

Introduction à la Phylogénie Moléculaire : Concepts, méthodes et interprétation

Du 13 au 18 Decembre 2021

Enseignants :

A. Criscuolo, C. Dauga, J. Guglielmini, F. Lemoine, N. Taib, A. Zhukova
Département de Biologie Computationnelle
Institut Pasteur

G. Perrière

UMR CNRS 5558 - LBBE "Biométrie et Biologie Évolutive"
Université Claude Bernard Lyon 1

PROGRAMME :

9 :00 Accueil (A Criscuolo, C. Dauga, J. Guglielmini, F. Lemoine, N.Taib, A. Zhukova)

J1: Introduction à la Phylogénie

9:30 – 11:00 Introduction (J Guglielmini)
Histoire, définitions, principes et méthodes

11:30 – 13:00 Travaux Pratiques
De l'échantillon à la construction d'arbres phylogénétiques
Dessin et manipulation des arbres : SeaView

J1: Mathématique des arbres

14:00 – 15:30 Théorie (A. Zhukova)
Mathématique (simple) des arbres.
Construction et comparaison d'arbres : aspect combinatoire

16:00 – 17:30 Exercices

J2: Méthodes de Distance

9:30 – 11:00 Théorie (A. Criscuolo)

Inférence phylogénétique à partir de distances évolutives

Propriétés des distances d'arbre. Algorithme UPGMA : limitations importantes. Critères LS et ME : principe et algorithmes. Algorithmes agglomératifs : schéma général, critères d'agglomération, NJ et ses descendants.

11:30 – 13:00 Travaux Pratiques

Reconstructions phylogénétiques à l'aide de distances évolutives estimées à partir d'alignements multiples de séquences ou entre génomes.

J2: Approches par Maximum de Parcimonie

14:00 – 15:30 Théorie (F Lemoine)

Méthode de parcimonie

Caractères discrets, calcul de la parcimonie d'un arbre, construction d'un arbre parcimonieux, propriétés de la parcimonie et bootstrap.

16:00 – 17:30 Exercices et travaux pratiques

Exercices sur les arbres et leurs propriétés. Construction et comparaison d'arbres parcimonieux.

J3: Méthodes de Maximum de Vraisemblance

9:30 – 11:00 Théorie (J. Guglielmini)

Principes de base, calcul de la vraisemblance d'un arbre, construction d'un arbre vraisemblable, supports de branche rapides (aLRT, aBayes ...)

11:30 – 13:00 Exercices et Travaux Pratiques

Reconstruction phylogénétique par maximum de vraisemblance : PhyML, SeaView.

Choix du modèle d'évolution : tests AIC/BIC

J3: Datation et Phylogéographie

14:00 – 15:30 Théorie (A Zhukova)

Horloges moléculaires stricte et relâchée, tests (RTT, randomisation). Reconstruction de caractères ancestraux pour la phylogéographie

16:00 – 17:30 Exercices et Travaux Pratiques

RTT avec TempEST, datation avec LSD2, phylogeographie avec PastML.

J4: Approches Bayésiennes

9:30 – 11:00 Théorie (G. Perriere)

Théorème de Bayes : *posterior, vraisemblance, prior et facteur de Bayes. Intégration Monte Carlo, algorithme de Metropolis, mouvements et échantillonnage MCMC.*
Reconstruction phylogénétique Bayésienne.

11:30 – 13:00 Exercices et Travaux Pratiques

Reconstruction phylogénétique par MrBayes

J4: Inférence des forces sélectives

14:00 – 15:30 Théorie (G. Perriere)

Processus évolutifs

Les différents types et intensité de la sélection naturelle. Modèles à codon. Estimation du rapport dN/dS. Modèles par sites, par branche, par branche et site.

16:00 – 17:30 Exercices et Travaux Pratiques

Détection de sélection positive : PAML (codeml), serveur Selecton (<http://selecton.tau.ac.il/>).

J5: Choix des Méthodes et Interprétation

9:30 – 11:00 Théorie (C. Dauga)

Interpréter un arbre phylogénétique.

Artéfacts (saturation, GC ..), gestion des conflits phylogénétiques (transferts, recombinaisons ..), ...

11:30 – 13:00 (Théorie et travaux Pratiques)

Construction d'arbres par 4 méthodes et interprétation des résultats

J5 : Phylogénomique

14:00 – 15:30 Théorie (N. Taib)

Reconstruction de l'histoire évolutive des espèces à partir des données génomiques : analyses phylogénétiques à grande échelle évolutive.

16:00 – 17:30 Travaux Pratiques

Reconstruction de phylogénies multigéniques : choix des marqueurs universels, construction de supermatrices, minimiser les artéfacts