



# Programme de Formation

<b>Objectifs</b>	<p>A l'issue de la formation, les apprenants seront capables de :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• D'identifier et d'intégrer différents modèles, méthodes, algorithmes et techniques en vue de la conception et de la réalisation de projets de bio-informatique, dans divers contextes professionnels.</li> <li>• De développer et d'appliquer une démarche scientifique rigoureuse, dans diverses situations professionnelles (secteur public, secteur privé).</li> <li>• De piloter un groupe de travail, de s'intégrer dans un milieu professionnel et de collaborer dans le cadre de partenariats interdisciplinaires, éventuellement avec une dimension internationale.</li> </ul>
<b>Public/Prérequis</b>	<p>Être titulaire d'un Bac + 4, Master 1 Master Mention Bio-informatique / Bio-statistique (M1) ou formation équivalente</p>
<b>Débouchés professionnels</b>	<p><b>Métiers visés :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Ingénieur d'étude ou ingénieur de recherche en bio-informatique</li> <li>• Chercheur en bio-informatique ou en biologie doté de compétences en informatique</li> </ul> <p>Chercheur en informatique pour applications bio-informatiques, selon le type de métier visé et le parcours suivi</p>
<b>Durée</b>	<p>406H00 heures d'enseignement (35 heures a minima en présentiel et jusqu'à 371 heures en hybridation)</p>
<b>Date</b>	<p>Du 7 septembre 2026 au 3 septembre 2027</p>
<b>Effectif</b>	<p>12 étudiants</p>
<b>Lieu</b>	<p>Faculté des Sciences et T. de Nantes Université (Campus Lombarderie).</p>
<b>Tarif</b>	<p>Un coût pédagogique spécifique selon le type de contrat en alternance (contrat de professionnalisation ou contrat d'apprentissage) et selon la forme juridique de l'employeur (établissement privé ou public).</p> <p>Renseignements auprès du service Formation continue et Alternance.</p>
<b>Moyens pédagogiques</b>	<p>Dans le modèle d'alternance prévu, l'étudiant assistera aux enseignements à distance tout en restant au sein de son entreprise d'accueil (conformément au calendrier joint).</p> <p>La formation s'appuiera, d'une part, sur l'usage des technologies du numérique et d'autre part, sur des adaptations pédagogiques spécifiques pour ce public.</p> <p>L'équipe pédagogique est constituée à la fois de chercheurs et d'enseignants-chercheurs ainsi que d'ingénieurs calcul et de bioinformaticiens issus du secteur non académique. Des intervenants du monde industriel participent à la formation.</p> <p>Toutes les informations relatives à la formation sont mises à la disposition des étudiants et de l'équipe pédagogique via la plateforme d'enseignement en</p>

	<p>ligne de l'Université de Nantes : emploi du temps, liste des étudiants et trombinoscope, modalités de contrôle des connaissances, fichiers de notes, offres de stages, et autres informations plus ponctuelles.</p> <p>Les moyens pédagogiques et d'encadrement favorisent la participation et le développement des compétences. Ils sont multiples et variés : présentations et exposés théorique, études de cas, projet tuteuré etc.</p> <p>Le Livret Electronique de l'Alternant (LEA) : pour suivre, informer et évaluer de façon régulière l'alternant tout au long de son parcours de formation, via un accès internet sécurisé.</p>
<p><b>FOAD</b> <b>Organisation et moyens techniques</b></p>	<p>L'intégralité des supports de cours est mise en ligne sur la plateforme d'enseignement MADOC de l'Université de Nantes dotée d'un forum.</p> <p>Concernant la nature des travaux demandés en hybridation, il peut s'agir :</p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• D'exercices d'application du cours ;</li> <li>• D'études de cas (individuelles ou en groupe) ;</li> <li>• De comptes rendus de travaux pratiques (individuels ou en groupe) ;</li> <li>• De quizz</li> </ul> <p>L'assistance pédagogique est réalisée au sein de forums qui favorisent les échanges entre enseignants, tuteurs et étudiants.</p> <p>Les référents des modules peuvent être contactés selon besoin, via les forums pédagogiques de la plateforme pour un éclairage sur les exercices ou une aide méthodologique.</p> <p>Une réponse sera apportée sous un délai raisonnable de 48h maximum.</p>
<p><b>Accompagnement pédagogique (présentiel-hybridation)</b></p>	<p><u>Responsables pédagogiques :</u></p> <p>Monsieur Bernard OFFMANN, Professeur des Universités – Département Biologie - Université de Nantes</p> <p>Monsieur Stéphane TELETCHÉA, Maître de Conférences, Département Biologie - Université de Nantes</p> <p>Suivi et accompagnement tout le long de l'année par un tuteur pédagogique et un tuteur en entreprise</p>
<p><b>Modalités d'évaluation</b></p>	<p>Contrôle continu et soutenance de mémoire</p> <p>La mise en place d'un nouveau système de notation sera expérimentée dans certaines Unités d'Enseignements. Les évaluations s'appuieront sur des grilles critériées qui reprendront les résultats d'apprentissage et objectiveront les niveaux atteints par les étudiants.</p>
<p><b>Suivi administratif</b></p>	<p>Service Formation Continue et Alternance (FOCAL)</p> <p>Faculté des Sciences &amp; Techniques 2, rue de la Houssinière - 44322 Nantes Cx 3</p> <p>Correspondante : Delphine VINCE - Assistante de formation</p> <p>T. 02 51 12 53 95 / delphine.vince@univ-nantes.fr</p> <p>Les feuilles d'émargement cosignées par l'alternant et les intervenants par demi-journée témoignent de la réalisation effective de la formation.</p> <p>En contrat de professionnalisation : un certificat de réalisation est transmis avec la facture semestrielle.</p> <p>Une attestation de fin de formation est remise au stagiaire en fin de parcours.</p>

