

MU5BM733	DES DONNEES DE SEQUENCES A LA GENETIQUE EVOLUTIVE
-----------------	--

Responsable(s) & courriel(s)	Sophie GARNIER Ingrid LAFONTAINE Philippe LOPEZ		sophie.garnier@sorbonne-universite.fr ingrid.lafontaine@sorbonne-universite.fr philippe.lopez@sorbonne-universite.fr	
Gestionnaire(s)	Carine JOSEPH Tél. : 01 44 27 35 35		sciences-master-bmc-pedago1@sorbonne-universite.fr	
Modalités	Semestre	ECTS	Présentiel / Distanciel	Effectif maximal
	S3	3	Présentiel	15
Volume horaire (H)	Cours	TD	TP / autre	Site
	15		15	Campus P&M Curie
Langue d'enseignement	Cours	TD	TP	Supports de cours
Français/Anglais	Français		Français	Français
Evaluations	Consulter le document « Dates et barèmes » et /ou le responsable d'UE			
UE de spécialisation non proposée en UE d'ouverture				
Prérequis	Aucun			

Présentation pédagogique de l'UE

Selon l'évolution des conditions sanitaires au cours de l'année, une partie des enseignements de cette UE pourra être assurée en distanciel.

Objectifs	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.
Thèmes abordés	- Les cours magistraux et les conférences porteront sur les sujets suivants : <ul style="list-style-type: none"> • 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, • étude des caractères complexes (SNPs, déséquilibre de liaison) • génomique haut débit (génotypage, expression et régulation des gènes), • évolution expérimentale, • consanguinité, effectifs efficaces et Fstatistiques,

	<ul style="list-style-type: none"> • notions sur les fardeaux génétiques, • statistiques de mesure des patrons de diversité au sein des séquences nucléotidiques évolution expérimentale, <ul style="list-style-type: none"> • génétique des populations chez l'homme, • méthodes statistiques d'inférences de paramètres (ML, MCMC et ABC). <p>- 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 :</p> <ul style="list-style-type: none"> • 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.
<p>Compétences acquises à l'issue de l'UE (concepts, méthodologie et outils)</p>	

Equipe pédagogique

- Animateurs de l'équipe : Sophie Garnier, Ingrid Lafontaine et Philippe Lopez.
- Cours magistraux : Sophie Garnier, Philippe Lopez et Thierry Robert.
- TP : Elodie Duprat, Sophie Garnier, Ingrid Lafontaine, Philippe Lopez et Thierry Robert.