



EVO GEM

Évolution des **G**énomes,
des Populations et des **E**spèces : Données et **M**odèles

acquérir de solides bases en génétique de l'évolution, avec une spécialisation sur la modélisation, les mathématiques, la bioinformatique et la génomique.

Contexte

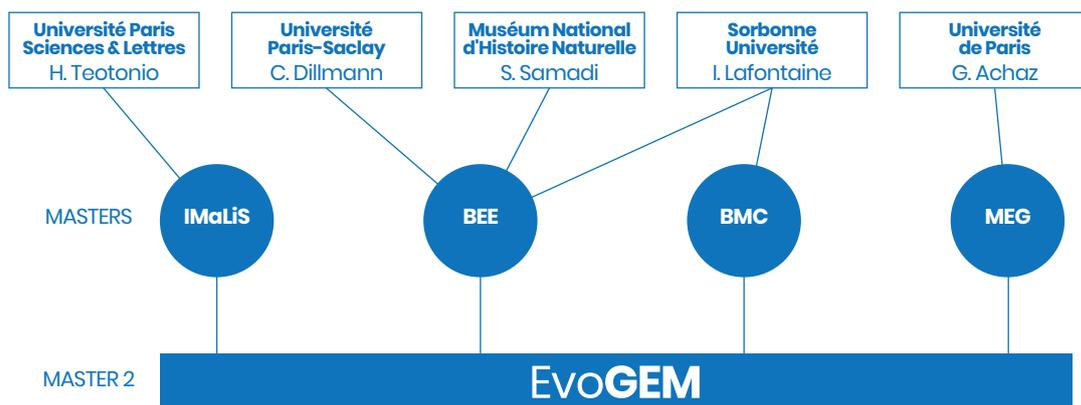
L'approche génomique a révolutionné presque tous les domaines des sciences du vivant avec des applications en médecine, en épidémiologie, en écologie, en microbiologie, en sélection variétale, en biologie de la conservation, etc. Plus que jamais, les recherches dans ces domaines s'appuient sur les sciences 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. En effet, l'interprétation des signatures du passé présentes dans les données génomiques repose sur des approches de modélisation en biologie faisant appel à l'informatique et aux mathématiques. EvoGEM est une formation pédagogique inter-établissements de deuxième année de Master en génétique évolutive sensu lato. EvoGEM propose une offre unifiée de formation théorique en génétique et génomique de l'évolution en Île-de-France en s'appuyant sur le vivier très important de chercheurs et enseignants-chercheurs travaillant en biologie théorique et en sciences de l'évolution au sein des différents établissements proposant cette formation : Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris Sciences & Lettres, Sorbonne Université, Université de Paris et Université Paris-Saclay.

Paysage préalable des offres

Il existe à l'heure actuelle une offre parcellaire dans les différents établissements en Île-de-France, mais aucun parcours ne regroupe explicitement les thématiques proposées par le Master 2 EvoGEM, regroupés en 5 blocs : Évolution, Modélisation, Génétique des Populations, Génétique Quantitative et Analyse Comparative Phylogénétique. Chacun des blocs se déroulera dans un des établissements de la formation, assurant la mixité entre les étudiants et les chercheurs de la région parisienne.

Intégration dans les établissements

EvoGEM sera ouvert dès septembre 2022 dans 5 établissements parisiens. Chacun de ces établissements diplômera ses étudiants. Bien que la formation ait été pensée dans sa globalité pour préparer les étudiants à une thèse dans le domaine de la génétique évolutive, les étudiants pourront choisir de ne suivre qu'une partie de la formation. La formation sera ouverte dans les différents masters de chaque établissement (cf. schéma ci-dessous).



Acronymes des Masters : IMaLiS, Interdisciplinary master's in life sciences; BEE, Biodiversité, écologie, évolution; BMC, Biologie moléculaire et cellulaire; MEG, Magistère Européen de Génétique.

Contenu

Le socle commun est constitué par 3 UE de 6 ECTS (2 semaines) et 4 UE de 3 ECTS (1 semaine).
Chaque UE pourra être suivie de façon indépendante, en ouverture dans un cursus de Master ou en Formation continue.

