

Partager



Email destinataire :

Vous devez renseigner un email valide

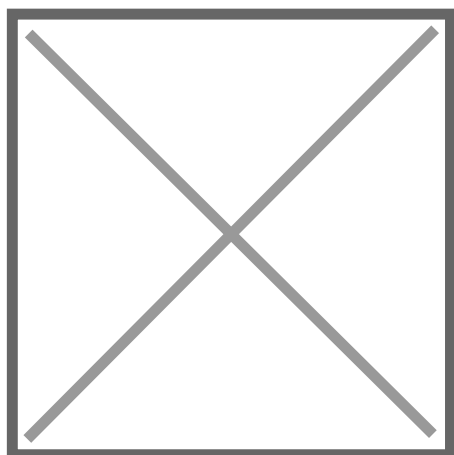
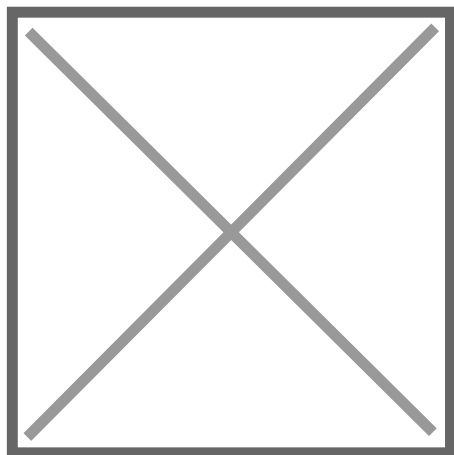
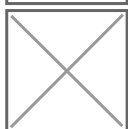
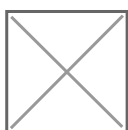
Envoyer

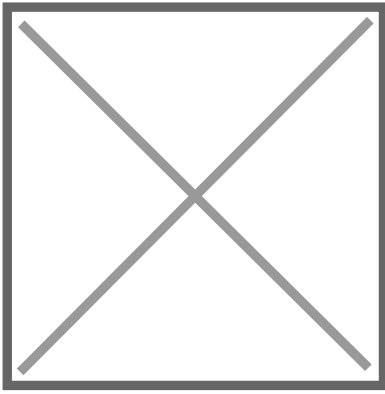
Une erreur est survenue. Merci de réessayer ultérieurement

Le mail de partage a bien été envoyé.

Ajouter au comparateur

M2 Evolution des Génomes, des Populations et des Espèces : Données et Modèles (EvoGEM)





