Université de Toulouse

Faculté sciences et ingénierie Université de Toulouse

PÉRIODE D'ACCRÉDITATION : 2022 / 2026

UNIVERSITE DE TOULOUSE

SYLLABUS MASTER

Mention Bio-informatique

M1 BioInformatique et Biologie des Systèmes

http://www.fsi.univ-tlse3.fr/
https://bioinformatique.univ-tlse3.fr

2026 / 2027

26 NOVEMBRE 2026

SOMMAIRE

SCHÉMA ARTICULATION LICENCE MASTER 3

PRÉSENTATION 4

PRÉSENTATION DE LA MENTION ET DU PARCOURS 4

Mention Bio-informatique 4

Compétences de la mention 4

Parcours 4

PRÉSENTATION DE L'ANNÉE DE M1 BioInformatique et Biologie des Systèmes 5

Aménagements des études : 5

RUBRIQUE CONTACTS 6

CONTACTS PARCOURS 6

CONTACTS MENTION 6

CONTACTS DÉPARTEMENT : FSI.BioGéo 6

Tableau Synthétique des UE de la formation 7

LISTE DES UE 9

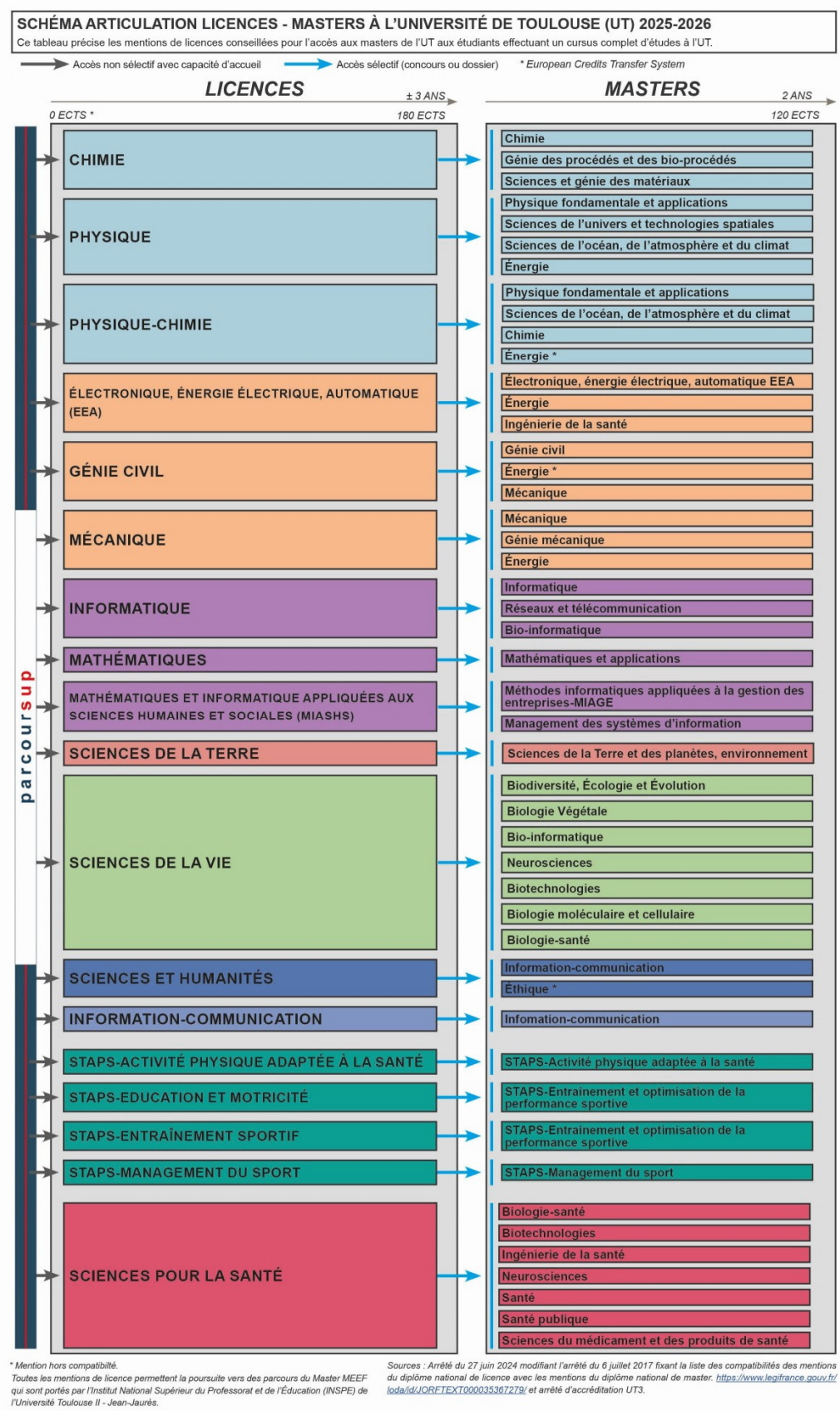
GLOSSAIRE 31

TERMES GÉNÉRAUX 31

TERMES ASSOCIÉS AUX DIPLOMES 31

TERMES ASSOCIÉS AUX ENSEIGNEMENTS 32

SCHÉMA ARTICULATION LICENCE MASTER



PRÉSENTATION DE LA MENTION ET DU PARCOURS

MENTION BIO-INFORMATIQUE

Cette formation propose deux parcours :

- Bioinformatique et biologie des Systèmes (**BBS**) s'adressant à des étudiant(e)s de Biologie et d'Informatique
- Bioinformatique et Génomique Environnementale (**BGE**) mutualisé avec le master mention Biologie, Ecologie et Evolution

Elle a pour but de former des étudiant(e)s qui deviendront des scientifiques (chercheur.se.s ou ingénieur.e.s) capables de répondre aux questions de plus en plus complexes soulevées **par les approches globales en biologie** et faire face aux défis, aussi bien scientifiques que techniques, ainsi engendrés. Ceci nécessite donc d'acquérir **des compétences multidisciplinaires, biologie, informatique et mathématiques** , nécessaires pour œuvrer dans le domaine de la **bioinformatique** mais aussi dans ceux plus récents de **la biologie des systèmes** et de **la génomique environnementale** . L'évolution rapide des technologies dans le domaine des sciences de la vie et la généralisation des approches globales dans l'analyse du vivant génèrent dans les laboratoires privés et publics **une demande accrue de jeunes cadres ou chercheur.se.s possédant une vision intégrée** s'appuyant sur des connaissances et des compétences de plusieurs champs disciplinaires.

COMPÉTENCES DE LA MENTION

