

Information générale

Objectifs	
Responsable(s)	OFFMANN BERNARD TELETCEA STEPHANE
Mention(s) incluant ce parcours	master Bio-informatique
Lieu d'enseignement	
Langues / mobilité internationale	
Stage / alternance	
Poursuite d'études /débouchés	
Autres renseignements	
Conditions d'obtention de l'année	Cette formation en alternance n'est pas compatible avec le statut de dispensé d'assiduité. L'année est validée si la partie théorique est validée en première ou deuxième session (moyenne supérieure ou égale à 10/20) et si l'UE correspondant aux périodes de formation alternées en milieu professionnel est également validée avec une note supérieure ou égale à 10/20.

Programme

1 ^{er} SEMESTRE	Code	ECTS	CM	CI	TD	TP	Distanciel	Total
Groupe d'UE : Tronc commun (30 ECTS)								
Programmation orientée objet pour les biologistes	X3BI020	6	16	0	12	16	5	49
Advanced algorithmics and programming for biologists	X3BI010	5	32	0	8	0	4.5	44.5
Models, methods and algorithms for bioinformatics	X3BI030	5	22	0	8	10	4.5	44.5
Langages de script pour la bioinformatique	X3BI040	3	4	0	10	4	2	20
Bioinformatique appliquée 1 : NGS, épigénétique	X3BI060	5	18	0	6	12	4	40
Périodes de formation alternées en milieu pro.	X3BI080	6	0	0	0	0	0	0
	Total	30						198.00

2 ^{ème} SEMESTRE	Code	ECTS	CM	CI	TD	TP	Distanciel	Total
Groupe d'UE : Tronc commun (30 ECTS)								
Gestion et stockage des mégadonnées	X4BI010	5	16	0	16	8	4	44
Data science for bioinformatics	X4BI020	4	13.33	0	0	12	2.67	28
Périodes de formation alternées en milieu pro.	X4BI060	21	0	0	0	0	0	0
	Total	30						72.00

Modalités d'évaluation

Mention Master 2ème année

Parcours : M2 Ingénierie bioinformatique

Année universitaire 2020-2021

Responsable(s) : OFFMANN BERNARD, TELETCHÉA STEPHANE

REGIME ORDINAIRE

					PREMIERE SESSION								DEUXIEME SESSION								TOTAL	
					Contrôle continu				Examen				Contrôle continu				Examen				Coeff.	ECTS
CODE UE	INTITULE	UE non dipl.			écrit	prat.	oral	écrit	prat.	oral	durée	ecrit	prat.	oral	écrit	prat.	oral	durée				
Groupe d'UE : Tronc commun																						
3	X3BI020	Programmation orientée objet pour les biologistes	N	obligatoire	3.6	2.4							1.2		4.8					6	6	
3	X3BI010	Advanced algorithmics and programming for biologists	N	obligatoire	3	2							1		4					5	5	
3	X3BI030	Models, methods and algorithms for bioinformatics	N	obligatoire	3	2							1		4					5	5	
3	X3BI040	Langages de script pour la bioinformatique	N	obligatoire	1.8	1.2							0.6		2.4					3	3	
3	X3BI060	Bioinformatique appliquée 1 : NGS, épigénétique	N	obligatoire	3.75		1.25							1.25	3.75					5	5	
3	X3BI080	Périodes de formation alternées en milieu pro.	N	obligatoire																6	6	
Groupe d'UE : Tronc commun																						
4	X4BI010	Gestion et stockage des mégadonnées	N	obligatoire	3	2							1		4					5	5	
4	X4BI020	Data science for bioinformatics	N	obligatoire		4							4							4	4	
4	X4BI060	Périodes de formation alternées en milieu pro.	N	obligatoire	7	7	7					7	7	7						21	21	
																			TOTAL	60	60	

A la seconde session, les notes de contrôle continu correspondent à un report des notes de CC de la première session.