UE (Lieu de l'enseignement)	Acronyme	ECTS	Responsable
Théorie, modèle et explication scientifique en sciences de l'évolution (MNHN)	EVO	3	S. Samadi (MNHN) A. Barberousse (SU)
Modèles et outils mathématiques en biologie évolutive (SU)	MATHS 1	3	A. Lambert (ENS) C. Dillmann (UPSaclay)
Génétique des populations (ENS)	GPOP	6	P. Gérard (Agro-PT) G. Achaz (UP)
Génétique quantitative (UPSaclay)	GQ	6	H. Teotonio (ENS) C. Dillmann (UPSaclay) P. de Villemereuil (EPHE)
Connaissance approfondie des modèles (multi-site)	MATHS 2	3	A. Lambert (ENS) S. Robin (Sorbonne U)
Approches comparatives phylogénétiques (MNHN)	ACP	6	G. Achaz (UP) O. Gascuel (MNHN) N. Puillandre (MNHN)
Projet transversal (Rendu à l'UP)	Projet	3	O. Tenaillon (UP) S. Samadi (MNHN)

En fonction de l'origine des étudiants et sur examen de leur dossier, des UE de complément disciplinaires d'1 semaine sont proposées en tout début d'année (3 ECTS ou hors-contrat selon les déclinaisons dans les différents parcours).

Compléments en Informatique (SU)	INFO 0	-	I. Lafontaine (SU) P. de Villemereuil (EPHE) S. Mona (EPHE)
Compléments en Biologie (SU)	BIO 0	-	M. Tenaillon (UPSaclay) I. Lafontaine (SU)
Compléments en Mathématiques (SU)	MATHS 0	-	C. Dillmann (UPSaclay) P. de Villemereuil (EPHE)

Planning prévisionnel 2022-2023

Mois	Sem.	UE	Lieu	Remarque
Sept.	36	MATHS 0 / BIO 0 / INFO 0	Agro-PT / SU	Mise à niveau
	37			
	38	EVO (3 ECTS)	MNHN	-
	39	MATHS 1 (3 ECTS)	Agro-PT	-
Oct.	40	GPOP (6 ECTS)	ENS	-
	41			
	42	Travail personnel projets (rdv obligatoire)	-	-
	43	-	-	Vac. Tous.
Nov.	44	matin : MATHS 2 x 4 / après-midi : Projet x4	UP / SU	1 Nov
	45	GQ (6 ECTS)	UPSaclay	11 Nov
	46			
	47	Travail personnel projets	-	-
Nov./Dec.	48	ACP (6 ECTS)	MNHN	-
49				
Dec.	50	Évaluations (jeudi, vendredi)	UP	-
	51	---	-	Vacances Noël
	52			
	Jan.	01	Restitution projets (jeudi, vendredi)	UP

Diplôme

Chaque étudiant sera diplômé par son établissement d'origine (en général, celui de son Master 1). Possibilité de recrutement en M2 avec rattachement à un des établissements.

Public visé

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. Elle n'exige pas de pré-requis, si ce n'est un goût affirmé pour les thématiques enseignées.

Effectif attendu : 20

Pour les premières années, un effectif de 20 étudiants est attendu.

Lieux des enseignements

Chaque UE aura lieu sur un site différent, indiqué dans le tableau ci-dessus.

Conditions d'admission

- Titulaire d'un MI en sciences de la vie ou diplômé d'une école normale ou d'ingénieur avec de bonnes aptitudes en mathématiques et informatique (programmation et utilisation de logiciels)

- Titulaire d'un MI en mathématiques / physique / informatique avec un goût prononcé pour les problématiques biologiques

La sélection se fait sur dossier et entretien. Des UE de compléments en biologie, informatique et mathématiques sont proposées au tout début de la formation en fonction de l'origine des étudiants et après analyse des dossiers.

Débouchés

Cette formation sera une porte d'entrée soit vers une thèse de science, début d'une carrière académique en évolution, écologie, épidémiologie, santé, cancérologie, génétique ou microbiologie, soit vers le secteur privé comme "bioanalyste" dans les domaines de la biotechnologie, de la santé, de l'environnement, de l'alimentation ou plus largement dans tout type d'entreprise travaillant sur des données complexes.



Equipe pédagogique

Le master est animé par une équipe pédagogique affiliée aux différents établissements impliqués dans la formation. Les principaux acteurs de cette équipe sont :

Derrière :

Stefano Mona (EPHE), Christine Dillmann (UPSaclay), Pierre Gérard (Agro-PT), Amaury Lambert (ENS), Stéphane Robin (SU), Maud Tenaillon (UPSaclay), Sarah Samadi (MNHN), Ingrid Lafontaine (SU).

Devant :

Diala Abu Awad (UPSaclay), Guillaume Achaz (UP), Olivier Tenaillon (UP), Pierre de Villemereuil (EPHE), Henrique Teotonio (ENS), Nicolas Puillandre (Muséum MNHN).

Absent :

Olivier Gascuel (CNRS, MNHN), Anouk Barberousse (SU).