Master

Mention Biodiversité, Ecologie et Evolution

Régime(s) d'inscription

Formation initiale Formation continue

Langue(s) d'enseignement

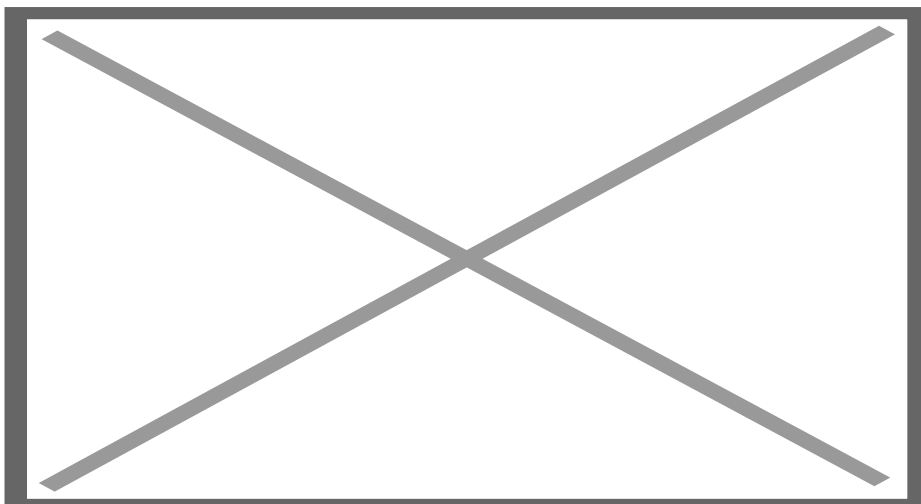
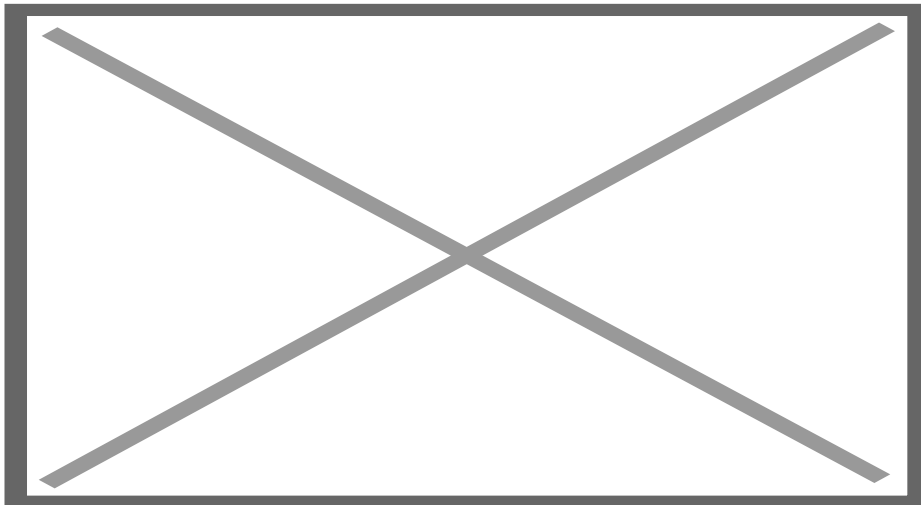
Anglais Français

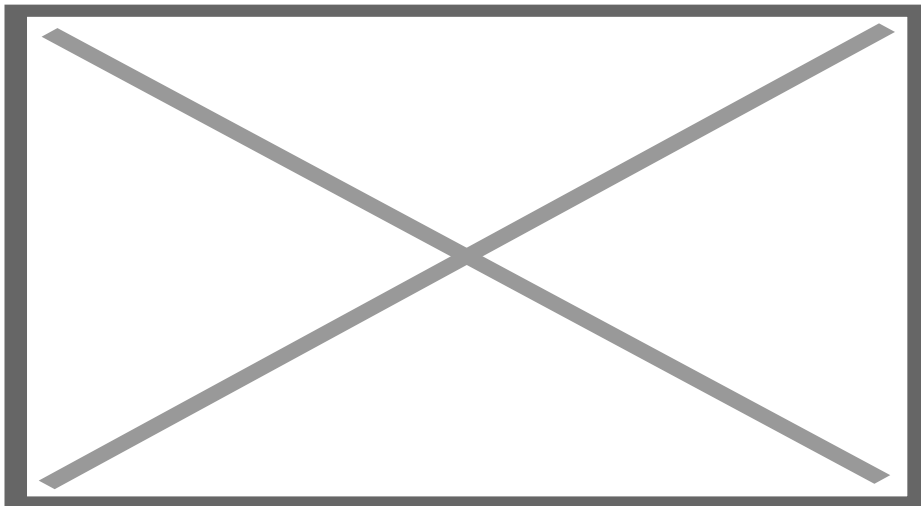
Master 2 en Génétique de l'évolution

3 UE de remise à niveau (Mathématiques, Biologie, Informatique) sans ECTS, 6 UE de Semestre 1 (Théorie de l'évolution, Modèles aléatoires en écologie et évolution, Génétique des populations, Génétique quantitative, Analyses comparées en phylogénie, Mathématiques avancées pour la génétique de l'évolution, Projet transversal), puis Stage au Semestre 2.