DISPENSE D'ASSIDUITE

				PREMIERE SESSION								DEUXIEME SESSION								TOTAL	
				Contrôle continu				Examen				Contrôle continu				Examen				Coeff.	ECTS
CODE UE	INTITULE	UE non dipl.		écrit	prat.	oral	écrit	prat.	oral	durée	écrit	prat.	oral	écrit	prat.	oral	durée				
Groupe d'UE : Tronc commun																					
3	X3BI020	Programmation orientée objet pour les biologistes	N	obligatoire		1.2		4.8					1.2		4.8				6	6	
3	X3BI010	Advanced algorithmics and programming for biologists	N	obligatoire		1		4					1		4				5	5	
3	X3BI030	Models, methods and algorithms for bioinformatics	N	obligatoire		1		4					1		4				5	5	
3	X3BI040	Langages de script pour la bioinformatique	N	obligatoire		0.6		2.4					0.6		2.4				3	3	
3	X3BI060	Bioinformatique appliquée 1 : NGS, épigénétique	N	obligatoire				5							5				5	5	
3	X3BI080	Périodes de formation alternées en milieu pro.	N	obligatoire															6	6	
Groupe d'UE : Tronc commun																					
4	X4BI010	Gestion et stockage des mégadonnées	N	obligatoire		1		4					1		4				5	5	
4	X4BI020	Data science for bioinformatics	N	obligatoire		4							4						4	4	
4	X4BI060	Périodes de formation alternées en milieu pro.	N	obligatoire															21	21	
TOTAL																		60	60		

A la seconde session, les notes de contrôle continu correspondent à un report des notes de CC de la première session.

Description des UE

X3BI020	Programmation orientée objet pour les biologistes
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l'UE	OUSSALAH CHABANE QUEUDET AUDREY
Volume horaire total	TOTAL : 49h Répartition : CM : 16h TD : 12h CI : 0h TP : 16h EAD : 5h
Place de l'enseignement	
UE pré-requis(s)	Les deux UE d'algorithmique et de programmation du Master 1 Bioinformatique / Biostatistique de l'Université de Nantes, ou des UE équivalentes.
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique-Biostatistique, M2 Ingénierie bioinformatique
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Programmation orientée objet pour les biologistes 100%
Obtention de l'UE	(1) Note de contrôle continu résultant éventuellement de plusieurs notes d'évaluations sur table. (2) Absence non justifiée médicalement à une évaluation : note 0 (3) Absence justifiée médicalement à une évaluation : étudiant convoqué à une évaluation sur table ou à un oral organisés spécifiquement.
Programme	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	A l'issue de ce cours, les étudiants doivent être capables de modéliser un système selon une approche objet et être capables ensuite de le programmer en utilisant un langage objet tel que Java ou C++. De façon plus précise, ils doivent : - comprendre les concepts élémentaires de programmation orientée objet (POO) - être capables de comprendre les concepts objet indépendamment de tout langage de programmation, de toute méthode de conception - analyser un problème et le décomposer pour mieux le traiter - être capables de maîtriser les notions de classes, instances, méthodes, héritage, hiérarchie de généralisation/spécialisation, redéfinition, surdéfinition, polymorphismes - être capables de lire et comprendre du code objet (C++/Java) - être capables de développer en C++ et/ou Java
Contenu	<ul style="list-style-type: none"> • <i>présentation de l'approche objet et des principaux domaines d'applications</i> • <i>présentation des concepts de la programmation par objets</i> • <i>notions d'abstraction</i> • <i>modularité et encapsulation</i> • <i>présentation des concepts de classes, d'instances, méthodes, interface et implémentation</i> • <i>mécanismes d'instanciation et d'héritage</i> • <i>notions de redéfinition, surdéfinition, polymorphisme</i> • <i>applications des concepts à C++ et Java</i> <i>Les sujets ciblés en TP ressortent obligatoirement d'une thématique propre à la Biologie, la Génomique, la Post-Génomique, la Médecine, la Santé, l'Agronomie ...</i>
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Français
Bibliographie	

X3BI010	Advanced algorithmics and programming for biologists
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	3

