



GECO GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE ET EVOLUTIVE

EQUIPE BIOINFORMATIQUE, PHYLOGÉNIE ET GÉNOMIQUE EVOLUTIVE

MOUSSET Sylvain

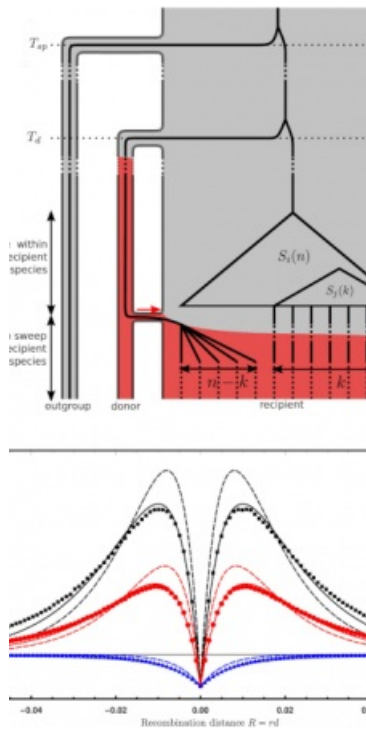
MAÎTRE DE CONFÉRENCES

UCBL

📍 43 bd du 11 novembre 1918
69622 VILLEURBANNE cedex (<http://maps.google.com/maps?q=43%20bd%20du%2011%20novembre%201918+69622+%20VILLEURBANNE%20cedex>)

📞 04 72 43 35 83

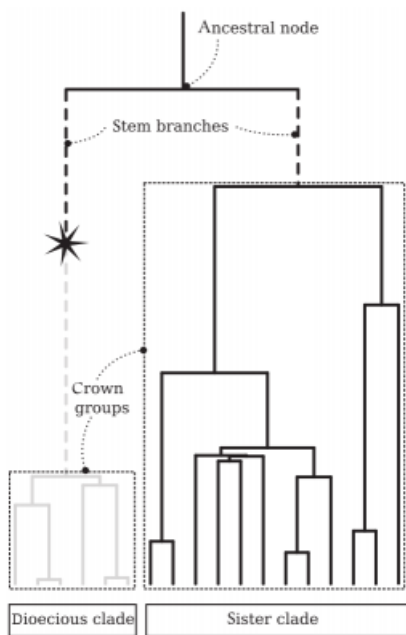
@ Courriel



À propos de moi

URL of the page: <https://lbbe-web.univ-lyon1.fr/fr/annuaires-des-membres/mousset-sylvain>

Je suis généticien des populations, particulièrement intéressé par la modélisation mathématiques des phénomènes biologiques, mais aussi le développement de méthodes statistiques pour détecter les traces de la sélection dans les génomes, comme par exemple VolcanoFinder (une méthode basée sur le spectre de fréquence et utilisant un modèle d'introgression après un contact secondaire qui a pour but d'identifier les régions du génome où un allèle introgressé depuis une espèce voisine s'est fixé). Le graphique ci contre illustre le modèle de balayage sélectif d'un allèle introgressé lors d'un contact secondaire. On observe la vallée de polymorphisme au point focal de la sélection, mais aussi (et surtout) les deux région flancantes où le niveau de polymorphisme est considérablement plus élevé donnant au graphique l'aspect d'un volcan.



J'apprécie aussi d'identifier et éventuellement corriger des biais méthodologique. L'identification d'un tel biais dans l'analyse de clades frères a permis de remettre en question l'hypothèse selon laquelle la diécie constituerait un cul de sac évolutif chez les angiospermes.

Le schéma de droite illustre la méthode de comparaison de clades frères. Elle consiste à identifier tous les clades partageant un état donné pour un caractère puis à identifier leurs clades frères et à comparer les nombres d'espèces dans chaque paire de clades pour déterminer si l'un des états est associé à un plus fort taux de diversification. Cette analyse n'est cependant pas valide dans le cas où l'état considéré est l'état dérivé d'un caractère évoluant le long des branches de la phylogénie (on parle de transition anagénétique). Dans ce cas, en effet le nombre d'espèces dans le clade dérivé est réduit par le temps qu'il aura fallu pour attendre cette transition.

En tant qu'enseignant-chercheur je suis impliqué dans l'enseignement des mathématiques pour les biologistes dans les trois premières années de licence mathématiques "de base", modélisation, statistique, mais j'interviens aussi en génétique et génomique des populations de la licence au master. Dans le cadre de ces enseignements, j'ai notamment développé plusieurs applications shiny utilisées pour les travaux pratiques de

[génétique quantitative](#) 

, génétique des populations (

[dérive](#) 

,

[modèle de Wright-Fisher](#) 

) ou

[statistique](#) 

.