[Télécharger la fiche détaillée](#)

[Je candidate](#)





■ ■

Informations

- [Présentation](#)
- [Admission](#)
- [Programme](#)

Présentation

Compétences

Une solide culture générale en évolution

Objectifs pédagogiques de la formation

L'approche génomique a révolutionné presque tous les domaines des sciences du vivant avec des applications en médecine, en épidémiologie, en écologie, en microbiologie, en sélection variétale, en biologie de la conservation. Plus que jamais, les recherches dans ces domaines s'appuient sur les sciences de l'évolution et nécessitent des développements théoriques et méthodologiques conséquents. Ces développements sont indispensables pour intégrer la complexité et l'hétérogénéité des données, et pour affiner notre compréhension des mécanismes de l'évolution à l'échelle des populations, des espèces et des écosystèmes. Le M2 EvoGEM a pour objectif d'acquérir une expertise solide en génétique de l'évolution, avec une spécialisation sur la modélisation, les mathématiques, la bioinformatique, et la génomique. EvoGEM est construit en collaboration avec quatre autres établissements franciliens. L'implication de chercheurs dans la formation permet de renforcer le continuum formation-recherche.

Débouchés

Professionnels

Après un Master ou Master + Doctorat : chercheur ou enseignant-chercheur

Après un Master ou Master + Doctorat : ingénieur (recherche-développement, contrôle, production...) dans les domaines santé, pharmacie, agroalimentaire, biotechnologies, instruments et réactifs, cosmétique, dépollution et environnement

Secteurs d'activité : recherche fondamentale ou appliquée en Biologie, Santé ou Écologie dans le monde académique ou dans le secteur privé

Après Master + Doctorat : chercheur ou enseignant-chercheur

Chargé de mission environnement / biodiversité

Chef de projet environnement / biodiversité

Expert naturaliste

Poursuite d'études

Doctorat en écologie / évolution / fonctionnement des écosystèmes PhD en écologie, évolution

Admission

Capacité d'accueil

Places

20

Public visé et prérequis

Cette formation s'adresse aux étudiants français et étrangers des universités et des écoles d'ingénieur des filières mathématiques, informatique ou biologie, ayant démontré un intérêt selon leur origine soit pour la biologie, soit pour la modélisation et le traitement des données. Il faut donc :

- Être titulaire d'un M1 en sciences de la vie ou équivalent et avoir de bonnes aptitudes en mathématiques et informatique (programmation et utilisation de logiciels) ou
- Être titulaire d'un M1 en mathématiques / physique / informatique avec un goût prononcé pour les problématiques biologiques.

Période(s) de candidature

Plateforme Inception

Du 01/05/2026 au 30/06/2026

Pièces justificatives

Obligatoires

Lettre de motivation.

Liste des autres masters demandés (hors Saclay).

Tous les relevés de notes des années/semestres validés depuis le BAC à la date de la candidature.

Curriculum Vitae.

Descriptif détaillé et volume horaire des enseignements suivis depuis le début du cursus universitaire.

Facultatives

Lettre de recommandation d'un maître de stage.

Dossier VAPP (obligatoire pour toutes les personnes demandant une validation des acquis pour accéder à la formation) <https://www.universite-paris-saclay.fr/formation/formation-continue/validation-des-acquis-de-lexperience>.

Document justificatif des candidats exilés ayant un statut de réfugié, protection subsidiaire ou protection temporaire en France ou à l'étranger (facultatif mais recommandé, un seul document à fournir) :

- Carte de séjour mention réfugié du pays du premier asile
- OU récépissé mention réfugié du pays du premier asile
- OU document du Haut Commissariat des Nations unies pour les réfugiés reconnaissant le statut de réfugié
- OU récépissé mention réfugié délivré en France
- OU carte de séjour avec mention réfugié délivré en France
- OU document faisant état du statut de bénéficiaire de la protection subsidiaire en France ou à l'étranger.

Justificatif de comparabilité de diplômes (obligatoire pour les étudiants ne pouvant justifier d'un diplôme de Licence universitaire) <https://www.enic-naric.net/>.