Responsable de l'UE	SINOQUET CHRISTINE
Volume horaire total	TOTAL : 44.5h Répartition : CM : 32h TD : 8h CI : 0h TP : 0h EAD : 4.5h
Place de l'enseignement	
UE pré-requis(s)	Les deux UE d'algorithmique et de programmation du M1 Bioinformatique / Biostatistique de l'Université de Nantes, ou l'équivalent de ces deux UE.
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique-Biostatistique, M2 Ingénierie bioinformatique
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Advanced algorithmics and programming for biologists 100%
Obtention de l'UE	(1) Note de contrôle continu résultant éventuellement de plusieurs notes d'évaluations sur table. (2) Absence non justifiée médicalement à une évaluation : note 0 (3) Absence justifiée médicalement à une évaluation sur table : étudiant convoqué à une évaluation sur table ou à un oral organisés spécifiquement.
Programme	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	<p>A l'issue de cet enseignement, les étudiants</p> <ul style="list-style-type: none"> - auront revu de façon approfondie les structures de données classiques (listes, piles, files) ainsi que le principe de leur gestion, et connaîtront le principe des tables de hachage, ainsi que le principe de leur gestion et utilisation - auront assimilé les notions de complexité temporelle et spatiale d'un algorithme, sauront évaluer les complexités au pire dans des cas simples - sauront écrire toute variante classique d'un algorithme de parcours de liste, connaîtront le principe de quelques algorithmes de tri d'un vecteur, ainsi que celui de la recherche dans un vecteur trié, et sauront implémenter en C les algorithmes correspondants - auront revu de façon approfondie les notions de procédure et fonction, les différentes modalités de passage de paramètres, auront compris le principe de la récursivité et sauront mettre en oeuvre en C toutes ces notions - connaîtront des structures de données avancées (arbres binaires, arbres, arbres de recherche, graphes) ainsi que les algorithmes classiques d'utilisation ou de parcours de ces dernières structures et sauront mettre en oeuvre en C toutes ces notions - auront assimilé dans leurs grandes lignes le principe des méthodes exactes et heuristiques de recherche de solution optimale ou sous-optimale relevant de l'optimisation combinatoire (méthodes constructives (dont le branch-and-bound et la programmation dynamique), méthodes perturbatives) <p>- seront capables d'implémenter en C un projet mettant en oeuvre une partie de ces notions et choisi pour illustrer un cas d'application en bioinformatique, sur un problème de taille significative</p>
Contenu	<p>Cours</p> <ul style="list-style-type: none"> • Retour et compléments sur listes, piles, files • Algorithmes de parcours de listes • Algorithmes de tri d'un vecteur, algorithmes de recherche dans un vecteur trié • Procédures et fonctions, passage de paramètres, récursivité • Arbres, arbres binaires, arbres binaires de recherche • Elements de complexité • Eléments sur les graphes et la combinatoire • Algorithmes de parcours d'arbres et de graphes • Analyse du principe de quelques algorithmes classiques relevant du domaine de la théorie des graphes (parcours de graphe, recherche de plus court chemin, recherche d'un arbre couvrant de poids minimal, optimisation par principe de séparation-évaluation de la durée de recherche d'une solution exacte dans un arbre de solutions...) • Introduction à la programmation dynamique au travers d'une étude de cas • Optimisation combinatoire - méta-heuristiques appliquées à la bio-informatique (exemples illustrant les méthodes perturbatives (par voisinages de solutions (descente, recuit-simulé, méthode Tabou, algorithmes génétiques, algorithmes mémétiques ...)) et les méthodes constructives (algorithme glouton, programmation dynamique, optimisation par colonie de fourmis ...)) <p>Travaux dirigés</p> <ul style="list-style-type: none"> • Poursuite de l'apprentissage de la programmation en langage C • Fin d'acquisition du savoir-faire relatif à la gestion des pointeurs et de l'allocation dynamique en C - comparaison avec le C++ <p>Travaux pratiques</p> <ul style="list-style-type: none"> • Implémentation d'une application de taille significative du domaine de la bio-informatique (sous la forme d'un projet mené pendant un semestre, utilisant des structures de données complexes, allouées de façon dynamique (par exemple, listes à plusieurs niveaux, comportant des données hétérogènes...)). <p>Les sujets ciblés en TP ressortent obligatoirement d'une thématique propre à la Biologie, la Génomique, la Post-Génomique, la Médecine, la Santé, l'Agronomie ... Ce projet est commun à l'UE Models, methods and algorithms for bioinformatics.</p>
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Anglais

