

Intitulé de l'UE : **DES DONNÉES DE SÉQUENCES À LA GÉNÉTIQUE ÉVOLUTIVE**

Code de l'UE : **5V733**

Responsables de l'UE : Guillaume ACHAZ, Maître de conférences
Mel : guillaume.achaz@sorbonne-universite.fr

Philippe LOPEZ, Professeur
Mel : philippe.lopez@sorbonne-universite.fr

Sophie GARNIER, Maître de conférences
Mel : sophie.garnier@sorbonne-universite.fr

Secrétariat : Carine JOSEPH
Tél. : 01 44 27 35 35
Mel : Sciences-master-bmc-pedago1@sorbonne-universite.fr

1. Descriptif de l'UE

Volumes horaires globaux (CM, TD, TP, stage, autre) : **30 h (15h CM/Conférences + 15 h TP sur stations informatiques)**

Nombre de crédits de l'UE : **3 ECTS**

Mention et Parcours de master où l'UE est proposée : **Mention "Biologie Moléculaire & Cellulaire", Parcours "Bioinformatique & Modélisation"**

Semestre où l'enseignement est proposé : **Semestre 3 du Master**

Effectifs prévus : **12 à 15**

2. Présentation pédagogique de l'UE

a) Objectifs de l'Unité d'Enseignement

Le thème général de cette unité d'enseignement est l'interprétation biologique des données de séquences. Comment, à partir d'un ensemble large de séquences génétiques, peut-on proposer une histoire biologique ? Illustrant les différents aspects de la génétique, plusieurs axes complémentaires seront développés. L'enseignement comprend une moitié de cours et une moitié de projet. Les étudiants choisiront un projet dans la liste ci-dessous (non-exhaustive). La présentation orale de leurs projets permettra de révéler les multiples facettes de la génomique.

b) Thèmes abordés

- Les cours magistraux et les conférences porteront sur les sujets suivants :
 - analyse évolutive des gènes et génomes par les arbres et les réseaux,
 - transfert latéral et éléments mobiles, implications évolutives,
 - les causes de l'horloge moléculaire,
 - inférence de scénarios à partir de données intra-espèce,
 - SNPs et déséquilibre de liaison, outils pour l'étude des caractères complexes,
 - génomique à haut débit, apport des puces dans l'étude de l'expression et de la régulation des gènes,
 - évolution expérimentale,
 - génétique des populations chez l'homme,
 - méthodes statistiques d'inférences de paramètres (ML, MCMC et ABC).
- Dans le cadre des projets élaborés par les étudiant(e)s, l'idée est d'explorer les différents aspects biologiques d'un unique jeu de données commun composé d'une collection de génomes intra- et inter-espèces. Les projets sont conçus pour allier analyse de données, algorithmique ou modélisation, puis interprétation biologique des résultats. Chaque projet, supervisé par un ou plusieurs enseignants spécialistes du sujet, sera choisi dans la liste non-exhaustive suivante :
 - inférer un scénario démographique à partir de génomes d'une même espèce,

- construire une phylogénie à partir de l'usage des mots d'un génome,
- étudier de l'histoire et de la sélection d'une famille multigénique,
- étudier l'évolution des gènes codant pour un réseau métabolique,
- étudier l'impact des SNP sur les éléments génétiques connus,
- détection des sites de régulations dans les séquences promotrices.

c) Organisation pédagogique

Les enseignements sont organisés au premier semestre sur **6 semaines au mois de décembre et de janvier**. L'évaluation de l'enseignement est établie à moitié partir du projet dont les étudiant(e)s auront choisi le thème (voir ci-dessus), à moitié sur un examen écrit.

d) Pré-requis

Aucun pré-requis n'est exigé pour suivre cette unité d'enseignement, cependant les étudiants devront maîtriser au moins un langage de programmation pour mener à bien leur projet.

3. Equipe pédagogique

Animateurs de l'équipe : Guillaume Achaz, Sophie Garnier et Philippe Lopez.

Cours magistraux : Guillaume Achaz, Sophie Garnier et Philippe Lopez.

Travaux pratiques : Guillaume Achaz, Elodie Duprat, Sophie Garnier, Ingrid Lafontaine et Philippe Lopez.