Master 2 M2 Bioinformatique classique + alter

Année universitaire 2025-2026

Information générale

Objectifs	
Responsable(s)	SINOQUET CHRISTINE OFFMANN BERNARD TELETCHEA STEPHANE
Mention(s) incluant ce parcours	master Bioinformatique
Lieu d'enseignement	
Langues / mobilité internationale	
Stage / alternance	
Poursuite d'études /débouchés	
Autres renseignements	
Conditions d'obtention de l'année	La validation du parcours respecte les M3C (Modalités de Contrôle des Connaissances et des Compétences, anciennement MCCA) qui s'organisent selon trois niveaux : • Niveau I : le Règlement Général de Contrôle des Connaissances et des Compétences (RG3C) de Nantes Université voté au CAC le 31 mars 2023, • Niveau II : les règles particulières de contrôle des connaissances et des compétences de la Faculté des Sciences et des Techniques votées au CG le 29 juin 2023, • Niveau III : les dispositions propres à chaque mention/parcours/UE/EC Les documents associés aux niveaux I et II sont consultables sur le Madoc Master UFR des Sciences et des Techniques -Section M3C. Les dispositions du niveau III sont précisées dans ce document. **Conditions de validation de l'année propre au parcours :** • **Règle de compensation :** La partie théorique est validée par compensation entre toutes les UE de l'année (sauf le stage) pour attendre la moyenne de 10 sur 20 au moins. • **Notes seuil :** Le stage est validé si la note globale de stage atteint 10 sur 20 au moins. L'année est validée si la partie théorique et le stage sont validés. • **Informations spécifiques au parcours :** Pour les étudiants en alternance; la formation n'est pas compatible avec le statut de dispensé d'assiduité.

Programme

1er SEMESTRE	Code	ECTS	CM	CM (P)	CM (DS)	CM (DA)	CI	CI (P)	CI (DS)	CI (DA)	TD	TD (P)	TD (DS)	TD (DA)	TP	TP (P)	TP (DS)	TP (DA)	Distanciel	Total
Groupe d'UE : Tronc commun classiques - alternants (14 ECTS)																				
M2 Bioinfo / Bioinformatique structurale 2	XMS3IU700	3	13	13	0	0	0	0	0	0	3	3	0	0	8	8	0	0	0	24
Programmation orientée objet pour les biologistes	XMS3IU710	6	21	0	0	5	0	0	0	0	12	12	0	0	16	0	0	0	0	49
Bioinformatique appliquée 1 : NGS, épigénétique	XMS3IU730	5	19	18.17	0	0.83	0	0	0	0	6	6	0	0	15	15	0	0	0	40
Groupe d'UE : Tronc commun Classiques (14 ECTS) **1 choix parmi les blocs de type BLOC1**																				
Models, methods and algorithms for bioinformatics	XMS3IU720	5	26	22	0	4	0	0	0	0	8	8	0	0	10	0	0	0	0	44
Advanced algorithmics and programming for biologists	XMS3IU740	5	36	32	0	4	0	0	0	0	8	8	0	0	0	0	0	0	0	44
Bioinformatique appliquée 2 : projet	XMS3IU750	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	35	35	0	0	0	35
Groupe d'UE : Tronc commun alternants (16 ECTS) **1 choix parmi les blocs de type BLOC1**																				
Models, methods and algorithms for bioinformatics	XMS3IU720	5	26	22	0	4	0	0	0	0	8	8	0	0	10	0	0	0	0	44
Advanced algorithmics and programming for biologists	XMS3IU740	5	36	32	0	4	0	0	0	0	8	8	0	0	0	0	0	0	0	44
Périodes de formation alternées en milieu pro.	XMS3IU770	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Total	28																	0.00	**236.00**

