Code	MATH 2 Connaissance approfondie des modèles
-------------	--

Responsable(s) & courriel(s)	Amaury Lambert Stéphane Robin	amaury.lambert@ens.fr robin@agroparistech.fr		
Gestionnaire(s)				
Modalités	Semestre	ECTS	Présentiel / Distanciel	Effectif maximal
	S3	3	Présentiel	20
Volume horaire (H)	Cours	TD	TP / Projet	Site
	20	10		
Langue d'enseignement	Cours	TD	TP	Supports de cours
	Français/Anglais	Français	Français	Anglais
Evaluations (/100)	CC	Ecrit	Oral	TP
		100		
Peut être choisie comme UE d'ouverture				
Prérequis	Math 1			

Présentation pédagogique de l'UE

Objectifs	Approfondissement et application des techniques vues en Math I dans certains modèles emblématiques en génétique évolutive
Thèmes abordés	Dynamique des populations : probabilité et temps d'extinction, distribution stationnaire. Génétique des populations : probabilité et temps de fixation, coalescent, caractérisation des patterns de diversité à un ou plusieurs locus, recombinaison, sélection. Phylogénétique : coalescent d'un processus de naissance et de mort, modèles d'arbres aléatoires déséquilibrés. Génétique quantitative : héritabilité, GWAS, modèle géométrique de Fisher.

Compétences acquises à l'issue de l'UE (concepts, méthodologie et outils)	<p>Connaissance approfondie des propriétés de nombreux modèles discrets et continus intervenant en génétique/génomique évolutive.</p> <p>Méthodologie : calcul d'une probabilité et d'un temps d'atteinte, d'une distribution stationnaire, calcul de la vraisemblance d'un arbre sous divers modèles, simulation de processus de naissance et de mort et de diffusion, calcul de la distribution des effets des mutations dans divers modèles.</p>
---	---

Equipe pédagogique

Amaury Lambert, Stéphane Robin

Contenu pédagogique (30h)

Séance 1. Dynamique d'une population, dynamique d'un trait quantitatif. Calcul de la distribution stationnaire dans le cas discret (dynamique de population à croissance logistique) et dans le cas continu (diffusion d'Ornstein-Uhlenbeck, diffusions gaussiennes multivariées).

Séance 2. Dynamique et génétique des populations. Calcul d'une probabilité de fixation ou d'extinction dans le cas discret (modèles de Wright-Fisher, Moran, Galton-Watson) et dans le cas continu (diffusion de Wright-Fisher, diffusion de Feller). Calcul de l'espérance d'un temps de fixation ou d'extinction.

Séance 3. Génétique des populations. Modèles de Cannings et universalité du coalescent de Kingman, sans puis avec mutations. Notions de base sur le Lambda-coalescent.

Séance 4. Génétique des populations. Modèle de Moran avec sélection ou avec recombinaison, graphe ancestral de sélection, graphe ancestral de recombinaison, sequentially Markovian coalescent.

Séance 5. Génétique des populations. Formule d'échantillonnage d'Ewens, urnes de Hoppe et processus du restaurant chinois. Spectre de fréquence, étude des variants rares et des variants fréquents, distribution de Poisson-Dirichlet et sa représentation par stick breaking.

Séance 6. Génétique des populations et phylogénétique. Processus ponctuel de coalescence, coalescent d'un processus de naissance et de mort.

Séance 7. Phylogénétique. Modèle branchant d'Aldous, statistique beta de déséquilibre. Autres familles de modèles d'arbres interpolant entre des arbres équilibrés et l'arbre de déséquilibre maximal (Ford alpha, SDLU). Coalescent multi-espèces et autres coalescents emboîtés.

Séance 8. Génétique quantitative. Formalisme mathématique de la génétique d'un trait quantitatif : effets alléliques, variances additive et de dominance, héritabilité, covariance entre apparentés. Formalisme mathématique de la génétique d'une maladie : pénétrance, odds ratio, risque de récurrence relatif.

Séance 9. Génétique quantitative. GWAS, régression, effet d'un marqueur lié. Modèle géométrique de Fisher.

Séance 10. Révisions.