Laboratoires & équipes d'accueil

PARIS 5^e

Biologie du chloroplaste et perception de la lumière chez les micro-algues – UMR7141

- Évolution des fonctions photosynthétiques et dynamique du génome – I Lafontaine

Centre Interdisciplinaire de Recherche en Biologie – UMR7241 | Collège de France

- SMILE - Stochastic models for the inference of life evolution - G Achaz & A Lambert
- The evolutionary epidemiology of human pathogens - F Blanquart
- From within-host ecology to population health - S Alizon
- Middle to Late Pleistocene hominin evolution - JJ Hublin
- Molecular and morphogenetic control of skin pattern formation - M Manceau

Institut de Biologie de l'ENS – UMR8197 | ENS

- Dynamique et organisation des génomes – H Roest Crolius
- Génétique évolutive expérimentale – H Teotonio
- Modélisation de la biodiversité – H Morlon
- Dynamique des génomes et variation épigénétique – V Colot
- Évolution des Caenorhabditis – MA Felix
- Génomique des plantes et algues – C Bowler
- Éco-Évolution mathématique – R Ferrière

Institut d'Écologie et des Sciences de l'Environnement de Paris – UMR7618 | Jussieu

- Écologie et Évolution des Réseaux d'Interactions – E Thébault

Institut de Minéralogie, de Physique des Matériaux et de Cosmochimie – UMR 7590 | Jussieu

- Bioinformatique et BioPhysique (BIBIP) – E Duprat

Institut de Systématique, Evolution, Biodiversité – UMR 7205 | Muséum

- Adaptation, Intégration, Réticulation, Evolution – E Baptiste, P Lopez
- Atelier de Bioinformatique – M Carpentier, L Bittner
- Biodiversité: Interactions, Adaptations, Spéciation – M Elias
- Biologie Intégrative des Populations et Évolution Moléculaire – S Mona, P de Villemereuil, O Gascuel
- Evolution et Développement des Variations Phénotypiques – V Laurens
- Évolution fonctionnelle & Taxonomie – F Legendre
- Exploration, Espèces, Evolution – S Samadi, N Puillandre
- Interactions et Evolution Végétale et Fongique – MA Selosse, JY Dubuisson
- Homologies – GLeconte
- Systématique, phylogéographie, évolution, conservation – V Nicolas

Laboratoire de Biologie Computationnelle et Quantitative – UMR7238 | Jussieu

- Biologie des génomes – G Fischer
- Réseaux Génétiques – F Deveaux
- Télomère & stabilité des génomes – Z Xu

PARIS 13^e

Institut Jacques Monod – UMR7592

Evolution and Genetics – V Courtier
Epigenome and Paleogenome – EM Geigl, T Grange
Stem Cells, Development and Evolution – M Vervoort

PARIS 15^e

Génomique Évolutive des Microbes – UMR 3525 | Institut Pasteur

Génétique Évolutive – E Rocha

Génétique Évolutive Humaine – UMR 2000 | Institut Pasteur

Génétique Évolutive Humaine – L Quintana-Murci

PARIS 16^e

Eco-Anthropologie – UMR 7206 | Musée de l'Homme

- Anthropologie Génétique (AGENE) – F Austerlitz, B Toupance
- Biodémographie humaine (BioDemo) – S Pavard

PARIS 18^e

Infection Antimicrobials Modelling Evolution – UMR 1137 | Bichat

- Quantitative Evolutionary Microbiology – O Tenaillon

GIF-SUR-YVETTE

Évolution, Génomes, Comportement E – UMR 9191 | IDEEV

- Évolution & Génomes – A Le Rouzic, A Hua-Van
- Évolution & Comportement – A Yassin, D Casane
- Évolution & Écologie – H Bastide

Écologie, Systématique et Évolution – UMR8079 | IDEEV

- Génétique et Ecologie évolutives – J. Kroymann
- Évolution des Angiospermes – O. Chauveau
- Diversité, Écologie et Évolution microbiennes – P. López-García

Génétique Quantitative et Evolution Le Moulon – UMR8120 | IDEEV

- Biologie de l'Adaptation et Systèmes en Evolution – J Legrand
- Diversité Évolution et Adaptation des Populations – J Enjalbert
- Génomique Évolutive et Adaptation des Plantes Domestiquées – M Tenaillon
- Écologie et Génomique des Interactions Biotiques – A Cornille
- Génétique Quantitative et Méthodologie de la Sélection – L Moreau

Laboratoire de Recherche en Informatique – UMR9015

- Bioinformatique – F Jay, F Pouyet