2ème SEMESTRE	Code	ECTS	CM	CM (P)	CM (DS)	CM (DA)	CI	CI (P)	CI (DS)	CI (DA)	TD	TD (P)	TD (DS)	TD (DA)	TP	TP (P)	TP (DS)	TP (DA)	Distanciel	Total
Groupe d'UE : Tronc commun alternants (8 ECTS)																				
Structural bioinformatics level 3	XMS4IU740	3	9.33	9.33	0	0	0	0	0	0	2	0	0	2	16	16	0	0	0	27.33
Systems biology	XMS4IU750	3	9.33	9.33	0	0	0	0	0	0	2	2	0	2	16	16	0	0	0	27.33
Science Ouverte, pratiques FAIR	XMS4IU760	2	0	0	0	0	0	0	0	0	7	3	4	0	20	10	10	0	0	27
Groupe d'UE : Tronc commun classiques et alternants (11 ECTS)																				
Gestion et stockage des mégadonnées	XMS4IU700	5	20	16	0	4	0	0	0	0	16	16	0	0	8	0	0	0	0	44
Data science for bioinformatics	XMS4IU710	6	24	24	0	0	0	0	0	0	8	8	0	0	12	12	0	0	0	44
Groupe d'UE : Stage pour les classques (18 ECTS) **1 choix parmi les blocs de type BLOC2**																				
Stage	XMS4IU720	18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Groupe d'UE : Périodes de formation alternées en milieu pro. pour les alternants (11 ECTS) **1 choix parmi les blocs de type BLOC2**																				
Périodes de formation alternées en milieu pro.	XMS4IU730	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Groupe d'UE : Option M2 Bioinfo Systems biology uniquement pour les classiques (3 ECTS)																				
Structural bioinformatics level 3	XMS4IU740	3	9.33	9.33	0	0	0	0	0	0	2	0	0	2	16	16	0	0	0	27.33
Systems biology	XMS4IU750	3	9.33	9.33	0	0	0	0	0	0	2	2	0	2	16	16	0	0	0	27.33
	Total	40																	0.00	**196.99**

Modalités d'évaluation

Mention Master 2ème année | Parcours : M2 Bioinformatique classique + alter | Année universitaire 2025-2026

Responsable(s) : SINOQUET CHRISTINE, OFFMANN BERNARD, TELETCHEA STEPHANE

REGIME ORDINAIRE

					PREMIERE SESSION							DEUXIEME SESSION							TOTAL	
					Contrôle continu			Examen				Contrôle continu			Examen					
	CODE UE	INTITULE	UE non dipl.		écrit	prat.	oral	écrit	prat.	oral	durée	ecrit	prat.	oral	écrit	prat.	oral	durée	Coeff.	ECTS
Groupe d'UE : Tronc commun classiques - alternants																				
3	XMS3IU700	M2 Bioinfo / Bioinformatique structurale 2	N	obligatoire	1.5	1.5							1.5		1.5				3	3
3	XMS3IU710	Programmation orientée objet pour les biologistes	N	obligatoire	3.6	2.4							1.2		4.8				6	6
3	XMS3IU730	Bioinformatique appliquée 1 : NGS, épigénétique	N	obligatoire	3.75		1.25							1.25	3.75				5	5
Groupe d'UE : Tronc commun Classiques																				
3	XMS3IU720	Models, methods and algorithms for bioinformatics	N	optionnelle	3	2							1		4				5	5
3	XMS3IU740	Advanced algorithmics and programming for biologists	N	optionnelle	3	2							1		4				5	5
3	XMS3IU750	Bioinformatique appliquée 2 : projet	N	optionnelle	1	1	2					1	1				2		4	4
Groupe d'UE : Tronc commun alternants																				
3	XMS3IU720	Models, methods and algorithms for bioinformatics	N	optionnelle	3	2							1		4				5	5
3	XMS3IU740	Advanced algorithmics and programming for biologists	N	optionnelle	3	2							1		4				5	5
3	XMS3IU770	Périodes de formation alternées en milieu pro.	N	optionnelle															6	6
Groupe d'UE : Tronc commun alternants																				
4	XMS4IU740	Structural bioinformatics level 3	N	obligatoire	1.5	1.5							0.99		2.01				3	3
4	XMS4IU750	Systems biology	N	obligatoire	1.8	1.2							0.6		2.4				3	3
4	XMS4IU760	Science Ouverte, pratiques FAIR	N	obligatoire	0.66	1.34							0.66		1.34				2	2
Groupe d'UE : Tronc commun classiques et alternants																				
4	XMS4IU700	Gestion et stockage des mégadonnées	N	obligatoire	3	2							1		4				5	5
4	XMS4IU710	Data science for bioinformatics	N	obligatoire		6							6						6	6
Groupe d'UE : Stage pour les classques																				
4	XMS4IU720	Stage	N	optionnelle	6	6	6					6	6	6					18	18
Groupe d'UE : Périodes de formation alternées en milieu pro. pour les alternants																				
4	XMS4IU730	Périodes de formation alternées en milieu pro.	N	optionnelle	3.67	3.67	3.67					3.67	3.67	3.67					11	11
Groupe d'UE : Option M2 Bioinfo Systems biology uniquement pour les classiques																				
4	XMS4IU740	Structural bioinformatics level 3	N	optionnelle	1.5	1.5							0.99		2.01				3	3
4	XMS4IU750	Systems biology	N	optionnelle	1.8	1.2							0.6		2.4				3	3

