

# Formation de base en phylogénie moléculaire

## Programme synthétique

Objectif : Savoir inférer un arbre et l'interpréter

Intervenants : A.-M. Arigon-Chifolleau, S. Guindon, V. Lefort, F. Pardi

### **J 1 – Pré-requis (CO : 3h, TD : 1h, TP : 2h)**

09:00 – 09:15 – Accueil.

09:15 – 09:30 – Présentation de la formation, discussion avec les stagiaires, point sur leurs attentes.

09:30 – 10:15 – C01 - Introduction à la phylogénie.

10:30 – 11:00 – TD00 - Ligne de commande Linux.

11:00 – 11:30 – TD01 - Newick.

11:30 – 12:00 – TP01 - Dessin d'arbres.

13:15 – 14:30 – C02 - Alignements multiples et nettoyage.

14:30 – 15:30 – TP02 - Alignements multiples et nettoyage.

16:00 – 17:00 – C03 - Modèles d'évolution.

17:00 – 17:30 – TP03 - Choix de modèles.

### **J 2 – Distance, parcimonie, supports de branche (CO : 4h15, TD : 0h45, TP : 1h)**

09:00 – 10:15 – C04 - Définitions et propriétés des arbres.

10:15 – 11:00 – C05 - Méthodes de parcimonie.

11:15 – 11:30 – TD05 - Calculer le score de parcimonie.

11:30 – 12:30 – C06 - Méthodes de distance.

14:00 – 14:30 – TD06 - Méthodes de distance.

14:30 – 15:45 – C07 - Méthodes statistiques : supports de branches.

16:15 – 17:15 – TP06 - Distance, parcimonie, bootstraps, tests.

### **J 3 – Méthodes de maximum de vraisemblance et bayésienne (CO : 2h15, TD : 0h15, TP : 2h30)**

09:00 – 10:30 - C08 - Maximum de vraisemblance.

10:45 – 11:00 - TD08 - ML.

11:00 – 12:00 - TP08 – ML.

13:15 – 14:00 - C09 - Reconstruction phylogénétique Bayésienne.

14:00 – 15:30 - TP09 - Méthode Bayésienne.

**TOTAL : (CO : 9h30, TD : 2h, TP : 5h30) soit 17h.**