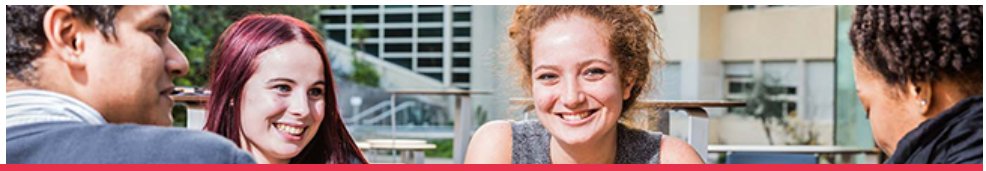

Phylogénie approfondie : méthodes et application en évolut°

Composante
Faculté des Sciences

Présentation

Description

La phylogénie est une quête d'indices évolutifs. Le but de ce module est de rappeler l'existence de phylogénies de gènes dans des phylogénies d'espèces, les modalités de représentation des histoires évolutives sous forme d'arbres, et le pari de l'homologie moléculaire positionnelle grâce à l'alignement des séquences. Les principes des méthodes d'inférence phylogénétique sont au cœur des savoirs de cette UE. Les méthodes de distances permettent de souligner les difficultés de séparation de l'homologie et de l'homoplasie, et la nécessité de construire des modèles d'évolution des caractères. L'approche cladistique avec parcimonie maximale permet d'illustrer d'une part l'utilisation du bootstrap pour estimer la solidité des nœuds des phylogénies, et d'autre part l'impact de l'échantillonnage taxonomique pour détecter les substitutions multiples.

Les approches probabilistes sont quant à elles présentées puis approfondies. L'artéfact d'attraction des longues branches conduit à introduire le raisonnement probabiliste. La méthode du maximum de vraisemblance permet d'aborder le calcul de la vraisemblance, l'estimation des paramètres des modèles par optimalité, la construction de différents modèles d'évolution des caractères, ainsi que la comparaison de modèles. L'inférence Bayésienne introduit quant à elle la distinction entre approches par densité versus optimalité. Elle montre alors l'utilisation a priori des densités de probabilités, l'estimation au vu des données des distributions a posteriori des paramètres des modèles, leur approximation par chaînes de Markov avec techniques de Monte Carlo et couplage de Metropolis (MCMCMC), les phases d'allumage et de convergence, et le calcul et l'interprétation des probabilités postérieures des arbres et des clades. L'importance des modèles d'évolution des séquences d'ADN, ARN et protéine et de leur amélioration est soulignée.

Objectifs

"Outre le descriptif précédent, les savoirs concernent aussi les applications des méthodes d'inférence phylogénétique : l'analyse de la représentation matricielle avec parcimonie des arbres sources pour inférer des superarbres, le conservatisme de trait, l'inertie phylogénétique, les indices de diversité phylogénétique, l'estimation d'états de caractères ancestraux, la comparaison d'arbres et de scénarios évolutifs, et les co-phylogénies avec évaluation des hypothèses de co-évolution et co-spéciation.

Les savoir-faire impliquent la mise en pratique bioinformatique des notions précédentes : assemblage de données (lectures, séquences) ; alignement des séquences ; inférence d'arbres par méthodes de distances, maximum de parcimonie, maximum de vraisemblance, et inférence Bayésienne, avec détection de l'attraction des longues branches ; estimation des paramètres des modèles ; comparaison des modèles ; et utilisation de la corroboration multigénique. Les logiciels à savoir manipuler sont SeaView, NJPlot, PhyML, IQTree, PAUP, et MrBayes."

Informations non contractuelles.
Dernière mise à jour le 13 février 2023

Pré-requis nécessaires

"Facultatif : suivi de l'UE de M1 S7 ""Phylogénie et Évolution"" (HAB708B).

Conseillé : Alignement de séquences ; lecture et reconstruction d'arbres : distances, cladistique et parcimonie, approches probabilistes (vraisemblance)."

Contrôle des connaissances

Contrôle continu intégral : 100%

Infos pratiques

Contacts

Responsable pédagogique

Emmanuel DOUZERY

emmanuel.douzery@umontpellier.fr

Informations non contractuelles.
Dernière mise à jour le 13 février 2023