- Collecter, intégrer et savoir structurer diverses sources de données biologiques hétérogènes et massives au sein d'une base de données en vue de leur exploitation.
- Traiter, intégrer et analyser des données massives, complexes et hétérogènes produites dans différents domaines de la biologie pour extraire des connaissances facilitant l'aide au diagnostic ou à la vérification/proposition d'hypothèse.
- Concevoir les traitements informatiques adaptés à la résolution de questions biologiques liées à l'analyse de données complexes.
- Intégrer différentes sources de données en dégageant et interprétant en terme biologique les associations entre les différents types de données de manière à inférer des réseaux de relations pour analyser et comprendre des processus biologiques.
- Identifier, sélectionner et analyser avec esprit critique diverses ressources spécialisées pour documenter un sujet et synthétiser ces données en vue de leur exploitation.
- Communiquer à des fins de formation ou de transfert de connaissances, par oral et par écrit, en français et dans au moins une langue étrangère.
- Respecter les principes d'éthique, de déontologie et de responsabilité environnementale.

PARCOURS

Ce parcours de master comprend deux années proposant une solide formation disciplinaire en Bioinformatique et en Biologie des Systèmes. L'accent est mis sur le traitement et l'intégration des différents types de données Omics, et la modélisation mathématique des réseaux de gènes pour étudier *in silico* le comportement dynamique du système biologique.

A l'issue du master, l'étudiant(e) diplômé(e) aura acquis :

- les connaissances en programmation et gestion des données pour accompagner des projets en biologie
- les connaissances en traitements mathématiques des grands jeux de données pour en extraire les informations pertinentes
- les démarches pour dégager, à partir de différentes sources de données hétérogènes, les relations entre objets pour inférer des réseaux biologiques

— les méthodes de modélisation dynamique des réseaux biologiques pour analyser *in silico* leur comportement
— des connaissances pratiques par la réalisation de nombreux projets individuels et collectifs
— l'autonomie nécessaire pour conceptualiser les problèmes liés à l'analyse des données biologiques et pour mettre en place et/ou développer les réponses méthodologiques adaptées pour résoudre la question biologique posée

