

Formation avancée en phylogénie moléculaire

Programme synthétique

Objectif : Donner les moyens aux participants de tester des hypothèses et d'ajuster des modèles permettant de comprendre l'évolution à l'échelle moléculaire.

Intervenants : E. Douzery, S. Guindon, V. Lefort, B. Linard, S. Alizon (?), F. Chevenet (?), D. Fargette (?)

J 1 – Génétique des populations, sélection, datation (CO : 3h30, TP : 2h30)

09:15 – 09:30 – Accueil.

09:30 – 09:45 – Présentation de la formation, discussion avec les stagiaires, point sur leurs attentes.

09:45 – 10:30 – C01 - Phylogénétique et génétique des populations.

10:45 – 12:15 – C02 - Détection de sélection positive.

13:30 – 14:45 – TP02 - Détection de sélection positive.

15:00 – 16:15 – C03 - Datation.

16:15 – 17:30 – TP03 - Datation : BEAST, Tracer.

J 2 – La phylogénie à l'ère des NGSs (CO : 3h30, TP : 3h30)

09:00 – 10:15 – C04 - Phylogénomique.

10:30 – 11:45 – TP04 - Super-arbres et super-matrices, réconciliations.

11:45 – 12:45 – C05 - Visualisation de l'information en phylogénie.

14:00 – 15:00 – TP05 - Visualisation.

15:15 – 16:30 – C06 - Placement phylogénétique.

16:30 – 17:45 – TP06 - Placement phylogénétique.

J 3 – Phylogénie et épidémiologie (CO : 2h00, TP : 3h00)

09:00 – 10:00 – C07 – Bases épidémiologiques (modèles en compartiments, ODE, applications).

10:00 – 11:00 – TP06 – Simulations selon une variété de modèles épidémiologiques.

11:00 – 12:00 – C08 – Phylodynamique : combiner épidémiologie et évolution

13:30 – 15:30 – TP07 – BEAST2 : inférence bayésienne en phylodynamique.

TOTAL : (CO : 9h, TP : 9h) soit 18h.