Bibliographie	
---------------	--

X3BI030	Models, methods and algorithms for bioinformatics
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l'UE	SINOQUET CHRISTINE
Volume horaire total	TOTAL : 44.5h Répartition : CM : 22h TD : 8h CI : 0h TP : 10h EAD : 4.5h
Place de l'enseignement	
UE pré-requis(s)	Les deux UE d'algorithmique et de programmation du Master 1 Bioinformatique / Biostatistique de l'Université de Nantes, ou des UE équivalentes.
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique-Biostatistique, M2 Ingénierie bioinformatique
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Models, methods and algorithms for bioinformatics 100%
Obtention de l'UE	(1) Note de contrôle continu résultant éventuellement de plusieurs notes d'évaluations sur table. (2) Absence non justifiée médicalement à une évaluation : note 0 (3) Absence justifiée médicalement à une évaluation : étudiant convoqué à une évaluation sur table ou à un oral organisés spécifiquement.
Programme	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	<ul style="list-style-type: none"> • A l'issue de ces enseignements, les étudiants <ul style="list-style-type: none"> - auront assimilé les principes régissant les algorithmes et méthodes classiques utilisées dans les divers champs de la bioinformatique : analyse et comparaison de séquences biologiques (variantes d'algorithmes de recherche de motifs, alignement de deux séquences, alignement multiple de séquences, heuristiques d'alignement d'une séquence contre les séquences d'une base de données), reconstruction phylogénétique moléculaire, inférence d'haplotypes à partir de génotypes, prédiction de gènes, inférence de données biologiques manquantes, prédiction de structures secondaires d'ARN - seront capables d'implémenter en C un projet de développement complet, adapté pour illustrer l'un de ces algorithmes de la bioinformatique, sur un problème de taille significative,

Contenu	<ul style="list-style-type: none"> • Objectif 1 connaître les principes algorithmiques mis en oeuvre par les logiciels disponibles sur les plateformes bio-informatiques disponibles sur Internet, pour en finir avec l'utilisation en "boîte noire" • Objectif 2 acquérir des références sur les divers types possibles de résolution de problèmes de bioinformatique ; renforcer ses connaissances sur les limites et la faisabilité d'une méthode à adapter ou créer • Objectif 3 comprendre certains des algorithmes et méthodes relevant de la combinatoire et de l'optimisation combinatoire, lorsqu'ils sont appliqués au domaine de la bioinformatique, grâce à des exemples concrets d'application des graphes (parcours de graphe, recherche de plus court chemin, recherche d'un arbre couvrant de poids minimal, optimisation par principe de séparation-évaluation de la durée de recherche d'une solution exacte dans un arbre de solutions...) <p>Programme détaillé</p> <ul style="list-style-type: none"> • Analyse et comparaison de séquences biologiques • Recherche de motifs, extraction de motifs (méthodes exactes, approchées (illustration d'une méthode stochastique)) • Prédiction de promoteurs • Alignements de séquences (programmation dynamique), alignements multiples • Heuristiques Blast1, Blast2, Psi-Blast et FASTA • Phylogénie moléculaire (méthodes de distances (UPGMA, Tversky, Neighbor-Joining), méthodes par maximum de parcimonie (et leurs variantes), méthodes probabilistes (par estimation du maximum de vraisemblance)) • Traitement des données de puces à ADN, ChIP-chip • Traitement de données de génotypage SNPs, inférence de données manquantes dans de grands tableaux de marqueurs génétiques (SNPs) • Mise en évidence de facteurs génétiques responsables de maladies, études d'association génotype-phénotype à l'échelle du génome (GWAS) • Prédiction de gènes • Inférence d'haplotypes à partir de génotypes • Séquençage • Carthographie • Comparaison de génomes • Prédiction de structures secondaires d'ARN, prédiction de structures de protéine <p>Travaux pratiques</p> <ul style="list-style-type: none"> • Implémentation d'une application de taille significative du domaine de la bio-informatique (sous la forme d'un projet mené pendant un semestre, utilisant des structures de données complexes, allouées de façon dynamique (par exemple, listes à plusieurs niveaux, comportant des données hétérogènes...)) <p>Les sujets ciblés en TP ressortent obligatoirement d'une thématique propre à la Biologie, la Génomique, la Post-Génomique, la Médecine, la Santé, l'Agronomie ... Ce projet est commun à l'UE Advanced algorithmics and programming for biologists.</p>
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Anglais
Bibliographie	

