

3.0 crédits	30.0 h + 7.5 h	1q
-------------	----------------	----

Enseignants:	Baret Philippe (coordinateur) ; Draye Xavier ; Draye Xavier (supplée Baret Philippe) ;
Langue d'enseignement:	Français
Lieu du cours	Louvain-la-Neuve
Ressources en ligne:	iCampus
Thèmes abordés :	<p>Partie A : Génétique des populations (2 ECTS) Constitution génétique d'une population (population mendélienne, fréquences génotypiques et géniques). Fréquences génotypiques et géniques dans des populations en équilibre (Loi d'Hardy-Weinberg). Facteurs systématiques (mutation, sélection, migration) et dispersifs (fixation ou perte d'allèles, consanguinité) de variation des populations. Caractérisation du polymorphisme génétique et mesure de la diversité au sein de et entre les populations.</p> <p>Partie B : Géénétique quantitative (1 ECTS) Extension de la génétique mendélienne à la génétique de caractères quantitatifs. Etude de la variance phénotypique avec détermination statistique de la part due à l'environnement et au génotype dans des différences phénotypiques. Héritabilité des caractères quantitatifs et stratégies de croisement pour leur transfert et leur accumulation. Identification des QTL (quantitative traits loci) Partie C : Structure des génomes et génomique comparative (1 ECTS) Présentation / rappels sur la structure de l'information génétique (séquences répétées, familles multigéniques, structure des génomes). Cartographie génétique étendue à plus de 3 gènes et introduction à la cartographie physique. Génomique et évolution: génomique structurale et génomique comparative.</p>
Acquis d'apprentissage	<p>a. Contribution de l'activité au référentiel AA du programme M1.1.,M2.1.,M3.5</p> <p>b. Formulation spécifique pour cette activité des AA du programme A la fin de cette activité, l'étudiant est capable de :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>- comprendre comment se structurent et évoluent les populations d'un point de vue génétique.</li> <li>- comprendre les notions de diversité génétique, de sélection et de consanguinité.</li> <li>- anticiper l'évolution des populations naturelles et des populations gérées par l'homme.</li> <li>- comprendre les bases conceptuelles de l'amélioration animale et végétale : valeurs génétiques, héritabilité, interaction génotype-environnement, hétérosis.</li> <li>- intégrer les développements de la biologie moléculaire dans l'étude des populations et des caractères quantitatifs (notamment QTL).</li> <li>- percevoir la dynamique et l'organisation de l'information génétique au niveau du génome.</li> </ul> <p><i>La contribution de cette UE au développement et à la maîtrise des compétences et acquis du (des) programme(s) est accessible à la fin de cette fiche, dans la partie « Programmes/formations proposant cette unité d'enseignement (UE) ».</i></p>
Modes d'évaluation des acquis des étudiants :	L'évaluation est réalisée sur base d'un examen écrit avec une question défendue oralement.
Méthodes d'enseignement :	Le cours se donne sous forme d'exposés magistraux alternant théorie et exemples concrets
Autres infos :	Ce cours peut être donné en anglais.
Faculté ou entité en charge:	AGRO

<b>Programmes / formations proposant cette unité d'enseignement (UE)</b>				
Intitulé du programme	Sigle	Crédits	Prérequis	Acquis d'apprentissage
Master [120] en statistiques, orientation biostatistique	BSTA2M	3	-	
Master [120] bioingénieur : sciences et technologies de l'environnement	BIRE2M	3	-	
Master [120] bioingénieur : gestion des forêts et des espaces naturels	BIRF2M	3	-	
Master [120] bioingénieur : sciences agronomiques	BIRA2M	3	-	
Master [120] bioingénieur : chimie et bioindustries	BIRC2M	3	-	