	TOTAL	68	68

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	ecrit	prat.	oral	écrit	prat.	oral	durée		
Groupe d'UE : Tronc commun classiques - alternants																				
3	XMS3IU700	M2 Bioinfo / Bioinformatique structurale 2	N	obligatoire	1.5	1.5							1.5		1.5				3	3
3	XMS3IU710	Programmation orientée objet pour les biologistes	N	obligatoire	4.8	1.2							1.2		4.8				6	6
3	XMS3IU730	Bioinformatique appliquée 1 : NGS, épigénétique	N	obligatoire	5										5				5	5
Groupe d'UE : Tronc commun Classiques																				
3	XMS3IU720	Models, methods and algorithms for bioinformatics	N	optionnelle	4	1							1		4				5	5
3	XMS3IU740	Advanced algorithmics and programming for biologists	N	optionnelle	4	1							1		4				5	5
3	XMS3IU750	Bioinformatique appliquée 2 : projet	N	optionnelle	2		2					2					2		4	4
Groupe d'UE : Tronc commun alternants																				
3	XMS3IU720	Models, methods and algorithms for bioinformatics	N	optionnelle	4	1							1		4				5	5
3	XMS3IU740	Advanced algorithmics and programming for biologists	N	optionnelle	4	1							1		4				5	5
3	XMS3IU770	Périodes de formation alternées en milieu pro.	N	optionnelle															6	6
Groupe d'UE : Tronc commun alternants																				
4	XMS4IU740	Structural bioinformatics level 3	N	obligatoire	1.5	1.5							0.99		2.01				3	3
4	XMS4IU750	Systems biology	N	obligatoire	2.4	0.6							0.6		2.4				3	3
4	XMS4IU760	Science Ouverte, pratiques FAIR	N	obligatoire	0.66	1.34							0.66		1.34				2	2
Groupe d'UE : Tronc commun classiques et alternants																				
4	XMS4IU700	Gestion et stockage des mégadonnées	N	obligatoire	4	1							1		4				5	5
4	XMS4IU710	Data science for bioinformatics	N	obligatoire		6							6						6	6
Groupe d'UE : Stage pour les classques																				
4	XMS4IU720	Stage	N	optionnelle	6	6	6					6	6	6					18	18
Groupe d'UE : Périodes de formation alternées en milieu pro. pour les alternants																				
4	XMS4IU730	Périodes de formation alternées en milieu pro.	N	optionnelle															11	11
Groupe d'UE : Option M2 Bioinfo Systems biology uniquement pour les classiques																				
4	XMS4IU740	Structural bioinformatics level 3	N	optionnelle	1.5	1.5							0.99		2.01				3	3
4	XMS4IU750	Systems biology	N	optionnelle	2.4	0.6							0.6		2.4				3	3
																		TOTAL	68	68

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

Description des UE

XMS3IU700	M2 Bioinfo / Bioinformatique structurale 2
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l'UE	OFFMANN BERNARD TELETCHEA STEPHANE
Volume horaire total	**TOTAL :** 24h Répartition : **CM :** 13h **TD :** 3h **CI :** 0h **TP :** 8h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	M2 Bioinfo / Bioinformatique structurale 2 **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, au terme des enseignements de l'UE, saura constituer des jeux de données de séquences et de structures tridimensionnelles de macromolécules biologiques et saura discriminer les méthodes et outils en matière d'analyse de ces objets en fonction des attentes et de la problématique posée dans le cadre d'applications simples. L'étudiant devra être en mesure d'appliquer des principes simples d'algorithmiques pour gérer, traiter et analyser les données structurales à différentes échelles (génomique, séquence, structure...) L'étudiant, après les TP, saura paramétrer si nécessaire les outils utilisés en bioinformatique structurale en fonction des attentes et de la problématique posée dans le cadre d'un problème simple usuel.
Contenu	• Méthodes expérimentales pour l'étude des structures des macromolécules biologiques • Méthodes et outils en bioinformatique structurale et modélisation moléculaire • Approches pour l'étude de la relation structure-fonction des protéines
Méthodes d'enseignement	• Cours théoriques - cours magistral • Travaux pratiques : - tutoriels - études de cas - projets
Langue d'enseignement	Français
Bibliographie	

