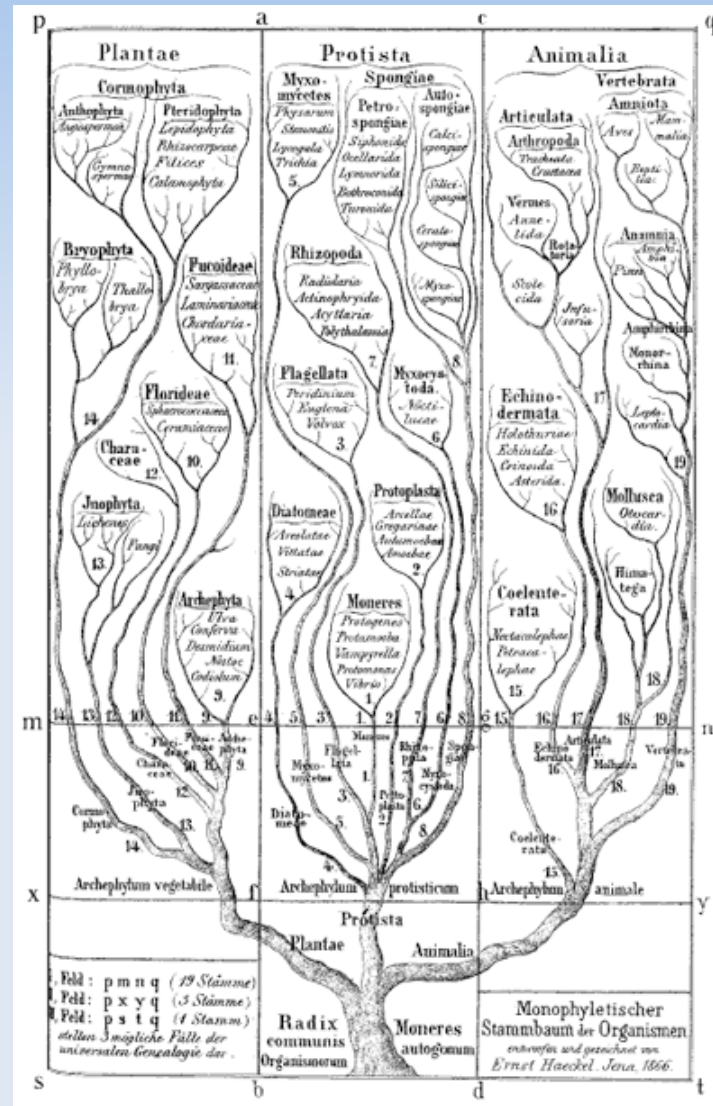


Reconstruction de la phylogénèse des souris de laboratoire



Assistant: Micha Hersch, micha.hersch@unil.ch

Contexte

Les différences génétiques sont dues à la diversification et à la sélection naturelle.

Différentes méthodes ont été développées pour reconstruire la phylogénèse à partir des différences génétiques (SNPs).

Les mêmes méthodes peuvent être utilisées pour analyser des gènes.

Exemple simple

4 souches S1, S2, S3, S4 avec génome à 6 SNPs

Souche S1: ACTTGG

Souche S2: AATTGG

Souche S3: AAGTGG

S1 — S2 — S3

Souche S4: AATTGC

Souche S4: AAGTGC

S1 — S2 — S3

|
S4

S1 — S2 — S3

|
S4

But

Comprendre, utiliser et comparer certaines de ces méthodes pour la reconstruction de la phylogénèse des souris.

Appliquer ces méthode pour "cartographier" différents gènes.

Etablir si certains gènes ont tendance à évoluer ensemble.

Apprentissage

Les mathématiques utilisées pour la reconstruction phylogénétique (statistiques)

La manipulation de données biologiques avec matlab

Aperçu d'une recherche en bio-informatique