

S1	CODE	ECTS	Responsabilité	CM	CM/TD	TD	TP	Description	Objectifs
Anglais	HAI703L	2	Pauline McNish	0	0	0	18	0	
Projet	HAU701I	4	Annie Chateau - Séverine Bérard	0	0	0	0	0	Initiation à la recherche par la recherche bibliographique sur un sujet en lien avec la Bioinformatique. Etre capable de prendre contact avec des chercheurs du domaine, lire et analyser des publications scientifiques, en tirer une synthèse et rédiger un rapport ainsi qu'une Présentation orale.
Vie professionnelle	HAU702I	2	Alban Mancheron	0	0	0	18	0	À travers des ateliers, les étudiants seront amenés à (re-)formuler leur projet professionnel et à préparer des entretiens d'embauches ou Préalables à un stage. Etre capable de répondre à une annonce pour un stage ou un emploi. Apprendre à Préparer un entretien d'embauche.
Analyse de données en bioinformatique : de l'individu à la Population	HAU703I	4	Nicolas Nègre - Anna-SophieFiston-Lavie	12	0	0	24	0	Les données d'ADN, ARN et protéines (réplication, transcription et traduction) ; Séquençage/Etapes de l'assemblage (histoire, différents types de reads, spécification, qualité, ...) ; Les polymorphismes individuels et populationnels ; Histoire évolutive des séquences et arbres phylogénétiques. Présentation des formats de séquence (fasta, fastQ, gff, gff.genbank, vcf) / banque ; Outils : commandes BASH ; Interrogation de banques + BLAST + mapping de données GATK de base (plutôt clic-bouton) ; TP informatiques d'application en R : cas 0 Pratiques sur des jeux de données (populations). Etre capable de rechercher les données préexistantes dans les banques et de les formater ; Savoir réaliser les approches de bases avec les données DNA-seq ; Etre capable de représenter et interpréter intelligemment les résultats d'analyse (par Exemple, utilisation de R).
Rappels de mathématiques - Biostatistiques	HAU704X	2	Jean-Noël Bacro	10	0	0	10	0	Notions de variable aléatoire, lois, distributions, moyenne, écart-type, corrélation linéaire, notion d'échantillon, de statistique, lois usuelles des 0 Statistiques Comprendre un modèle statistique et savoir identifier le bon modèle à poser dans un contexte donné ; savoir mettre en oeuvre des calculs de probabilité ou de quantiles sur les lois usuelles ; savoir calculer la valeur d'une Statistique sur un échantillon
OPTIONS									
Élément de base de l'informatique	HAI706I	2	Alban Mancheron	6	0	0	12	0	cf. Master Info
Élément de base de l'informatique	HAI707I	2	Alban Mancheron	6	0	0	12	0	cf. Master Info
Programmation Orientée Objet	HAI717I	4	Marianne Huchard	12	0	0	24	0	cf. Master Info
Système	HAI724I	4	Pierre Pompidor - Anna-Sophie Fiston-Lavie	12	0	0	24	0	cf. Master Info
Systèmes d'Information et Bases De Données	HAI725I	4	Isabelle Mougénot - Anne-Muriel Arigon	12	0	0	24	0	cf. Master Info
Base moléculaires de l'expression Génique	HAU705V	4	Nicolas Nègre	12	0	0	24	0	Transcription et régulation transcriptionnelle - Approches génomiques de la régulation - Le noyau et l'organisation chromatinienne de L'information Ces principes doivent permettre de savoir identifier et connaître les propriétés des différents éléments d'ADN dans les génomes. Les TDs consistent à interpréter ces circuits de régulation et leur effet sur l'expression Spatio-temporelle conditionnelle des gènes. Rappel de notions de base et des éléments sémantiques permettant aux étudiants non biologistes de formation de mieux appréhender Les cours en ce début de master
Éléments de base de la biologie Évolution	HAU706V HAB702B	4 8	Alain Chavanieu - Emmanuel Douzery Mathilde Dufay	12 18	0	0	21 42	0	Rappels en biologie moléculaire, Biologie Cellulaire, Biochimie et Génétique / Génomique 0+ Apprentissage par projet (APP). cf. Master B2E

S2	CODE	ECTS	Responsabilité	CM	CM/TD	TD	TP	Description	Objectifs
Algorithmique du texte	HAI803I	4	Séverine Bérard	12	0	0	24	0	Algorithmique/complexité des problèmes et structures qui nous intéressent ; Structure d'indexation (trie → arbres et table des suffixes + BWT light) ; Recherche exacte (KMP/RMP) ; Alignement 2 à 2 en programmation 0 Dynamique (distances, gap affine, global/local) Maîtriser les algorithmes et structures d'index classiques en algorithmique du texte. Etre capable de les utiliser sur les données Biologiques.
