

## LMD5 — Fiche UE du département Biologie-Écologie

Niveau : M1 S7

Intitulé : Phylogénie & évolution (Bases) (P&EB)

Code : HAB708B

**Responsable(s)** : Emmanuel DOUZERY

**Co-responsable(s)** : -

**Contact(s)** : emmanuel.douzery [at] umontpellier.fr

**Moodle** : <https://moodle.umontpellier.fr/course/view.php?id=7082>

**Nombre ECTS** : 3

**Nombre d'heures** : CM = 13,5 — TD = 6 — TP = 3 — Terrain = 0 — Séminaires = 0 — SPS = 0

**Statut par parcours** : B2I (-), BioGET1 (-), BioGET2 (-), CEPAGE (-), DARWIN (OBL), EcoSystèmes (-), EGEN (-), MédiACCES (-), MEME (-), PAL (), Agreg (-).

**Description de l'UE** : "L'arbre phylogénétique est un concept central en biologie pour les étudiants des mentions "Biodiversité, Écologie & Évolution", "Biologie Agrosociétés", 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].

”

**Compétences visées (Savoir, Savoir-Faire, Savoir-Être) : Savoir-faire :**

- Lire les arbres phylogénétiques et leur notation parenthésée, et comprendre l'information que véhiculent leurs topologies et leurs longueurs de branches. [Bases].
- Dénombrer le nombre de branches et le nombre d'arbres binaires qu'il est possible de reconstruire à partir d'un nombre fixé de taxons. [Bases].
- Reconstruire des arbres par les méthodes de distances. [Avancées].
- Reconstruire des arbres par cladistique avec parcimonie, soit à partir de caractères morphologiques, soit à partir de caractères moléculaires. [Bases].
- Modéliser l'évolution de séquences d'ADN et détecter l'artéfact d'attraction des longues branches. [Avancées].
- Calculer et interpréter la vraisemblance d'une topologie. [Avancées].
- Comparer différents modèles d'évolution des séquences. [Avancées].

**Prérequis (compétences et/ou UE) :** Pas de pré-requis : il s'agit d'un enseignement de bases.

**Modalités de contrôle des connaissances :** Contrôle terminal : 100%

**Informations additionnelles :** "Cette UE est mutualisée avec la mention Eco-Epi et avec la mention Biologie-AgroSciences (parcours IMHE). Elle sera approfondie par l'UE "Phylogénie & Évolution (Avancées)" (HAB714B) durant la seconde moitié du M1 S1 de la mention B2E."