

LMD5 — Fiche UE du département Biologie-Écologie

Niveau : M1 S7

Intitulé : Phylogénie & évolution (Avancées) (P&EA)

Code : HAB714B

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 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].

”

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) : "Cette UE fait obligatoirement suite à l'UE "Phylogénie & Évolution (Bases)" (HAB708B)."

Modalités de contrôle des connaissances : Contrôle continu intégral : 100%

Informations additionnelles : -