations (description et image) concernant les taxons (extrait de la page Wikipedia, le cas échéant).

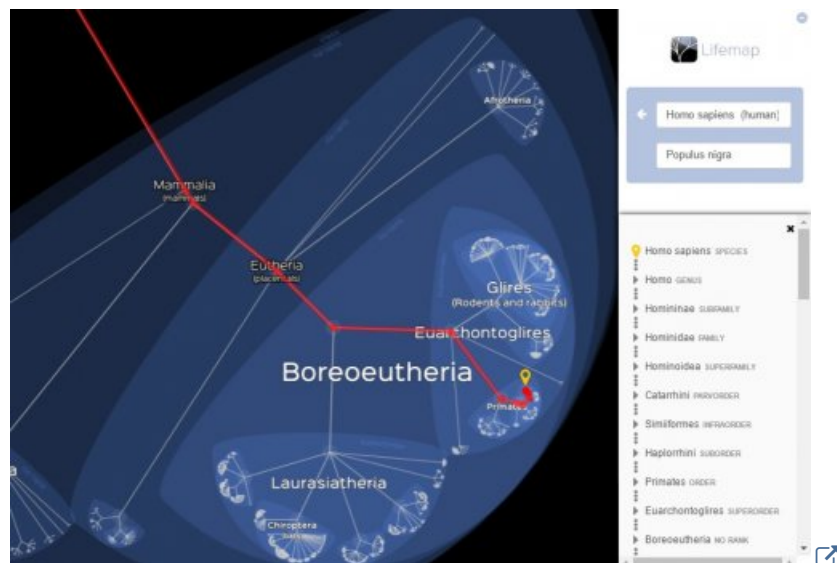
Les itinéraires entre les taxons peuvent être calculés en remplissant le champ de recherche à droite.



Lors du remplissage des deux nouveaux champs de recherche, la route est tracée entre les taxons et l'ancêtre commun le plus récent (**MRCA : Most Recent Common Ancestor**) des deux groupes ou espèces.



L'utilisateur obtient également l'accès à une liste de tous les noeuds que l'on rencontre dans la voie d'un groupe à l'autre. Cette liste est cliquable, et le zoom ou le dézoom se fait automatiquement.



(1) **lifemap** a été écrit par **damien de Vienne**, chercheur au cnrs, travaillant au laboratoire de biométrie et biologie évolutive (lbbe) à lyon avec le soutien du département de recherche en informatique (en particulier **stephane delmotte** et **bruno spataro**).

Une version « pro » de **lifemap**, dénommée **lifemap ncbi version**, dédiée aux chercheurs en génomique, génétique et biologie évolutionniste existe aussi. Elle montre la taxinomie exhaustive du **NCBI** (plus de 1,1 million de taxons) et permet (i) un accès facile aux pages web du site, (ii) la visualisation et le nombre de génomes complètement séquencés et (iii) la possibilité de télécharger chaque sous - arbre pour chaque noeud.