<b>Type de validation</b>	Diplôme national Master Mention Bio-informatique Niveau 7 (Bac+5)
<b>RNCP &amp; Code Diplôme</b>	Référence : 38964 Code Diplôme : 13511801
<b>Références légales</b>	Art. L6353-1 du Code du travail Art. L6353-8 du Code du travail Art. D6353-3 du Code du travail (FOAD)
<b>Organisme de formation</b>	NANTES UNIVERSITE – Pôle Sciences et technologie Faculté des Sciences & des Techniques Service Formation Continue et Alternance 2 rue de la Houssinière – BP 92208 – 44 322 Nantes Cedex 3 Code APE : 8542Z SIRET : 130 029 747 001 15 Déclaration d'activité enregistrée sous le n° 52 44 09582 44 auprès du Préfet de Région des Pays de la Loire. Statut juridique : EPSCP

## Unités d'Enseignement :

<b>Bioinformatique structurale 2 : 24H.</b>	<b>Présentiel et/ou Hybridation :</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>Méthodes expérimentales pour l'étude des structures des macromolécules biologiques</li> <li>Méthodes et outils en bioinformatique structurale et modélisation moléculaire</li> <li>Approches pour l'étude de la relation structure-fonction des protéines</li> </ul>	<b>24H</b>
<b>Programmation orientée objet pour les biologistes : 49H.</b>	<b>Présentiel et/ou Hybridation :</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>Présentation de l'approche objet et des principaux domaines d'applications</li> <li>Présentation des concepts de la programmation par objets</li> <li>Notions d'abstraction</li> <li>Modularité et encapsulation</li> <li>Présentation des concepts de classes, d'instances, méthodes, interface et implémentation</li> <li>Mécanismes d'instanciation et d'héritage</li> <li>Notions de redéfinition, surdéfinition, polymorphisme</li> <li>Applications des concepts à C++ et Java</li> </ul> <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...</p>	<b>49H</b>
<b>Bioinformatique appliquée 1 : NGS, épigénétique : 40H.</b>	<b>Présentiel et/ou Hybridation :</b>

