

**Formation en Bioinformatique**  
**Plateforme ABiMS & IFREMER**  
**2014**

**Module**  
***Galaxy : Initiation à la Phylogénie***

**Objectifs**

Connaître les principales méthodes et outils d'analyse en phylogénie, et pouvoir les mettre en œuvre via un serveur web Galaxy

**Programme**

- La phylogénie moléculaire : les caractères, le jeu de données, les banques, les alignements, les arbres
- Les méthodes d'analyse phylogénétiques : méthodes de maximum de parcimonie, les distances évolutives, méthodes de distances, méthodes de maximum de vraisemblance, méthodes Bayésiennes
- Robustesse des arbres phylogénétiques, attraction des longues branches, analyse multigénique et superarbres, mesure de la pression évolutive

**Public**

Personnel scientifique et technique

**Pré requis**

Avoir suivi le module « Galaxy Initiation »  
Expérience en traitement de séquences

**Modalités pédagogiques**

Cours réalisé en salle TP informatique IGM  
Théorie : 30% / Pratique : 70%  
Un poste de travail par stagiaire

**Durée** : 2 jours

**Intervenants**

E. Corre / G. Le Corguillé / L. Quintric / F. Marquer

**Renseignements**

[christophe.caron@sb-roscoff.fr](mailto:christophe.caron@sb-roscoff.fr)

Tél: 02 98 29 25 43

**Pre-inscriptions en ligne**

<http://abims.sb-roscoff.fr/formation>

**Frais pédagogiques**

<http://abims.sb-roscoff.fr/formation>