Programme

Bloc 0 («Remise à niveau»)

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Informatique (Info 0)	0	Semestre 1	2		21						

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

Informatique (Info 0)

ECTS : 0

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 2

Travaux pratiques : 21

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

This programming course is intended for students from any background.

Programme / plan / contenus

Concepts covered include navigating and managing files under Unix, executing commands on the command line, and automating repetitive tasks. In Python, fundamental syntax, control structures (conditions and loops) and common data structures such as lists, tuples and dictionaries will be taught, as well as basics of programming in R, focusing on data analysis and manipulation, the use of packages, and the creation of reproducible scripts.

Objectifs d'apprentissage

This course introduces students to the basics of computer programming through the use of three essential environments: Unix, Python and R. This course aims to develop a practical understanding of programming tools and to foster autonomy in solving common computing problems.

Organisation générale et modalités pédagogiques

Location: Sorbonne Université, Campus Jussieu (Paris 5)

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[Mathématiques
\(Math 0\)](#)

0

Semestre 1 21

15

Mathématiques (Math 0)

ECTS : 0

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 21

Travaux dirigés : 15

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Expected mathematical proficiency after completing an M1 in Biology and a liking for and interest in mathematical formalism.

Programme / plan / contenus

Linear Algebra: Notions of matrices and vectors, matrix calculations, usual matrix properties, inversion, diagonalization.

Probability Basics: Random variables and common probability distributions, expected value and variance, convergence in distribution, central limit theorem, and law of large numbers. Properties of random vectors and matrices, Markov chains.

Statistics: Inference, likelihood, linear models, multivariate analyses (PCA, DFA, ...), introduction to Bayesian approaches.

Ordinary Differential Equations: Review of derivatives and integrals, concept of differential equations, solving a simple linear equation, system of differential equations, notion of dynamic equilibrium in systems.

Objectifs d'apprentissage

This teaching unit aims to consolidate/revise basic knowledge in mathematics and statistics. The objective is to recall the use of mathematical formalisms, especially matrix notation, review fundamental elements of probability and statistical inference, introduce Bayesian approaches, and revise basic concepts in the treatment of ordinary differential equations.

Organisation générale et modalités pédagogiques

Location: Sorbonne Université, Campus Jussieu (Paris 5)

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Biologie (Bio 0)	0	Semestre 1	13								
■											

Biologie (Bio 0)

ECTS : 0

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 13

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

There is no pre-requisite for this course.

Programme / plan / contenus

Genetic basics – 2 h

Reproduction & heredity – 2h

Metabolism & Developpement- 2h

From genes to genomes – 3h

Regulation of gene expression – 2h

Systematic & biodiversity – 1h30

Conference – 2h

Objectifs d'apprentissage

This biology refresher course is intended for students from Mathematics and Computer Science backgrounds. It aims to acquire and/or consolidate basic knowledge in cellular and molecular biology, developmental biology, genetics, and genomics. We also illustrate, through examples, how data derived from ‘omics’ technologies can address fundamental questions in evolutionary biology, as well as current challenges related to health and threats to biodiversity.

Organisation générale et modalités pédagogiques

Location: Sorbonne Université, Campus Jussieu (Paris 5)

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Bloc 1 («Biologie de l'évolution»)

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
----------	------	----------	-------	----	----	--------------	--------------	-----------	---------------	--------	---------

Théorie, modèle et explication scientifique en sciences de l'évolution (EVO)

ECTS : 3

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 27

Projet : 3

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Objectifs d'apprentissage

To propose a general framework for work in evolutionary biology, starting from a historical and epistemological approach and using examples from contemporary work to address the major issues of the 21st century. To understand how theories and models shape the constitution of data sets and, conversely, how data challenges established theories and models.