<ul style="list-style-type: none"> <li>• CM épigénétique, CM DNA-seq, CM CNV, CM RNAseq</li> <li>• Points spéciaux en épigénétique</li> <li>• TD Analyses et présentations d'articles scientifiques</li> <li>• TP Analyses de données NGS</li> </ul>	<b>40H</b>
<b>Models, methods and algorithms for bioinformatics : 44H.</b>	<b>Présentiel et/ou Hybridation :</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Analyse et comparaison de séquences biologiques</li> <li>• Recherche de motifs, extraction de motifs</li> <li>• Prédiction de promoteurs</li> <li>• Alignements de séquences (programmation dynamique), alignements multiples</li> <li>• Heuristiques Blast1, Blast2, Psi-Blast et FASTA</li> <li>• Phylogénie moléculaire</li> <li>• Traitement des données de puces à ADN, ChIP-chip</li> <li>• Traitement de données de génotypage SNPs, inférence de données manquantes dans de grands tableaux de marqueurs génétiques (SNPs)</li> <li>• Mise en évidence de facteurs génétiques responsables de maladies, études d'association génotype-phénotype à l'échelle du génome (GWAS)</li> <li>• Prédiction de gènes</li> <li>• Inférence d'haplotypes à partir de génotypes</li> <li>• Séquençage</li> <li>• Cartographie</li> <li>• Comparaison de génomes</li> <li>• Prédiction de structures secondaires d'ARN, prédiction de structures de protéine</li> </ul>	<b>44H</b>
<b>Advanced algorithmic and programming for biologists : 44H.</b>	<b>Présentiel et/ou Hybridation :</b>
<p><b>Cours :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Retour et compléments sur listes, piles, files</li> <li>• Algorithmes de parcours de listes</li> <li>• Algorithmes de tri d'un vecteur, algorithmes de recherche dans un vecteur trié</li> <li>• Procédures et fonctions, passage de paramètres, récursivité</li> <li>• Arbres, arbres binaires, arbres binaires de recherche</li> <li>• Eléments de complexité</li> <li>• Eléments sur les graphes et la combinatoire</li> <li>• Algorithmes de parcours d'arbres et de graphes</li> <li>• Analyse du principe de quelques algorithmes classiques relevant du domaine de la théorie des graphes</li> <li>• Introduction à la programmation dynamique au travers d'une étude de cas</li> <li>• Optimisation combinatoire – méta-heuristiques appliquées à la bio-informatique et les méthodes constructives (algorithme glouton, programmation dynamique, optimisation par colonie de fourmis ...)</li> </ul> <p><b>Travaux dirigés :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Poursuite de l'apprentissage de la programmation en langage C</li> <li>• Fin d'acquisition du savoir-faire relatif à la gestion des pointeurs et de l'allocation dynamique en C – comparaison avec le C++</li> </ul> <p><b>Travaux pratiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• 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...)).</li> </ul> <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 ...</p> <p>Ce projet est commun à l'UE Models, methods and algorithms for bioinformatics.</p>	<b>44H</b>

<b>Gestion et stockage des mégadonnées : 44H.</b>	<b>Présentiel et/ou Hybridation :</b>
<ul style="list-style-type: none"> <li>• Compléments sur le modèle relationnel</li> <li>• Définition de relations, contraintes, déclencheurs, vues</li> <li>• Evaluation et optimisation de requêtes</li> <li>• Elaboration de requêtes complexes et optimisation de ces dernières</li> <li>• Gestion des transactions</li> <li>• Contrôle de concurrence</li> <li>• Développement d'applications en bases de données</li> <li>• Eléments sur le modèle client-serveur</li> <li>• JDBC, PL/SQL</li> <li>• Nouveaux outils dédiés au Big Data</li> <li>• Apprentissage des techniques de stockage, gestion, traitement et analyse des ensembles volumineux de données non structurées</li> <li>• Sélection des entrepôts de Big Data adaptés pour gérer plusieurs ensembles de données</li> <li>• Traitement des ensembles de données volumineux (par exemple avec Hadoop)</li> <li>• Interrogation des ensembles de données volumineux en temps réel.</li> <li>• Travaux dirigés et travaux pratiques</li> <li>• Mise en pratique des méthodes et techniques exposées en cours.</li> </ul>	<p style="text-align: center;"><b>44H</b></p>
<b>Data science for bioinformatics :</b>	<b>Présentiel et/ou Hybridation :</b>
<p><b>Cours :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Principe et cadre d'utilisation de diverses méthodes de régression (linéaire, Ridge, LASSO, logistique)</li> <li>• Classification supervisée</li> <li>• Evaluation de la puissance prédictive. Technique de validation croisée. Courbe ROC</li> <li>• Classification non supervisée (clustering hiérarchique ascendant, k-means, cartes de Kohonen)</li> <li>• Découverte de règles d'association</li> </ul> <p><b>Travaux pratiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Mise en œuvre d'un ensemble de ces méthodes, en complétant en parallèle sa connaissance du langage R</li> </ul>	<p style="text-align: center;"><b>44H</b></p>
<b>Structural Bioinformatics level 3 :</b>	<b>Présentiel uniquement :</b>
<p><b>Cristallographie biologique : approfondissement :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Symétrie cristalline</li> <li>• Diffraction des rayons X par les cristaux</li> <li>• Application à la détermination de l'arrangement spatial des molécules biologiques</li> </ul> <p><b>Bioinformatique 3D : approfondissement</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Mécanique moléculaire : champ de forces et énergies d'un système moléculaire</li> <li>• Explorations conformationnelles et optimisations</li> <li>• Dynamique moléculaire</li> <li>• Compréhensions et prédictions fonctionnelles</li> <li>• Analyse des structures 3D : méthodes et outils</li> <li>• Protein design</li> </ul>	<p style="text-align: center;"><b>27H20</b></p>
<b>Systems Biology :</b>	<b>Présentiel uniquement :</b>
<p><b>Cours :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Interactions moléculaires : cinétique, affinité, thermodynamique</li> <li>• Principales techniques d'étude des interactions biologiques</li> </ul>	<p style="text-align: center;"><b>27H20</b></p>