X3BI040	Langages de script pour la bioinformatique
Lieu d'enseignement	UFR Sciences et Techniques
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l'UE	EVEILLARD DAMIEN
Volume horaire total	TOTAL : 20h Répartition : CM : 4h TD : 10h CI : 0h TP : 4h EAD : 2h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(s)	L'UE Langages de scripts du Master 1 Bioinformatique / Biostatistique de l'Université de Nantes, ou une UE équivalente.
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique-Biostatistique, M2 Génétique, Génomique & Biologie des Systèmes (GGBS), M2 Ingénierie bioinformatique
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Langages de script pour la bioinformatique 100%

Obtention de l'UE	(1) Note de contrôle continu résultant éventuellement de plusieurs notes d'évaluations sur table. (2) Absence non justifiée médicalement à une évaluation : note 0 (3) Absence justifiée médicalement à une évaluation : étudiant convoqué à une évaluation sur table ou à un oral organisés spécifiquement.
Programme	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	Au terme de l'enseignement, l'étudiant devra : - être capable de modéliser un problème biologique ; - être capable de choisir le langage script approprié ; - maîtriser la lecture et l'écriture d'informations bioinformatiques structurées en fichiers texte (FASTA, PDB) ; - maîtriser les ruptures de séquentialité en script ; - maîtriser les procédures et les fonctions en script ; - avoir une bonne pratique dans la gestion des scripts (organisation de bibliothèques) ; - maîtriser les fonctionnalités de base de script pour traitement massif des données biologiques (séquences et matricielles) ; - avoir une bonne pratique en langage Python et PERL.
Contenu	<ul style="list-style-type: none"> • Objectif 1 savoir écrire des pipelines de traitement automatisé de données biologiques • Objectif 2 savoir intégrer diverses applications, dont des logiciels extérieurs, dans un pipeline de traitement automatisé <p>Programme détaillé</p> <ul style="list-style-type: none"> • Prise en main des langages de script Python et PERL • Approche impérative • Approche objet, conception de modules • Principales bibliothèques en bioinformatique (Bioperl et Biopython) • Requêtes CGI • Application sur un cas pratique relevant du domaine de la bioinformatique
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Anglais
Bibliographie	

X3BI060	Bioinformatique appliquée 1 : NGS, épigénétique
Lieu d'enseignement	UFR Sciences et Techniques
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l'UE	CARIO-TOUMANIANTZ CHRYSTELLE LE SCOUARNEC SOLENA
Volume horaire total	TOTAL : 40h Répartition : CM : 18h TD : 6h CI : 0h TP : 12h EAD : 4h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(s)	UE Technologies Omics de M1 ou équivalent
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique-Biostatistique, M2 Génétique, Génomique & Biologie des Systèmes (GGBS), M2 Ingénierie bioinformatique
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Bioinformatique appliquée 1 : NGS, épigénétique 100%
Obtention de l'UE	CC sur les cours, note de présentation orale, exercices en distanciel (1) Note de contrôle continu résultant éventuellement de plusieurs notes d'évaluations sur table. (2) Absence non justifiée médicalement à une évaluation : note 0 (3) Absence justifiée médicalement à une évaluation : étudiant convoqué à une évaluation sur table ou à un oral organisés spécifiquement.
Programme	