PRÉSENTATION DE L'ANNÉE DE M1 BIOINFORMATIQUE ET BIOLOGIE DES SYSTÈMES

La première année (M1) correspond à une formation de 60 ECTS, construite sur un ensemble commun d'UE permettant au premier semestre d'acquérir les fondements disciplinaires en informatique, mathématiques et bioinformatique.
Au premier semestre , une UE au choix (Algorithmique et complexité/Harmonisation des connaissances en Biologie) permet aux étudiant(e)s suivant leur origine (Biologie ou Informatique) d'acquérir les bases de l'autre discipline. Des UE communes leurs permettent ensuite d'acquérir les fondements disciplinaires de la formation en informatique, mathématiques et bioinformatique. En **mathématiques** , au travers de deux UE seront abordés d'une part le traitement statistique des données biologiques et d'autre part l'initiation théorique aux bases de l'algèbre linéaire (calcul matriciel) et de l'analyse, ainsi que la résolution d'équations différentielles nécessaire pour la modélisation de problèmes dynamiques. En **informatique** , deux UE aborderont la programmation structurée et les bases de données. Quatre UE seront dédiées aux approches de **bioinformatique** , l'une dédiée aux concepts et algorithmes sous-jacents aux principaux outils de comparaison de séquences biologiques, la seconde consacrée aux approches d'analyse des données de génomes, la troisième aux traitements des réseaux d'interactions moléculaires au travers de l'analyse de graphes et la quatrième présentera des approches en génétique des populations et en génétique statistique.
Le second semestre propose des UE d'approfondissement en programmation (programmation orientée objet) et en bioinformatique pour le traitement des données issues des approches à haut débit. Des UE permettent d'aborder : l'extraction de connaissances à partir de grands jeux de données (Fouille de données), le traitement des données issues des techniques de séquençage à haut débit (Traitement des données post-génomiques), l'initiation aux analyses d'évolution moléculaire. Deux UE au choix parmi trois permettent d'acquérir un complément de formation soit en modélisation moléculaire, soit en mathématiques (analyses de données multivariées ; Biostatistiques : Utilisation avancée du modèle linéaire).
Deux UE de langues vivantes sont proposées l'une au premier semestre et l'autre au second semestre.
Activités de mise en situation : Une UE de **projet tuteuré** est proposée au second semestre de M1 (3 ECTS). De part un besoin de renforcement des compétences disciplinaires, il n'y a pas de stage obligatoire prévu durant l'année de master 1, cependant les étudiant(e)s **sont fortement encouragés à effectuer un stage en fin d'année universitaire sous couvert du M1** (Stage Facultatif). De plus, de **nombreux projets individuels ou collectifs** sont demandés tout au long de la formation, de manière à développer l'autonomie des étudiant(e)s dans le travail mais également leur aptitude à mener un projet d'équipe.
A l'issue du M1, les étudiant(e)s sauront concevoir et programmer des algorithmes fondamentaux d'analyses de données biologiques, créer et exploiter des bases de données, réaliser des analyses de séquences, réaliser l'annotation d'un génome, traiter et analyser des grands jeux de données biologiques, analyser des graphes et réseaux biologiques et reconstruire le scénario évolutif des séquences d'une famille de gènes/protéines.

AMÉNAGEMENTS DES ÉTUDES :

Etudiant en situation de handicap
Etudiant entrepreneur
Etudiant salarié
Sportif et artiste de haut niveau

RUBRIQUE CONTACTS

CONTACTS PARCOURS

RESPONSABLE M1 BIOINFORMATIQUE ET BIOLOGIE DES SYSTÈMES

BARRIOT Roland
Email : roland.barriot@univ-tlse3.fr Téléphone : 05 61 33 58 21

SECRÉTAIRE PÉDAGOGIQUE

DUBOR Clement
Email : fsi-master-bi-bv-stpe.secretariat@utoulouse.fr

CONTACTS MENTION

RESPONSABLE DE MENTION BIO-INFORMATIQUE

FARINAS Jérôme
Email : jerome.farinas@utoulouse.fr Téléphone : 0561558343

FICHANT Gwennaele
Email : gwennaele.fichant@univ-tlse3.fr Téléphone : 05 61 33 58 26