Organisation générale et modalités pédagogiques

Location: Museum National d'Histoire Naturelle (Paris 5)

Nature de l'évaluation

Evaluation Terminale

[Génomes,
Populations,
eSpèces \(GPS\)](#)

6

Semestre 1 34.5 6 7.5



Génomes, Populations, eSpèces (GPS)

ECTS : 6

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 34.5

Travaux pratiques : 7.5

Travaux dirigés : 6

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

- Biology basic knowledge.
- Genetics & mathematics fundamentals.

Programme / plan / contenus

- Evolution of genetic polymorphism at one locus in a neutral Wright-Fisher model.
- Consequences of diploidy and influence of mating systems.
- Multilocus polymorphism and recombination.
- Bayesian statistics in population genetics
- Polymorphism in meta-populations and speciation.
- Evolution of polymorphism under selection.
- Introduction to molecular evolution.

Objectifs d'apprentissage

This course will address the fundamental processes that are at work in evolution through the lens of population genetics and molecular evolution. It will devote time to statistical inferences based on the patterns of polymorphisms in sequence data. The intended participants are students motivated by the understanding of evolutionary processes and not entirely reluctant to theoretical models.

Organisation générale et modalités pédagogiques

Location: Ecole Normale Supérieure PSL and/or Collège de France (Paris 5)

Nature de l'évaluation

Evaluation Terminale

Génétique	6	Semestre 1	24	24
Quantitative (GQ)				



Génétique Quantitative (GQ)

ECTS : 6

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 24

Travaux dirigés : 24

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

To be able to follow this course, there must be an understanding of Mendelian genetics and population genetics. Familiarity with linear models, probability theory, matrix algebra, R and/or is highly recommended.

Programme / plan / contenus

Heritability, additive genetic variance, infinitesimal model, relatedness, dominance, epistasis, linear mixed models, animal model, selection gradients and intensity, G matrix, M matrix, adaptive landscapes, genome-wide association analysis, genomic prediction, polygenic scores, polygenic adaptation

Objectifs d'apprentissage

This course offers an in-depth exploration of quantitative genetics, building on foundational knowledge in biology, mathematics, and genetics. It focuses on the genetic basis of complex traits influenced by many genes. Students will be introduced to core quantitative genetic models, including the partitioning of phenotypic variance and the concept of heritability. Key statistical approaches will be covered, such as the use of animal models to estimate variance components, and theoretical frameworks like the Price-Robertson identity to understand selection and evolutionary responses. The course will also delve into advanced topics including genomic selection, genome-wide association studies (GWAS), and multivariate evolution through the study of the G-matrix, M-matrix, and adaptive landscapes. Emphasis will be placed on the application of quantitative genetic tools in interpreting experimental evolution and investigating adaptation in natural populations, particularly in the context of global environmental change. A significant portion of the second week will be dedicated to hands-on mathematical and computational modeling of quantitative trait evolution, guided through tutored projects.

Modalités pédagogiques particulières

Location: Université Paris-Saclay, site IDEEV (Gif-sur-

Approches

Comparatives

Phylogénétiques

(ACP)

6

Semestre 1 27

21



Approches Comparatives Phylogénétiques (ACP)

ECTS : 6

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 27

Travaux pratiques : 21

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Biology: basic knowledge of evolutionary processes (mutation, selection, genetics) and of biodiversity description (taxon, species, population).
Probability: Markov chains, likelihood

Programme / plan / contenus

- Database and alignments
- Phylogenetic inference : distances, maximum parsimony, maximum likelihood, bayesian inference, dating a phylogeny
- Phylogenomics and comparative genomics
- Post-tree analysis : species delimitation, ancestral state reconstruction and trait evolution, correlations, detecting selection, phylodynamics, diversification models
- Beyond trees : reticulated evolution, hybridization and introgression

Objectifs d'apprentissage

The aim of this module is to cover advanced notions in phylogenetics, from simple tree reconstruction algorithms to more complex phylogenomic methods. A great deal of the module will also cover post-phylogenetic analyses, such as trait evolution, diversification models or introgression detection.