Objectifs (résultats d'apprentissage)	<p>Au terme de cet enseignement, l'étudiant identifiera et intégrera un nouveau niveau de modulation de l'expression des gènes, l'épigénétique, sous la forme de cours théoriques et de conférences scientifiques. Il saura définir et décrire :</p> <ol style="list-style-type: none"> 1) les processus de méthylation de l'ADN ; 2) les modifications post-traductionnelles des histones ; 3) les rôles des ARNs non-codants ; 4) évaluer les conséquences de ces mécanismes sur l'expression des gènes et leurs implications en physiopathologie. L'étudiant saura également identifier et décrire les méthodes d'analyse des modifications épigénétiques. <p>Par la résolution de travaux pratiques, l'étudiant saura utiliser des outils permettant l'analyse des données brutes issues de différentes applications du séquençage NGS (Next-Generation Sequencing) : DNA-Seq, RNA-Seq, Methyl-Seq et/ou ChIP-Seq.</p> <p>Par la réalisation d'exposés en groupe et en anglais, l'étudiant se perfectionnera à la démarche scientifique, aiguisera ses compétences de synthèse et de sens critique, partagera et échangera des informations avec ses collègues, retransmettra les objectifs et résultats principaux extraits d'articles scientifiques. Il se perfectionnera à la diffusion de connaissance en langue anglaise.</p>
Contenu	<p>CM épigénétique (5h20)</p> <ul style="list-style-type: none"> - Introduction/histoire de l'épigénétique - les modifications de l'ADN - les modifications des histones - les ARN Non Codants : introduction - Méthodes d'analyse des modifications épigénétiques <p>Points spéciaux en épigénétique</p> <ul style="list-style-type: none"> - Les miRNA (4h) - La famille des ARN non-codants (2x1h20) <p>CM DNA-seq (2h20) CM CNV (2H) CM RNA-seq (1h20)</p> <p>TD analyses et présentations d'articles scientifiques (6H)</p> <p>TP analyses de données NGS (4x3h)</p> <p>Enseignement en distanciel : 4H</p>
Méthodes d'enseignement	<ul style="list-style-type: none"> - Interactivité dans les cours - Pédagogie inversée via la recherche, préparation, présentation de thèmes stratégiques et complémentaires du cours par les étudiants - Pratique par la manipulation des outils informatiques et la consultation de bases de données spécialisées
Langue d'enseignement	Français
Bibliographie	

X3BI080	Périodes de formation alternées en milieu pro.
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l'UE	OFFMANN BERNARD
Volume horaire total	TOTAL : 0h Répartition : CM : 0h TD : 0h CI : 0h TP : 0h EAD : 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requis(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Ingénierie bioinformatique
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Périodes de formation alternées en milieu pro. 100%
Obtention de l'UE	L'évaluation de cette période s'effectuera en fin d'année.

Programme	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	
Contenu	
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Français
Bibliographie	

X4BI010	Gestion et stockage des mégadonnées
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	4
Responsable de l'UE	MEKAUCHE ABDELOUAHAB
Volume horaire total	TOTAL : 44h Répartition : CM : 16h TD : 16h CI : 0h TP : 8h EAD : 4h
Place de l'enseignement	
UE pré-requis(s)	L'UE de bases de données interfacées Web du Master 1 Bioinformatique / Biostatistique de l'Université de Nantes ou une UE équivalente
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique-Biostatistique, M2 Ingénierie bioinformatique
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Gestion et stockage des mégadonnées 100%
Obtention de l'UE	(1) Note de contrôle continu résultant éventuellement de plusieurs notes d'évaluations sur table. (2) Absence non justifiée médicalement à une évaluation : note 0 (3) Absence justifiée médicalement à une évaluation : étudiant convoqué à une évaluation sur table ou à un oral organisés spécifiquement.
Programme	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	<ul style="list-style-type: none"> - perfectionner la maîtrise de gestionnaire de bases de données, - être capable de proposer des modèles de bases données optimisés pour des problèmes donnés, - savoir utiliser un langage de requêtes procédurales (PL/SQL), être capable d'élaborer des requêtes complexes, en recherchant un optimum d'efficacité, - pouvoir travailler sur des bases de données orientées objet, - acquérir les connaissances pour exploiter les nouveaux outils dédiés au Big Data et apprendre les techniques de stockage, gestion, traitement et analyse des ensembles volumineux de données non structurées, - être capable de sélectionner des entrepôts de Big Data adaptés pour gérer plusieurs ensembles de données, - savoir traiter des ensembles de données volumineux (par exemple avec Hadoop), - savoir interroger des ensembles de données volumineux en temps réel.