Alignement et Phylogénie	HAU801I	4	Anne-Muriel Arigon - Emmanuel Douzery	12	0	0	24	0	Ce module est composé de 2 parties. La première partie vise à comprendre les principes et méthodes d'alignement de séquences génétiques et de savoir utiliser les logiciels qui les implémentent : alignement de séquences 2 à 2 (dotplot, heuristiques BLAST et FASTA), utilisation des matrices de scores et des pénalités de gap, alignement multiple (global et local) et HMM (Hidden Markov Model). La deuxième partie se focalise sur la phylogénie et les méthodes de reconstruction d'arbres phylogénétiques (basées sur les distances, la Parcimonie et les méthodes probabilistes). Comprendre les méthodes d'alignements de séquences 2 à 2 et multiples, la construction des matrices de scores et le principe des HMM (Hidden Markov Model). Savoir utiliser les outils qui implémentent ces méthodes d'alignements. Comprendre les principales notions de phylogénie ainsi que les méthodes de reconstruction d'arbres phylogénétiques Et savoir utiliser les outils correspondant.
Information biologique	HAU804I	2	Isabelle Mougénot - Anne-Muriel Arigon	9	0	0	9	0	Systèmes NOSQL transactionnels : graphe/ colonne/document, mécanismes de persistance et distribution de données volumineuses dans le contexte des sciences du vivant. Les ontologies terminologiques (OBO) et leurs usages dans la recherche d'information sont également abordés 0 Dans le module. Comprendre les grands principes de la gestion de données volumineuses, complexes, Distribuées et évolutives
Bioinformatique Learning Lab	HAU802I	2	Anna-Sophie Fiston Lavie - Anne-Sophie Gosselin-Grenet - Jean-Christophe Avarre	3	0	0	15	0	Analyses communes des données de séquençages issus de TP de biologie moléculaire 0 (acquis en 7ème UE)
Anglais	HAI805L	2	Pauline McNish	0	0	0	18	0	
Stage	HAU805I	8	Séverine Bérard - Annie Chateau	0	0	0	0	0	Stage de 2 à 4 mois en entreprise ou institut de recherche en bioinformatique. Etre capable de prendre contact avec des chercheurs du domaine, mettre en oeuvre une démarche scientifique à partir d'une problématique bien identifiée. Mener les analyses, la conception et expérimentations nécessaires, en tirer une synthèse et rédiger un rapport ainsi qu'une présentation Orale.
Développement opérationnel avancé : application aux gros Volumes de données	HAU803I	4	Alban Mancheron	12	0	0	24	0	À travers un projet de programmation d'un outil de mapping de séquence, les étudiants découvriront les différents outils de bases de développement informatique (Makefile, valgrind, gdb, ...). Il (re-)découvriront également le langage C++ et les paradigmes principaux de ce langage. Enfin, les étudiants aborderont les notions de gestion de projet, de cycles de développements, de tests unitaires, de déploiement, de passage en 0 Production, ... Familiariser les étudiants avec les outils et méthodes de développement. L'un des nombreux objectifs est d'être capable d'appréhender un nouveau langage en totale Autonomie.
OPTIONS									
Machine Learning 1	HAI817I	4	Pascal Poncelet – Konstantin Todorov	12	0	0	24	0	cf. Master Info
Outils d'épidémiologie	HAR803B	2	Laurent Gavotte	12	0	0	0	0	Différents « outils » et méthodes utilisés en épidémiologie sont abordés permettant une première initiation et l'acquisition d'éléments de base quelle que soit la spécialisation poursuivie (recherche ou gestion). Ces méthodes concernent aussi bien techniques liées à la manipulation et l'analyse biologique des agents pathogènes, que les méthodes d'enquêtes et les structures de la 3 Surveillance Connaître les bases de l'identification et de la gestion des risques biologiques liés à la manipulation d'agents pathogènes. Comprendre les principes techniques de réalisation de tests diagnostiques ainsi que leurs limites. Comprendre le fonctionnement des plateformes de traitement de matériel génétique et génomique. Savoir calculer et interpréter les indices d'épidémiologie Descriptives. Connaître les bases des méthodes d'enquête en sciences sociales. Comprendre la structuration de la surveillance en santé.