Modalités pédagogiques particulières

Location: Université Paris-Cité, site Grands Moulins (Paris 13)

Nature de l'évaluation

Evaluation Terminale

Bloc 2 («Mathématiques»)

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
<u>Modélisation mathématique Avancée pour la Génétique Evolutive (MAGE)</u>	3	Semestre 1	27								

Modélisation mathématique Avancée pour la Génétique Evolutive (MAGE)

ECTS : 3

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 27

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Math 0 and MAEE (Stochastic Models in Ecology and in Evolution)

Programme / plan / contenus

Lecture 1 (AL): Cannings model, coalescent, infinite-site model, infinite-allele model, Ewens sampling formula, Chinese restaurant process.

Lecture 2 (SR): Multivariate methods: dimension reduction (PCA), clustering (hierarchical, k-means, mixture models).

Lecture 3 (AL): Brownian motion, diffusion theory, stochastic differential equations, infinitesimal generator, hitting probabilities, Feller diffusion, Wright-Fisher diffusion.

Lecture 4 (AL): Coupling gene genealogies: ancestral recombination graph, sequential Markov coalescent.

Lecture 5 (TMH): Mixed models : Random effects, ReML inference, hypothesis testing for variance components and random effect prediction (BLUP).

Lecture 6 (TMH): GWAS : Oligogenic and polygenic models, random effect model accounting for relatedness, multiple testing.

Lecture 7 (SR): State space models: hidden Markov models (HMM), STRUCTURE, sequence evolution models.

Lecture 8 (AL): coalescent of birth-death processes, Luria-Delbrück distribution, $1/k^2$ SFS.

Lecture 9 (AL): Trait evolution on a tree, phylogenetic covariance matrix.

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Modèles aléatoires en Ecologie et en Evolution	3	Semestre 1	15	12							

Modèles aléatoires en Ecologie et en Evolution

ECTS : 3

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 15

Travaux dirigés : 12

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

- **Prerequisites:**
- A student enrolling in the course should know:
- what a matrix is and the elementary operations that apply to it (multiplication, diagonalization, inversion);
- what a discrete and continuous random variable is, and the related concepts (law, density, distribution function, expectation, variance);
- Knowledge of deterministic models of evolution, notably based on ordinary differential equations, is a plus;
- For those who are interested in the course but for whom these notions are unknown or remote, don't panic: you can acquire this knowledge by first taking the DYST module.\

Objectifs d'apprentissage

Contents:

Introduction to classical probabilistic dynamic models in ecology and evolution, i.e. Markov processes:

- in discrete time and space (Markov chains);
- in continuous time and discrete space (Poisson processes, birth and death);
- in discrete time and continuous space (Gaussian random walk);
- in discrete time and continuous space (Brownian motion and stochastic differential equations);

Goals:

At the end of the module, the student will be able to:

- Define classical probabilistic dynamical models (random walks, birth-and-death processes, coalescent, Brownian motion);
- Deduce Markov chain characteristics (ergodicity

Bloc 3 («Mise en situation professionnelle»)

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Projet transversal (PRO)	3	Semestre 1	8							12	
■											

Projet transversal (PRO)

ECTS : 3

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 8

Projet : 12

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Bio0/Maths0/Info0 and EVO modules

Objectifs d'apprentissage

The aim of this cross-disciplinary module is to introduce students to working with data and models by means of a tutored project

Organisation générale et modalités pédagogiques

Location: Museum National d'Histoire Naturelle, Paris

5

Nature de l'évaluation

Evaluation Terminale

[Stage](#) 30 Semestre 2

■

Stage

ECTS : 30

Semestre calendaire : Semestre 2

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Nature de l'évaluation

Evaluation Terminale

Contact(s)

- **Christine DILLMANN**
- **Pierre GERARD**

<http://www.universite-paris-saclay.fr/formation/master/biodiversite-ecologie-et-evolution/m2-evolution-des-genomes-des-populations-et-des-especes-donnees-et-modeles-evogem>