

Objectifs à atteindre à la fin du cours BIOL-F409 (partie P. Mardulyn), et qui seront évalués lors de l'examen

Attention: bien que les objectifs soient regroupés ci-dessous par chapitre, les questions d'examen concernent souvent simultanément plusieurs objectifs, qui peuvent provenir de chapitres différents.

Chapitre 1

- décrire l'organisation des génomes
- expliquer les mécanismes principaux impliqués dans l'évolution des génomes
- expliquer les hypothèses qui peuvent expliquer la grande variation de taille des génomes, et l'absence de corrélation entre taille du génome et taille du transcriptome
- décrire la théorie neutraliste de l'évolution, y compris l'hypothèse de l'horloge moléculaire, et les arguments en sa faveur
- expliquer comment l'observation d'un motif de variation génétique donné peut être interprété dans le cadre de la théorie neutraliste de l'évolution
- comparer les modèles de mutations et identifier les marqueurs auxquels ils peuvent s'appliquer

Chapitre 2

- comprendre et différencier les notions de locus, allèle, copie de gène, génotype, et individu
- comparer les avantages et inconvénients de différents marqueurs pour une application spécifique
- identifier les marqueurs les plus appropriés pour résoudre un problème précis en génétique des populations, et justifier ce choix
- à partir de l'observation d'un résultat brut (par exemple, gel d'électrophorèse pour une protéine enzymatique, un chromatogramme de séquence (séquençage ADN) ou de fragments microsatellites amplifiés), en déduire les génotypes correspondants
- identifier le(s) modèle(s) de mutation le(s) mieux adapté(s) à chaque type de marqueur, et justifier ce choix
- comparer les caractéristiques des génomes mitochondriaux, chloroplastiques, et nucléaires;

identifier les différences et les implications pour la génétique des populations

Chapitre 6

- définir une généalogie de gène
- décrire le processus qui mène à l'établissement d'une généalogie de gène, en remontant le temps, mais aussi dans le sens normal de l'évolution (du passé vers le présent)
- faire le lien entre processus de coalescence et dérive génique
- identifier les sources de variation de la forme d'une généalogie pour un modèle démographique défini
- identifier les facteurs qui influencent la forme d'une généalogie de gène
- partant d'une histoire démographique définie (une ou plusieurs populations), prédire l'impact d'un changement de cette histoire sur la forme de la généalogie (dans le cas de modèles relativement simples, comme ceux examinés au cours de la séance d'exercice sur ordinateur)
- estimer le temps moyen de coalescence pour un set de séquences (copies de gène) échantillonnées, dans un contexte défini
- estimer la probabilité de coalescence d'un set de séquences à une génération donnée
- estimer le nombre moyen de mutations qui sépareront deux séquences prélevées de façon aléatoire dans une population
- expliquer, dans un contexte démographique défini, les différences et/ou similarités observées entre les généalogies caractérisant deux fragments différents d'un génome
- différencier la notion de l'âge du nœud ancestral le plus récent d'un ensemble de séquences échantillonnées de celle du temps de séparation entre ≥ 2 populations
- identifier les hypothèses historiques (démographie) compatibles/incompatibles avec une ou plusieurs généalogie(s) de gène, et justifier ce choix

Chapitre 7

- dessiner le réseau d'allèle correspondant à une généalogie de gène, sur laquelle les événements de mutation ont été indiqués
- identifier si un réseau d'allèle est compatible avec une généalogie de gène donnée, et

expliquer pourquoi

- identifier les hypothèses historiques (phylogéographiques) compatibles/incompatibles avec une ou plusieurs généalogie(s) de gène (ou réseau(x) d'allèles), et justifier ce choix
- interpréter la comparaison de ≥ 2 généalogies de gène (ou réseaux d'allèles) pour un même échantillon d'individus
- interpréter la comparaison d'une ou de plusieurs généalogies de gène (ou réseau(x) d'allèles) entre plusieurs espèces partageant une distribution géographique semblable

Chapitre 8

- comparer les approches de maximum de vraisemblance et bayésienne pour l'estimation de paramètres évolutifs
- identifier les méthodes/modèles appropriés pour estimer un paramètre démographique spécifié, dans un contexte défini, et justifier ce choix; identifier dans ces cas les hypothèses sur lesquelles chaque méthode/modèle repose pour l'estimation
- interpréter les résultats obtenus par une des méthodes d'estimation décrite au chapitre 8.
- pour un échantillon de séquences, interpréter une éventuelle différence entre les fréquences alléliques observées et celles attendues sous l'hypothèse neutre
- pour un échantillon de séquences prélevées dans un contexte géographique défini, calculer et interpréter la valeur du D de Tajima

Chapitre 9b

- décrire comment la sélection peut accélérer ou ralentir l'évolution d'un gène le long d'une lignée phylogénétique
- identifier le ou les test(s) le(s) plus approprié(s) pour mettre en évidence la sélection, dans un contexte donné (y compris certaines méthodes du chapitre 8) ; justifier ce choix
- comparer les méthodes permettant de mettre en évidence la sélection (y compris certaines méthodes du chapitre 8)
- réaliser un test McDonald-Kreitman sur un jeu de données fourni (voir exercices chapitre 9b), et interpréter les résultats

- interpréter le résultat d'un test HKA
- interpréter le résultat d'un test d_N/d_S

Chapitre 10b

- identifier les marqueurs les plus appropriés et les analyses à mettre en œuvre pour optimiser la conservation d'une espèce menacée ; justifier ce choix
- de manière générale, expliquer comment les concepts de génétique des populations vus au cours peuvent aider à prendre des décisions pour gérer au mieux un écosystème et/ou une espèce