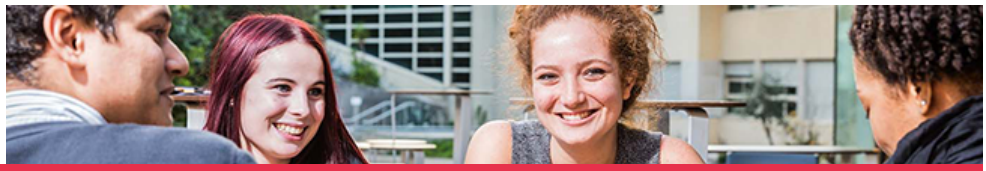

Phylogénie et Evolution

Composante
Faculté des Sciences

Présentation

Description

"L'arbre phylogénétique est un concept central en biologie pour les étudiants des mentions ""Biodiversité, Écologie & Évolution"", ""Biologie Agrosciences"", et ""Éco-épidémiologie"". Pour aborder la phylogénie, cette UE se décline en deux parties successives de 22,5h chacune : ""Phylogénie et Évolution (Bases)"" (HAB708B) et "" Phylogénie et Évolution (Avancées)"" (HAB714B).

Les savoirs suivants y seront enseignés :

(i) Historique de la notion d'évolution [Bases].

(ii) Systématique phylogénétique (caractères, règles de la taxonomie, code-barres moléculaires, génomique, alignement, homologie et homoplasie, orthologie et paralogie) [moitié en Bases ; moitié en Avancées].

(iii) Représentation phylogénétique (réseaux, arbres, racine, dendrogrammes, topologie, longueurs de branches) [Bases].

(iv) Les méthodes d'inférence phylogénétique par distances [Avancées].

(v) L'approche cladistique et le principe du maximum de parcimonie [Bases].

(vi) L'approche probabiliste, le principe du maximum de vraisemblance, et les modèles d'évolution des séquences [Avancées].

(vii) Les mesures de la solidité des phylogénies (bootstrap, comparaison de topologies, corroboration multigénique, arbres de gènes et d'espèces) [Avancées].

(viii) Applications à la phylogénie de quelques grands groupes taxonomiques (Mammifères, Eucaryotes) [Avancées]."

Pré-requis nécessaires

Lire les arbres phylogénétiques et leur notation parenthésée, et comprendre l'information que véhiculent leurs topologies et leurs longueurs de branches. [Bases].

Contrôle des connaissances

Reconstruire des arbres par les méthodes de distances. [Avancées].

Infos pratiques

Contacts

Emmanuel DOUZERY
emmanuel.douzery@umontpellier.fr

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