XMS3IU710	Programmation orientée objet pour les biologistes
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l'UE	OUSSALAH MOURAD QUEUDET AUDREY
Volume horaire total	**TOTAL :** 49h Répartition : **CM :** 21h **TD :** 12h **CI :** 0h **TP :** 16h **EAD :** 0h

Place de l'enseignement	
UE pré-requise(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 classique + alter
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 traîter - 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	• *présentation de l'approche objet et des principaux domaines d'applications* • *présentation des concepts de la programmation par objets* • *notions d'abstraction* • *modularité et encapsulation* • *présentation des concepts de classes, d'instances, méthodes, interface et implémentation* • *mécanismes d'instanciation et d'héritage* • *notions de rédéfinition, surdéfinition, polymorphisme* • *applications des concepts à C++ et Java* *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 …*
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Français
Bibliographie	

XMS3IU730	**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 :** 19h **TD :** 6h **CI :** 0h **TP :** 15h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(s)	**UE Technologies Omics de M1 ou équivalent**
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter
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)	Au terme de cet enseignement, l'étudiant identifiera et intègrera 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 : 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. 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. 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.
Contenu	**CM épigénétique (5h20)** • Introduction/histoire de l'épigénétique • les modifications de l'ADN • les modifications des histones • Empreintes parentales, écriture des marques épigénétiques • Méthodes d'analyse des modifications épigénétiques **Points spéciaux en épigénétique** • Les miRNA (4h) • La famille des ARN non-codants (3h30) **CM DNA-seq (2h40)** **CM RNA-seq (2h40)** **TD analyses et présentations d'articles scientifiques (6H)** **TP analyses de données NGS (5x3h)** Activités en distanciel : 50 min
Méthodes d'enseignement	- 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	

XMS3IU720	**Models, methods and algorithms for bioinformatics**
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l'UE	SINOQUET CHRISTINE
Volume horaire total	**TOTAL :** 44h Répartition : **CM :** 26h **TD :** 8h **CI :** 0h **TP :** 10h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(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 classique + alter,M2 Bioinformatique classique + alter
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)	• A l'issue de ces enseignements, les étudiants - 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	• **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…) **Programme détaillé** • 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 **Travaux pratiques** • 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…) 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.
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Anglais
Bibliographie	

XMS3IU740	**Advanced algorithmics and programming for biologists**

Lieu d’enseignement	
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l’UE	SINOQUET CHRISTINE
Volume horaire total	**TOTAL :** 44h Répartition : **CM :** 36h **TD :** 8h **CI :** 0h **TP :** 0h **EAD :** 0h
Place de l’enseignement	
UE pré-requise(s)	
Parcours d’études comprenant l’UE	M2 Bioinformatique classique + alter,M2 Bioinformatique classique + alter
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)	A l'issue de cet enseignement, les étudiants - 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) - 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

Contenu	**Cours** • 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 ...) **Travaux dirigés** • 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++ **Travaux pratiques** • 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…). 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.
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Anglais
Bibliographie	

XMS3IU750	**Bioinformatique appliquée 2 : projet**
Lieu d'enseignement	UFR Sciences et Techniques
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l'UE	TOUMANIANTZ GILLES EVEILLARD DAMIEN
Volume horaire total	**TOTAL :** 35h Répartition : **CM :** 0h **TD :** 0h **CI :** 0h **TP :** 35h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(s)	**UE Technologies Omics de M1 ou équivalent**
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Bioinformatique appliquée 2 : projet **100%**
Obtention de l'UE	Note 1 : Présentation orale de la stratégie expérimentale (en anglais) Note 2 : autonomie, organisation, comportement lors de la réalisation du projet Note 3 : rapport écrit exposant le bilan du projet Note 4 : présentation orale du projet
Programme	

