

LMD5 — Fiche UE du département Biologie-Écologie

Niveau : M1 S8

Intitulé : Génomique évolutive (GE1)

Code : HAB810B

Responsable(s) : Benoit NABHOLZ
Co-responsable(s) : -
Contact(s) : benoit.nabholz [at] umontpellier.fr

Moodle : <https://moodle.umontpellier.fr/course/view.php?id=826>

Nombre ECTS : 4

Nombre d'heures : CM = 0 — TD = 14 — TP = 0 — Terrain = 0 — Séminaires = 16 — SPS = 0

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

Description de l'UE : Cette UE a trois objectifs : 1) approfondir les connaissances sur des concepts de génétique et de génomique évolutive comme le déséquilibre de liaison, la sélection, la théorie de la coalescence, la détection de la sélection naturelle et des forces évolutives agissant sur l'évolution des génomes et le processus de spéciation génomique. 2) Proposer un panorama des thématiques recherches en génomiques évolutives sous formes de séminaires pédagogiques : évolution moléculaire, génomiques évolutives des endosymbioses, évolution chromosomiques et évolution moléculaires. 3) Enfin, l'UE propose un projet de bioanalyse d'un jeu de données empirique pour appréhender l'analyses en génomique évolutive et se frotter aux aspects bioinformatiques de plus en plus développés dans la discipline.

Compétences visées (Savoir, Savoir-Faire, Savoir-Être) : "Connaître les mécanismes micro-évolutifs et leurs effets quantitatifs (mutation, dérive, sélection, migration), et savoir les formaliser mathématiquement .

Structuration des populations : processus qui la génèrent et indices qui la décrivent ; génétique de la conservation (diversité, flux, corridors) .

Inférence des forces évolutives sur la base de données moléculaires (équilibres migration / sélection / dérive : Fst, Qst, Ne ...) .

- Compréhension des principaux concepts en génomique évolutive et de l'évolution moléculaire .
- Appréhension des méthodes existantes pour détection la sélection naturelle dans les données de génomique : modèle codon pour les données de divergence et effet de la sélection en liaison pour les données de diversité génétique. .
- Prise de conscience de l'importance de facteurs confondants dans la détection de l'adaptation au niveau moléculaire : biais mutationnel, biais de conversion génétique vers GC, démographie. .
- Notion de base de l'analyse bioinformatique (Bash linux + R) de données de génomique..
- Savoir lire un article scientifique et en tirer les informations pertinentes'."



Prérequis (compétences et/ou UE) :

- Compétences acquises dans l'UE d'évolution du tronc commun du M1 BEE.

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

Informations additionnelles : -