

## **MAT 6461 – Génétique mathématique et biologie des systèmes**

**Professeure :** Morgan Craig  
Bureau 5243, tél. 514-343-7471  
Courriel: morgan.craig@umontreal.ca  
Disponibilité : à déterminer

### **Description sommaire :**

Ce cours est une introduction aux méthodes mathématiques de l'analyse génétique dans un contexte contemporain. Le cours se base sur les intérêts et besoins de disciplines scientifiques telles que l'oncologie, l'immunologie, la virologie, la pharmacogénomique et d'autres domaines biologiques touchés par les avancées récentes en séquençage. Le contenu est divisé parmi les catégories suivantes :

1. Facteurs d'évolution : sélection, mutation, migration, recombinaison, apparentement.
2. Dynamiques de la diversité génétique des populations : processus de branchement (modèles de Wright-Fisher, de Moran), modèles à une infinité d'allèles.
3. La coalescente
4. Biologie des systèmes : bio-informatique, reconstruction et inférence de réseaux génétiques, « -omiques », méthodes de réduction de données.

### **Préalables :**

Le cours fera appel à des concepts en probabilités, plus spécifiquement en processus stochastiques, mais aussi à des méthodes en statistique et équations différentielles ou modélisation mathématique du niveau de cours de premier cycle. Il n'y a cependant pas de préalable en statistique, génétique ou en informatique.

### **Sujets traités :**

1. Introduction à la génétique
  - Plusieurs allèles
  - Sélection fréquence-dépendance
  - Charge génétique
2. Introduction aux notions probabilistes
  - Fondements de la théorie de la probabilité
  - Processus de Poisson
  - Chaînes de Markov
  - Équation maîtresse

Simulation stochastique

3. Génétique des populations mathématique

Modèle de Wright-Fisher

Modèle de Moran

Probabilité de fixation et distribution stationnaire

Approximation par processus de diffusion : Équations backward et forward de Kolmogorov

Modèle à une infinité d'allèles

4. Théorie de la coalescence et applications

Généalogie

Modèle standard de la coalescence

Modèle structuré

Sélection naturelle

5. Variation génétique neutre

Mesures des polymorphismes des séquences de l'ADN

Modèle à une infinité d'allèles

6. Bioinformatique et inférence

Monte-Carlo par chaînes de Markov

Inférence des réseaux génétiques

**Références principales :**

-J Wakeley, Coalescent Theory: An Introduction. Roberts and Company Publishers. 2009.

-S Otto and T Day. A biologist's guide to mathematical modeling in ecology and evolution. Princeton University Press. 2007.

-WJ Ewens. Mathematical Population Genetics. Springer-Verlag. 1979.

**Évaluation :**

-résumé d'un article relié à la matière du cours et demande de subvention basé sur cet article : 50%

-présentation orale : 10%

-exercices à remettre : 40%