CONTACTS DÉPARTEMENT: FSI.BIOGÉO

DIRECTEUR DU DÉPARTEMENT

LORSIGNOL-DESMET Anne
Email : anne.lorsignol@inserm.fr

SECRETARIAT DU DÉPARTEMENT

PUSSAULT Elsa
Email : elsa.pussault@utoulouse.fr

TABLEAU SYNTHÉTIQUE DES UE DE LA FORMATION

page	Code	Intitulé UE	semestre*	ECTS	Obligatoire Facultatif	Cours	Cours-TD	TD	TP	Projet
Premier semestre										
20	KBIA7LGU	LANGUE VIVANTE	I	3	O			24		
10	KBIA7AAU	BIOINFORMATIQUE DES SÉQUENCES	I	3	O		4	6	16	
11	KBIA7ABU	BIOINFORMATIQUE POUR LA GÉNOMIQUE (BG)	I	3	O		16		12	
12	KBIA7ACU	PROGRAMMATION EN BIOINFORMATIQUE	I	3	O		12		18	
13	KBIA7ADU	TRAITEMENT DES GRAPHES ET RÉSEAUX BIOLOGIQUES	I	3	O		12		16	
14	KBIA7AEU	TRAITEMENT DES DONNÉES BIOLOGIQUES (TDB)	I	3	O	10			17	
15	KBIA7AFU	GÉNÉTIQUE EVOLUTIVE ET QUANTITATIVE (GEQ)	I	3	O	15		6	6	
16	KBIA7AGU	INTRODUCTION AUX BASES DE DONNÉES	I	3	O		17		10	
18	KBIA7AIU	MATHÉMATIQUES POUR LA BIOLOGIE	I	3	O		14		13	
Choisir 1 UE parmi les 2 UE suivantes :										
17	KBIA7AHU	ALGORITHMIQUE ET COMPLEXITE	I	3	O		26			
19	KBIA7AJU	HARMONISATION DES CONNAISSANCES EN BIOLOGIE	I	3	O			12		
Second semestre										
30	KBIA8LGU	LANGUE VIVANTE	II	3	O			24		
21	KBIA8AAU	TRAITEMENT DES DONNEES POSTGENOMIQUES (TDPG)	II	6	O		26		26	
	KBIA8ABU	EVOLUTION MOLÉCULAIRE	II	3	O					
22	KBIX8AB1	Evolution Moléculaire 1					12			
23	KBIX8AB2	Evolution Moléculaire 2						6	12	
24	KBIA8ACU	FOUILLE DE DONNÉES	II	3	O		12		16	
25	KBIA8ADU	PROGRAMMATION AVANCÉE ET GÉNIE LOGICIEL	II	6	O		24		30	
26	KBIA8AEU	PROJET TUTEURÉ EN BIOINFORMATIQUE (PTUT)	II	3	O			8		25
Choisir 2 UE parmi les 3 UE suivantes :										

* **AN** :enseignenents annuels, **I** : premier semestre, **II** : second semestre

page	Code	Intitulé UE	semestre*	ECTS	Obligatoire Facultatif	Cours	Cours-TD	TD	TP	Projet
27	KBIA8AFU	ANALYSE DES DONNEES MULTIVARIEES (analyse_multi)	II	3	O	8			16	
28	KBIA8AGU	BIOSTATISTIQUES : UTILISATION AVANCEE DU MODELE LINEAIRE	II	3	O	4			24	
29	KBIA8AHU	INTRODUCTION A LA MODELISATION MOLECULAIRE	II	3	O	6		14	6	

* **AN** :enseignenents annuels, **I** : premier semestre, **II** : second semestre

LISTE DES UE

UE	BIOINFORMATIQUE DES SÉQUENCES	3 ECTS	1er semestre
KBIA7AAU	Cours-TD : 4h , TD : 6h , TP : 16h	Enseignement en français	Travail personnel 49 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

MATHE Catherine
Email : catherine.mathe-dehais@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Comprendre les concepts et algorithmes sous-jacents aux principaux outils de comparaison de séquences biologiques afin d'être capable de choisir la méthode la plus pertinente pour répondre à une problématique.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Les cours viseront à montrer la différence entre un alignement exact (Needleman et Smith et Waterman) ou approché via des heuristiques (type BLAST) ; l'intérêt de la méthode de programmation dynamique pour la comparaison de séquences ; comprendre les différentes approches en alignement multiple de séquences : méthodes locales et globales, progressives versus itératives ; connaître les méthodes de caractérisation (signature, profile) et la recherche de motifs communs entre plusieurs séquences. La mise en pratique de ces différentes méthodes sera faite lors de séances de travaux pratiques, en insistant sur leurs avantages ou leurs limites. De petits projets seront réalisés afin de réinvestir les outils vus en TP dans une approche plus autonome.

PRÉ-REQUIS

Connaissance de biologie moléculaire et de bases en bioanalyse (contenu des banques, interrogation, recherche d'homologues).