Objectifs (résultats d'apprentissage)	A l'issue de ce module d'enseignement et sous la forme d'un projet de recherche à développer en groupe, l'étudiant saura 1. utiliser et exploiter les principales banques de données en biologie de façon autonome, 2. créer des réseaux d'interactions génomiques/métaboliques/cellulaires 3. déduire des hypothèses de fonctionnement/signalisation cellulaire ou moléculaire. L'étudiant exposera la stratégie de travail élaborée par son équipe, démontrera la pertinence de leurs choix et la faisabilité du projet lors d'une présentation orale en Anglais. Au terme de ce module, l'étudiant synthétisera les résultats obtenus sous la forme d'un rapport écrit et exposera et discutera ses conclusions lors d'une présentation orale. L'étudiant saura adapter les méthodes, les concepts et théories acquis dans cette UE dans tous les domaines biologiques de son intérêt : santé, biologie marine, environnement, biologie végétale, agroalimentaire. Pour le parcours Ingénierie Bioinformatique, le projet est déclinable dans un contexte adapté à l'entreprise d'accueil (sous réserve d'acceptation par les responsables d'UE). Pour les parcours Bioinformatique pour les Biologistes / Génétique, Génomique et Biologie des Systèmes, le projet peut être décliné en fonction du projet professionnel spécifique de l'étudiant (sous réserve d'acceptation par les responsables de formation et d'UE).
Contenu	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 : - l'organisation d'un travail en équipe - l'élaboration d'une stratégie d'analyse - la sélection des outils bioinformatiques appropriés pour cette analyse et leur apprentissage, les tests de leur fonctionnalité - la détermination des avantages/limites de ces outils - comparer les outils - la préparation orale et en anglais de la présentation de la stratégie d'étude sour la forme d'un labmeeting - la réalisation des analyses, la recherche bibliographique - la préparation d'un rapport de projet - la préparation et la présentation orale des résultats obtenus à l'issue du projet
Méthodes d'enseignement	• 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	

XMS3IU720	**Models, methods and algorithms for bioinformatics**
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l'UE	SINOQUET CHRISTINE
Volume horaire total	**TOTAL :** 44h Répartition : **CM :** 26h **TD :** 8h **CI :** 0h **TP :** 10h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(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 classique + alter,M2 Bioinformatique classique + alter
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)	• A l'issue de ces enseignements, les étudiants - 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	• **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…) **Programme détaillé** • 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 **Travaux pratiques** • 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…) 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.
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Anglais
Bibliographie	

XMS3IU740	**Advanced algorithmics and programming for biologists**
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	3
Responsable de l'UE	SINOQUET CHRISTINE

Volume horaire total	**TOTAL :** 44h Répartition : **CM :** 36h **TD :** 8h **CI :** 0h **TP :** 0h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter,M2 Bioinformatique classique + alter
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)	A l'issue de cet enseignement, les étudiants - 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) - 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
Contenu	**Cours** • 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 ...) **Travaux dirigés** • 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++ **Travaux pratiques** • 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…). 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.
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Anglais
Bibliographie	

XMS3IU770	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-requise(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter
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	

XMS4IU740	Structural bioinformatics level 3
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	4
Responsable de l'UE	TELETCHEA STEPHANE OFFMANN BERNARD
Volume horaire total	**TOTAL :** 27.33h Répartition : **CM :** 9.33h **TD :** 2h **CI :** 0h **TP :** 16h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(s)	Les deux UE de bioinformatique structurale du Master 1 Bioinformatique / Biostatistique de l'Université de Nantes, ou des UE équivalentes.
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter,M2 Bioinformatique classique + alter
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Structural bioinformatics level 3 **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)	RA spécifiques - L'étudiant devra être capable d'augmenter son expertise des outils de bioinformatique structurale associés à chaque échelle d'un problème biologique pour traiter des cas complexes. - L'étudiant devra savoir analyser et traiter un problème bioinformatique multi-échelle dans le cadre des relations entre séquence-structure et/ou structure-fonction. - L'étudiant, au terme des enseignements prodigués en années 1 et 2, devra savoir évaluer un article en bioinformatique pour décrypter les sous-domaines disciplinaires, les différentes échelles étudiées et comprendre leur lien. - Avec cette formation, l'étudiant saura examiner un problème biologique et évaluer l'apport possible de la bioinformatique structurale, dans une approche globale. RA générique - L'étudiant saura exprimer à l'écrit comme à l'oral de manière synthétique et intelligible une problématique biologique
Contenu	Programme détaillé **Cristallographie biologique : approfondissement** • Symétrie cristalline • Diffraction des rayons X par les cristaux • Application à la détermination de l'arrangement spatial des molécules biologiques **Bioinformatique 3D : approfondissement** • Mécanique moléculaire : champ de forces et énergies d'un système moléculaire • Explorations conformationnelles et optimisations • Dynamique moléculaire • Compréhensions et prédictions fonctionnelles • Analyse des structures 3D : méthodes et outils • Protein design
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Anglais
Bibliographie	

