

**Polymorphisme, phylogénie, évolution et génomique environnementale** (6 crédits) [Lydie Pradel, André Gilles et François Coulier]

**Code:** SBBCU6L

**Objectif(s):** Spécialisation en analyses phylogénétiques et en génétique des populations afin d'analyser des problèmes évolutifs complexes

**Volume horaire:** 11h de CM - 12h de TD - 44h de TP

**Description**

Ce module s'inscrit à la suite du module du 2ème semestre de M1 intitulé « Phylogénie et évolution des génomes » et du module « analyses bioinformatiques et statistiques des polymorphismes » de M2. Les objectifs de ce modules sont : Spécialisation dans la caractérisation des polymorphismes, les analyses phylogénétiques et en génétique des populations afin d'analyser des problèmes évolutifs complexes.

Le module comprend une partie expérimentale, et une partie analyse in silico avec l'analyse phylogénétique, la modélisation de processus évolutifs complexes, et les tests d'hypothèses. Deux approches seront utilisées dans ce cours: la première est une connaissance poussée de la méthodologie (quelle méthode, pourquoi, comment), la deuxième partie permettra aux étudiants d'utiliser leur bagage théorique afin de démontrer les limites de certain concept évolutif (par exemple la notion d'espèce).

Nous ferons un complément en génétique des populations, qui est à la base de la théorie de la microévolution. Le nombre de séquences moléculaires par individu ainsi que les données sur les génomes entiers se font de plus en plus nombreux, On parle aujourd'hui de génomique des populations.

I Méthodes pour l'identification des polymorphismes dans les populations

Microsatellites et polymorphismes simples : génotypage

Séquençage à moyen ou très haut débit

II. Approfondissement des méthodes

Evolution des génomes, brassage d'exon et évolution concertée.

Duplication à grande échelle des génomes (ancienne et récente).

Paralagon, sythénie conservée.

Pression de sélection et shift fonctionnel (sélection par branche).

Datation moléculaire

Test de l'évolution parallèle et convergente.

Inférence bayésienne et maximum de vraisemblance.

III. Identification de scénarios évolutifs :

Il s'agit d'un TP-TD sur la notion d'espèce dans le règne animal. Nous nous proposons d'étudier la divergence génétique entre deux espèces de Téléostéen et le brassage génétique possible entre celles-ci dans des conditions environnementales anthropisées. Nous identifierons les espèces parentes et leurs hybrides à l'aide de séquences de l'ADN mitochondrial ( cytochrome b) et de marqueurs microsatellites dont les régions flanquantes sont homologues avec une espèce modèle (le Danio rerio). Nous étudierons la diversité génétique des deux espèces à l'aide de Réseaux d'haplotypes. Nous ferons de la datation moléculaire des haplotypes, et estimerons les niveaux d'introgession des deux génomes. Les régions introgréssées seront identifiées et cartographiées sur le génome du danio.

Une partie humide est proposée aux étudiants afin qu'ils génotypent eux meme les individus « purs » et « hybrides ». La partie in silico permettra aux étudiants d'analyser leurs propres données.

**Remarques :**

Ouvrages consultables :

Guy Perrière et Céline Brochier, Concepts et Méthodes En Phylogénie Moléculaire, (Springer Verlag, 2010)

Hartl D.L. & Clark A.G. Principles of Population Genetics. (Sinauer Associates, Inc, 1997)

Hedrick P. W. Genetics of populations. (Jones and Bartlett Publishers, third edition, 2005)