

<b>Code</b>	<b>APPROCHE COMPARATIVE PHYLOGENETIQUE</b>
-------------	--

<b>Responsable(s) &amp; courriel(s)</b>	Guillaume ACHAZ Nicolas PUILLANDRE Olivier GASCUEL	<a href="mailto:guillaume.achaz@mnhn.fr">guillaume.achaz@mnhn.fr</a> <a href="mailto:puillandre@mnhn.fr">puillandre@mnhn.fr</a> <a href="mailto:olivier.gascuel@mnhn.fr">olivier.gascuel@mnhn.fr</a>
<b>Gestionnaire(s)</b>		



<b>Modalités</b>	Semestre	ECTS	Présentiel / Distanciel	Effectif maximal
	<b>S3</b>	<b>6</b>	<b>Présentiel</b>	<b>20</b>

<b>Volume horaire (H)</b>	Cours	TD	TP / Projet	Site
	<b>18</b>	<b>9</b>	<b>27</b>	

<b>Langue d'enseignement</b>	Cours	TD	TP	Supports de cours
----------------------------------	-------	----	----	-------------------

Français/Anglais	<b>Français</b>	<b>Français</b>	<b>Français</b>	<b>Français</b>
------------------	-----------------	-----------------	-----------------	-----------------

<b>Evaluations (/100)</b>	CC	Ecrit	Oral	TP
	<b>30</b>	<b>70</b>		




**Peut-être choisie comme UE d'ouverture**

<b>Prérequis</b>	<b>Bases de biologie/génétique et de mathématiques</b>
------------------	--

### Présentation pédagogique de l'UE

<b>Objectifs</b>	Consolider les bases théoriques et pratiques en taxonomie, phylogénie, diversification et évolution des traits, qu'ils soient génétiques ou morphologiques. Cette UE sera focalisée sur le niveau interspécifique en proposant d'une part une série de cours sur les concepts et modèles indispensables à une maîtrise des approches comparatives et d'autre part autour de travaux pratiques idoines. Comprendre et manipuler les concepts sous-jacents à l'approche comparative forment le cœur pédagogique de cette UE. La puissance de l'approche comparative sera illustrée à travers de nombreuses applications, comme la délimitation d'espèces, la reconstruction phylogénétique, l'analyse des processus de diversification ainsi que la reconstruction de l'évolution des génomes et de traits morphologiques.
------------------	--



Thèmes abordés	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Recherche dans les bases de données et alignement.</li> <li>- Modèles de substitution.</li> <li>- Inférences phylogénétiques.</li> <li>- Evolution des traits</li> <li>- Modèles de diversification.</li> <li>- Détection de la sélection via les mutations synonymes et non-synonymes.</li> <li>- Délimitation d'espèces.</li> <li>- Génomique comparative</li> </ul>
Compétences acquises à l'issue de l'UE (concepts, méthodologie et outils)	<ul style="list-style-type: none"> <li>– maîtriser les concepts théoriques de l'approche comparative</li> <li>– proposer un projet cohérent autour d'une question particulière</li> <li>– utiliser, voire développer des outils dans le domaine</li> <li>– acquérir un regard critique sur les forces et les limites de l'approche</li> </ul>

### Equipe pédagogique

Ingrid Lafontaine, Amaury Lambert, Jean-Luc Ferat, Nicolas Puillandre, Olivier Gascuel, Guillaume Achaz, Hélène Morlon, Frederic Lemoine, Anna Zhukova, Paul Zaharias.

### Contenu pédagogique (54h)

COURS 1 : Bases de données et alignement (1h30)

TD 1 : Bases de données et alignement (1h30)

COURS 2 : Phylogénétique, méthodes de base et algorithmes (1h30)

TD 2 : Méthodes de bases, jouer avec des arbres (1h30)

COURS 3 : Modèles phylogénétiques de substitution (1h30)

TD 3 : Sélection de modèles phylogénétiques (1h30)

COURS 4 : Détection de la sélection (1h30)

TD 4 : Détection de la sélection (1h30)

COURS 5 : Inférence d'arbres en maximum de vraisemblance (1h30)

TD 5 : Inférer des arbres avec PhyML et Seaview (1h30)

COURS 6 : Inférence d'arbres en bayésien (1h30)

TD 6 : Inférer des arbres avec MrBayes (1h30)

COURS 7 : Dater une phylogénie (1h30)

TD 7 : Datation avec Tempest, LSD, MrBayes et BEAST (1h30)

COURS 8 : Méthodes monolocus de délimitation d'espèces (1h30)  
TD 8 : ABGD, ASAP, GMYC et PTP (1h30)

COURS 9 : Méthodes monolocus de délimitation d'espèces (1h30)  
TD 9 : BPP/SPEDESTEM... ? (1h30)

COURS 10 : Phylogénomique (1h30)  
TD 10 : Phylogénomique (1h30)

COURS 11 : Phylogénomique (1h30)  
TD 4 : (1h30)

COURS 12 : Reconstruction ancestrale – caractères discrets (1h30)  
TD 12 : Reconstruction ancestrale avec PastML (1h30)

COURS 13 : Reconstruction ancestrale – caractères continus (1h30)  
TD 13 : Reconstruction ancestrale avec ? (1h30)

COURS 14 : Corrélation phylogénétique (1h30)  
TD 14 : Corrélation phylogénétique (1h30)

COURS 15 : Modèles de diversification (1h30)  
TD 15 : Modèles de diversification (1h30)

COURS 16 : Génomique comparative

TD 15 : Modèles de diversification (1h30)

COURS 17 : Modèles de diversification. (1h30)  
TD 17 : Modèles de diversification (1h30)

COURS 18 : Phylodynamique. (1h30)  
TD 18 : Phylodynamique (1h30)