XMS4IU750	**Systems biology**
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	4
Responsable de l'UE	TELETCHEA STEPHANE
Volume horaire total	**TOTAL :** 27.33h Répartition : **CM :** 9.33h **TD :** 2h **CI :** 0h **TP :** 16h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter,M2 Bioinformatique classique + alter
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Systems biology **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 cette UE, l'étudiant connaîtra les principaux concepts liés aux interactions moléculaires, ainsi que les principales techniques permettant l'étude des interactions moléculaires. Il aura expérimenté l'utilisation de bases de données d'interactions et d'ontologies. Il connaîtra une typologie des divers types de réseaux biologiques ainsi que les méthodes de reconstruction afférentes, dont il aura mis en oeuvre certaines.

Contenu	Programme détaillé Cours • Interactions moléculaires : cinétique, affinité, thermodynamique • Principales techniques d'étude des interactions biologiques • Prédiction des interactions • Ressources Internet : principales bases de données d'interactions, ontologies • Biologie des systèmes concept de systèmes multi-échelles, aspect de dynamique spatio-temporelle, contexte des réseaux d'interaction (intégration de données) • Typologie des réseaux • Reconstruction des réseaux génétiques et métaboliques Travaux dirigés et pratiques • Analyse de divers réseaux d'interactions basée sur des exemples concrets • Interrogation de bases de données d'interactions
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Anglais
Bibliographie	

XMS4IU760	**Science Ouverte, pratiques FAIR**
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	4
Responsable de l'UE	
Volume horaire total	**TOTAL :** 27h Répartition : **CM :** 0h **TD :** 7h **CI :** 0h **TP :** 20h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Science Ouverte, pratiques FAIR **100%**
Obtention de l'UE	
Programme	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	
Contenu	
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Français
Bibliographie	

XMS4IU700	**Gestion et stockage des mégadonnées**
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	4
Responsable de l'UE	MEKAOUCHE ABDELOUAHAB

Volume horaire total	**TOTAL :** 44h Répartition : **CM :** 20h **TD :** 16h **CI :** 0h **TP :** 8h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(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 classique + alter
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)	- 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	**Programme détaillé** **Cours** • 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. **Travaux dirigés et travaux pratiques** Mise en pratique des méthodes et techniques exposées en cours.
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Français
Bibliographie	

XMS4IU710	**Data science for bioinformatics**
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	4
Responsable de l'UE	SINOQUET CHRISTINE

Volume horaire total	**TOTAL :** 44h Répartition : **CM :** 24h **TD :** 8h **CI :** 0h **TP :** 12h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter
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	

XMS4IU720	**Stage**
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-requise(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Stage **100%**

Obtention de l'UE	Note finale caculculée comme suit : Note relative au travail du stagiaire - coefficient 1/3 Note de mémoire de soutenance - coefficient 1/3 Notre relative à la soutenance de stage - coefficient 1/3 **Cas de poursuite en thèse** Le stage se déroulant de mi-mars à fin août, les étudiants souhaitant déposer un dossier de candidature en thèse obtiennent une attestation où figure une évaluation du stage en cours, ce qui leur permet de candidater auprès des écoles doctorales dès le mois de juin/juillet.
Programme	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	
Contenu	Stage de cinq mois et demi (mi-mars – fin août).
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Français
Bibliographie	