Programmation R	HAX815X	2	Élodie Brunel-Piccinini	6	0	0	12	0	cf. Master SSD 6CM 12TP
7e UE = Ecologie Microbienne Moléculaire 2	HAV620V	2	Anna-Sophie Gosselin-Grenet	0	0	0	0	0	cf. Master IMHE

S3	ECTS			CM	CM/TD	TD	TP	Description	Objectifs
Bioinformatique avancée	HAU902I	8	Annie Chateau	18		0	42	Cette UE se présente sous la forme de projets touchant à différentes thématiques faisant intervenir des techniques algorithmiques pointues pour traiter des problèmes en lien avec la bioinformatique. Parmi les outils conceptuels qui peuvent être abordés, on trouvera notamment les notions de base sur les graphes, la combinatoire sur les mots, l'entropie de shanon, les index (transformée de Burrows-Wheeler, FM-index), fonction de hachage, techniques de clustering, programmation dynamique etc. Les thématiques abordées seront entre autres la phylogénie, l'alignement de séquences, l'algorithmique de L'assemblage, la comparaison de génomes, etc.	Etre capable de comprendre une problématique biologique ou bioinformatique, la modéliser, la formaliser et l'analyser du point de vue de la classification en classes de complexité. Connaître et mettre en oeuvre les grands types d'algorithmes retrouvés dans ces problèmes. Les implémenter et les tester. Etre capable d'analyser la pertinence d'un algorithme par rapport à un problème donné, notamment en rapport avec sa Complexité.
Bioanalyse, transcriptomique	HAU901I	4	Anna-Sophie Fiston-Lavier	12		0	24	Approche par projets pour analyser les données terrain collectées dans le cadre du projet BILL; Introduction à la transcriptomique; Annotation des génomes; Quantification des données RNA-seq; Introduction sur les analyses en cellules uniques : apports et challenges; cas pratique en Transcriptomique	Savoir identifier les espèces présentes dans un environnement donné; Etude de l'expression et l'activité des éléments des génomes dans différentes conditions; Travailler avec des données de séquençage En cellules uniques
Introduction au droit du travail	HAU903I	2	Alban Mancheron	18		0	0	À l'issue de la formation, une partie des étudiants sera (nous l'espérons) amenée à entrer dans la vie active. Il convient donc de permettre à ces étudiants d'appréhender cette transition en leur fournissant les connaissances sur la législation Encadrant le droit du travail	Cette UE a pour objectif de permettre aux Etudiants de comprendre les contrats de travail, les conventions collectives, les bases du droit du travail, les différents statuts existants (auto-entrepreneur, salarié, cadre, Télétravailleur, ...) etc.
Conférences	HAI907I	2	Souhila Kaci	18		0	0	Ocf. Master Info	
Anglais	HAI905L	2	Pauline McNish	0		18	0		
Tests Statistiques	HAU906I	4	Jean-Noël Bacro	10		0	10	Lois fondamentales des statistiques (rappels), Lois des grands nombres. Mise en oeuvre d'un test : hypothèses, risques de première et deuxième espèce, puissance d'un test. Tests paramétriques usuels. Tests non Paramétriques, tests de normalité.	Comprendre les tests et savoir choisir le bon test en fonction du contexte; Analyser le contexte d'un test et placer les hypothèses amont; formaliser le test et justifier les choix d'hypothèses, de risques, etc; Mettre en oeuvre le test et conclure quand à ce test; Savoir critiquer les résultats d'un test.
Projet	HAU904I	4	Séverine Bérard - Annie Chateau	0		0	0	Initiation à la recherche par la recherche bibliographique sur un sujet en lien avec la Bioinformatique.	Etre capable de prendre contact avec des chercheurs du domaine, lire et analyser des publications scientifiques, en tirer une synthèse et rédiger un rapport ainsi qu'une présentation orale, démontrant une certaine prise de recul par rapport au sujet.
OPTIONS									
Machine Learning 2	HAI923I	4	Konstantin Todorov – Pascal Poncelet	12		0	24	Ocf. Master Info	
Structure médicament & molécules Montpellier Omics Days	HAU905V Conférence	4	Alain Chavanieu – Stefano Trapani Collégial	18		0	18	Structures de cibles thérapeutiques, médicaments et interactions moléculaires, médecine Personnalisée, bases de données structurales, chémoinformatique et modélisation moléculaire, programmation, graphisme moléculaire et réalité virtuelle, alignement de séquences et structures.	Appréhender sur des bases structurales les reconnaissances spécifiques entre macromolécules (protéine, médicament); Développer des procédures adaptées (python) en graphisme moléculaire. Comprendre sur une base moléculaire un Choix thérapeutique en médecine personnalisée.
S4	ECTS			CM	CM/TD	TD	TP	Description	Objectifs
Stage	HAU001I	30	Annie Chateau - Séverine Bérard	0		0	0	Stage de 6 mois en entreprise ou institut de Recherche en bioinformatique	Etre capable de prendre contact avec des chercheurs du domaine, mettre en oeuvre une démarche scientifique à partir d'une problématique bien identifiée. Mener les analyses, la conception et expérimentations nécessaires, en tirer une synthèse et rédiger un rapport ainsi qu'une présentation orale, démontrant une certaine prise de recul par Rapport au sujet.