Contenu	<p>Programme détaillé</p> <p>Cours</p> <ul style="list-style-type: none"> • Compléments sur le modèle relationnel • Définition de relations, contraintes, déclencheurs, vues • Evaluation et optimisation de requêtes • Elaboration de requêtes complexes et optimisation de ces dernières • Gestion des transactions • Contrôle de concurrence • Développement d'applications en bases de données • Eléments sur le modèle client-serveur • JDBC • PL/SQL • Nouveaux outils dédiés au Big Data • Apprentissage des techniques de stockage, gestion, traitement et analyse des ensembles volumineux de données non structurées • Sélection des entrepôts de Big Data adaptés pour gérer plusieurs ensembles de données • Traitement des ensembles de données volumineux (par exemple avec Hadoop) • Interrogation des ensembles de données volumineux en temps réel. <p>Travaux dirigés et travaux pratiques</p> <p>Mise en pratique des méthodes et techniques exposées en cours.</p>
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Français
Bibliographie	

X4BI020	Data science for bioinformatics
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	4
Responsable de l'UE	SINOQUET CHRISTINE
Volume horaire total	TOTAL : 28h Répartition : CM : 13.33h TD : 0h CI : 0h TP : 12h EAD : 2.67h
Place de l'enseignement	
UE pré-requis(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique-Biostatistique, M2 Ingénierie bioinformatique
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Data science for bioinformatics 100%
Obtention de l'UE	(1) Note de contrôle continu résultant éventuellement de plusieurs notes d'évaluations sur table. (2) Absence non justifiée médicalement à une évaluation : note 0 (3) Absence justifiée médicalement à une évaluation : étudiant convoqué à une évaluation sur table ou à un oral organisés spécifiquement.
Programme	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	- l'étudiant connaîtra le principe et le cadre d'utilisation des techniques classiques le plus couramment utilisées : régression (linéaire, Ridge, LASSO, logistique), classification supervisée (k plus proches voisins, réseaux de neurones, arbres de classification / régression, machines à vecteurs de support) et non supervisée (clustering hiérarchique ascendant, k-means, cartes de Kohonen), découverte de règles d'association. L'étudiant connaîtra le principe de la technique de validation croisée et saura interpréter une courbe ROC. L'étudiant aura mis oeuvre un ensemble de ces méthodes, en complétant en parallèle sa connaissance du langage R.

Contenu	Programme détaillé Cours - Principe et cadre d'utilisation de diverses méthodes de régression (linéaire, Ridge, LASSO, logistique) - Classification supervisée (k plus proches voisins, réseaux de neurones, arbres de classification / régression, machines à vecteurs de support (SVM)) - Evaluation de la puissance prédictive. Technique de validation croisée. Courbe ROC. - Classification non supervisée (clustering hiérarchique ascendant, k-means, cartes de Kohonen) - Découverte de règles d'association. Travaux pratiques Mise en oeuvre d'un ensemble de ces méthodes, en complétant en parallèle sa connaissance du langage R.
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Anglais
Bibliographie	

X4BI060	Périodes de formation alternées en milieu pro.
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	4
Responsable de l'UE	SINOQUET CHRISTINE OFFMANN BERNARD
Volume horaire total	TOTAL : 0h Répartition : CM : 0h TD : 0h CI : 0h TP : 0h EAD : 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requis(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Ingénierie bioinformatique
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Périodes de formation alternées en milieu pro. 100%
Obtention de l'UE	Note finale calculée comme suit : Note relative au travail du stagiaire - coefficient 1/3 Note de mémoire de soutenance - coefficient 1/3 Note relative à la soutenance de stage - coefficient 1/3
Programme	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	
Contenu	
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Français
Bibliographie	