XMS4IU730	**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-requise(s)	
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Périodes de formation alternées en milieu pro. **100%**
Obtention de l'UE	Note finale caculculée comme suit : Note relative au travail du stagiaire - coefficient 1/3 Note de mémoire de soutenance - coefficient 1/3 Notre relative à la soutenance de stage - coefficient 1/3
Programme	
Objectifs (résultats d'apprentissage)	
Contenu	
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Français
Bibliographie	

XMS4IU740	**Structural bioinformatics level 3**
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master

Semestre	4
Responsable de l'UE	TELETCHEA STEPHANE OFFMANN BERNARD
Volume horaire total	**TOTAL :** 27.33h Répartition : **CM :** 9.33h **TD :** 2h **CI :** 0h **TP :** 16h **EAD :** 0h
Place de l'enseignement	
UE pré-requise(s)	Les deux UE de bioinformatique structurale du Master 1 Bioinformatique / Biostatistique de l'Université de Nantes, ou des UE équivalentes.
Parcours d'études comprenant l'UE	M2 Bioinformatique classique + alter,M2 Bioinformatique classique + alter
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Structural bioinformatics level 3 **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)	RA spécifiques - L'étudiant devra être capable d'augmenter son expertise des outils de bioinformatique structurale associés à chaque échelle d'un problème biologique pour traiter des cas complexes. - L'étudiant devra savoir analyser et traiter un problème bioinformatique multi-échelle dans le cadre des relations entre séquence-structure et/ou structure-fonction. - L'étudiant, au terme des enseignements prodigués en années 1 et 2, devra savoir évaluer un article en bioinformatique pour décrypter les sous-domaines disciplinaires, les différentes échelles étudiées et comprendre leur lien. - Avec cette formation, l'étudiant saura examiner un problème biologique et évaluer l'apport possible de la bioinformatique structurale, dans une approche globale. RA générique - L'étudiant saura exprimer à l'écrit comme à l'oral de manière synthétique et intelligible une problématique biologique
Contenu	Programme détaillé **Cristallographie biologique : approfondissement** • Symétrie cristalline • Diffraction des rayons X par les cristaux • Application à la détermination de l'arrangement spatial des molécules biologiques **Bioinformatique 3D : approfondissement** • Mécanique moléculaire : champ de forces et énergies d'un système moléculaire • Explorations conformationnelles et optimisations • Dynamique moléculaire • Compréhensions et prédictions fonctionnelles • Analyse des structures 3D : méthodes et outils • Protein design
Méthodes d'enseignement	
Langue d'enseignement	Anglais
Bibliographie	

XMS4IU750	**Systems biology**
Lieu d'enseignement	
Niveau	Master
Semestre	4
Responsable de l'UE	TELETCHEA STEPHANE
Volume horaire total	**TOTAL :** 27.33h Répartition : **CM :** 9.33h **TD :** 2h **CI :** 0h **TP :** 16h **EAD :** 0h

Place de l’enseignement	
UE pré-requise(s)	
Parcours d’études comprenant l’UE	M2 Bioinformatique classique + alter,M2 Bioinformatique classique + alter
Evaluation	
Pondération pour chaque matière	Systems biology **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 cette UE, l'étudiant connaîtra les principaux concepts liés aux interactions moléculaires, ainsi que les principales techniques permettant l'étude des interactions moléculaires. Il aura expérimenté l'utilisation de bases de données d'interactions et d'ontologies. Il connaîtra une typologie des divers types de réseaux biologiques ainsi que les méthodes de reconstruction afférentes, dont il aura mis en oeuvre certaines.
Contenu	Programme détaillé Cours • Interactions moléculaires : cinétique, affinité, thermodynamique • Principales techniques d’étude des interactions biologiques • Prédiction des interactions • Ressources Internet : principales bases de données d’interactions, ontologies • Biologie des systèmes concept de systèmes multi-échelles, aspect de dynamique spatio-temporelle, contexte des réseaux d'interaction (intégration de données) • Typologie des réseaux • Reconstruction des réseaux génétiques et métaboliques Travaux dirigés et pratiques • Analyse de divers réseaux d’interactions basée sur des exemples concrets • Interrogation de bases de données d'interactions
Méthodes d’enseignement	
Langue d’enseignement	Anglais
Bibliographie	

Dernière modification par BERNARD OFFMANN, le 2025-10-16 00:39:44