<ul style="list-style-type: none"> <li>• Prédiction des interactions</li> <li>• Ressources Internet : principales bases de données d'interactions, ontologies</li> <li>• Biologie des systèmes : concept de systèmes multi-échelles, aspect de dynamique spatio-temporelle, contexte des réseaux d'interaction (intégration de données)</li> <li>• Typologie des réseaux</li> <li>• Reconstruction des réseaux génétiques et métaboliques</li> </ul> <p><b>Travaux dirigés et pratiques :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• Analyse de divers réseaux d'interactions basée sur des exemples concrets</li> <li>• Interrogation de bases de données d'interactions</li> </ul>	
<b>Science Ouverte, Pratiques FAIR :</b>	<b>Présentiel uniquement :</b>
<p><b>A partir d'un projet de recherche choisi parmi une sélection, sous la forme de travaux pratiques encadrés, les séances d'enseignement seront basées sur :</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>• L'organisation d'un travail en équipe</li> <li>• L'élaboration d'une stratégie d'analyse</li> <li>• La sélection des outils bioinformatiques appropriés pour cette analyse et leur apprentissage, les tests de leur fonctionnalité</li> <li>• La détermination des avantages/limites de ces outils - comparer les outils</li> <li>• La préparation orale et en anglais de la présentation de la stratégie d'étude sous la forme d'un labmeeting</li> <li>• La réalisation des analyses, la recherche bibliographique</li> <li>• La préparation d'un rapport de projet</li> <li>• La préparation et la présentation orale des résultats obtenus à l'issue du projet</li> </ul>	<b>27H20</b>
<b>Séminaire Cap vers l'Entreprise : 35h</b>	<b>Présentiel uniquement :</b>
<p>Sur les thématiques du « développement personnel et du management »</p> <p><b>Atelier 1 :</b> les outils et la posture managériale - 2 jours</p> <p><b>Atelier 2 :</b> réussir après l'alternance - 1 jour</p> <p><b>Atelier 3 :</b> s'affirmer et se sentir bien dans son poste – 1 jour</p> <p><b>Atelier 4 :</b> consolider les compétences acquises pendant la semaine – 1 jour</p>	<b>35H</b>
<b>TOTAL HEURES :</b>	<b>406H00</b>

# Liste des intervenants

---

## Enseignants universitaires :

---

### Responsables pédagogiques de la formation :

- > Master Bioinformatique : Madame Christine SINOQUET, Maître de Conférences, NANTES UNIVERSITE
- > M2 Parcours Ingénierie Bioinformatique : Monsieur Bernard OFFMANN, Professeur des Universités, NANTES UNIVERSITE et Monsieur Stéphane TÉLÉTCHÉA, Maître de Conférences, NANTES UNIVERSITE
- > CARIO-TOUMANIANTZ Chrystelle, Maître de conférences, NANTES UNIVERSITE
- > ÉVEILLARD Damien, Professeur des universités, NANTES UNIVERSITE
- > MEKAOUCHE Abdelouahab, Maître de Conférences, NANTES UNIVERSITE
- > QUEUDET Audrey, Maître de Conférences, NANTES UNIVERSITE
- > LE SCOUARNEC SOLENA, Maître de conférences, NANTES UNIVERSITE
- > SINOQUET Christine, Maître de Conférences, NANTES UNIVERSITE
- > TOUMANIANTZ Gilles, Maître de conférences, NNATES UNIVERSITE

## Enseignants issus du monde socio-économique :

---

- > DE BREVERN Alexandre, Directeur de recherche, INSERM – Laboratoire BIGR, Paris



Service Formation Continue et Alternance

Enregistré sous le N°52 44 09582 44. Cet enregistrement ne vaut pas agrément de l'Etat

Code APE : 8542Z

[focal@univ-nantes.fr](mailto:focal@univ-nantes.fr)

[univ-nantes.fr/focal](https://univ-nantes.fr/focal)