

Journée Charles Hermite – Inférence Ancestrale et Relations Évolutives en Biologie

Jeudi 5 Septembre - INRIA - Amphi C

Depuis la mise au point de méthodes de séquençage intensives du génôme d'individus d'une population, une grande quantité de données moléculaires peuvent être utilisées pour reconstruire la généalogie entre des individus et plus généralement l'histoire évolutive des populations. Pour chaque type de question biologique (reconstruction de phylogénie, reconstruction de génomes ancestraux, estimation de paramètres évolutifs...), les méthodes statistiques d'inférence ancestrale ou de phylogénétique correspondantes ont reçu un fort développement ces dernières années. Cette journée scientifique de la Fédération Charles Hermite se propose de montrer un panorama des progrès récents dans ce domaine.

Programme Prévisionnel:

10.15 Reception / Cafe

10.40 Welcome / Introduction

10.45

Olivier Gascuel - "Reconstruire les séquences et caractères ancestraux"

LIRMM, Univ. Montpellier 2

gascuel@lirmm.fr

<http://www.lirmm.fr/~gascuel/recherche.html>

11:30

Stéphane De Mita – "Modélisation de l'histoire et de la structure des populations"

UMR 1136 IaM, INRA et Université de Lorraine

stephane.demita@nancy.inra.fr

http://mycor.nancy.inra.fr/EFPFteam/?page_id=19

12.15 - 13:45 Déjeuner

13:45

Guy Perrière – "L'approche bayésienne dans la reconstruction phylogénétique"

CR,CNRS - LBBE, UCB Lyon 1

guy.perriere@univ-lyon1.fr

<http://lbbe.univ-lyon1.fr/-Perriere-Guy-.html>

14:30 Michaël Blum – "Bayesian principal component analysis for detecting genes involved in Darwinian selection"

CR CNRS - Université Joseph Fourier Grenoble

michael.blum@imag.fr

<http://membres-timc.imag.fr/Michael.Blum/>

15.15 - 15:30 Pause café

15:30

Samuel Blanquart – "From phylogenetic inferences to the estimation of ancestral biological properties"

CR INRIA - LIFL, Université Lille 1

samuel.blanquart@inria.fr

<http://www.lifl.fr/bonsai/people>

16:15 – End