SPÉCIFICITÉS

Séances de TP en salle informatique

COMPÉTENCES VISÉES

Intégrer différentes sources de données en dégageant et interprétant en terme biologique les associations entre les différents types de données de manière à inférer des réseaux de relations pour analyser et comprendre des processus biologiques

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Bio-informatique. Principes d'utilisation des outils. 2010. D. Tagu, J.L. Risler, coord. Ed Quae
Bioinformatique - Cours et applications. 2ème édition. 2015. G. Deléage et M. Gouy. Dunod

MOTS-CLÉS

Algorithmes pour la comparaison de séquences ; heuristique ; profils

UE	BIOINFORMATIQUE POUR LA GÉNOMIQUE (BG)	3 ECTS	1er semestre
KBIA7ABU	Cours-TD : 16h , TP : 12h	Enseignement en français	Travail personnel 47 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

FICHANT Gwennaele
Email : gwennaele.fichant@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Cet enseignement permettra aux étudiants d'acquérir les approches d'analyses des données de génomes, plus particulièrement l'annotation des séquences génomiques et la génomique comparative. Les concepts et les questions biologiques sous-jacents à ces approches seront abordés et seront suivis de leur mise en pratique sur des cas concrets.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Les cours aborderont :

- La description de la conception d'un prédicteur de gène et des différentes méthodes qui doivent être mise en œuvre pour effectuer les mesures nécessaires sur la séquence génomique analysée (type contenu, signal, similarité) et comment ces différentes informations sont intégrées dans un modèle de structure de gène qui sera ensuite implémenté dans une solution logicielle permettant de réaliser la prédiction de la structure optimale. Parmi ces approches, les modèles de Markov cachés (HMM) permettant de réaliser des modèles probabilistes d'une suite de problèmes linéaires labellisés seront plus particulièrement développés.
- la description des concepts et des hypothèses fonctionnelles qui sous-tendent les approches de génomique comparative.

Les séances de TP auront lieu sur ordinateur de manière à mettre en pratique les approches et démarches théoriques décrites en cours.

PRÉ-REQUIS

N/A

SPÉCIFICITÉS

Séances de TP en salle informatique

COMPÉTENCES VISÉES

- Réaliser l'annotation structurale (prédiction de la localisation des gènes) d'un fragment génomique
- Réaliser l'inférence fonctionnelle des produits protéiques des gènes prédits
- Utiliser une plateforme d'annotation pour générer un fichier comportant l'annotation du fragment génomique étudié au format exigé par les banques de données génomes internationales (EMBL et/ou GenBank)
- Connaître les principes de la génomique comparative, mettre en œuvre les logiciels existants et interpréter les résultats

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Biological sequences analysis : Probabilistic Models of Proteins and Nucleic Acids (1998) R. Durbin, S. Eddy, A. Krogh, G. Mitchison. Cambridge University Press.

MOTS-CLÉS

Annotation de génomes ; Modèle de Markov caché ; génomique comparative ; alignement de génomes ; synténie

UE	PROGRAMMATION EN BIOINFORMATIQUE	3 ECTS	1er semestre
KBIA7ACU	Cours-TD : 12h , TP : 18h	Enseignement en français	Travail personnel 45 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

FARINAS Jérôme
Email : jerome.farinas@utoulouse.fr

PELLEGRINI Thomas
Email : thomas.pellegrini@irit.fr

UE	TRAITEMENT DES GRAPHES ET RÉSEAUX BIOLOGIQUES	3 ECTS	1er semestre
KBIA7ADU	Cours-TD : 12h , TP : 16h	Enseignement en français	Travail personnel 47 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

BARRIOT Roland
Email : roland.barriot@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Dans ce module, les étudiants aborderont les concepts et les algorithmes de base en théorie des graphes. Quelques problèmes classiques de biologie seront revisités à la lumière de ces concepts. Les réseaux d'interactions moléculaires (régulation transcriptionnelle, réseaux métaboliques, réseaux d'interactions protéiques), les ontologies liées aux représentations des concepts biologiques, et les problèmes de graphes associés constitueront des applications privilégiées.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

- Concepts et définitions
- Graphes et réseaux rencontrés en biologie et bioinformatique
- Représentations informatiques et manipulations
- Formats de stockage
- Logiciels de visualisation, d'édition et d'analyse
- Librairies et boites à outils
- Algorithme de parcours et de dessin
- Arbres couvrants
- Détection de motifs
- Partitionnement et détection de communautés

PRÉ-REQUIS

UE de programmation en bioinformatique

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Introduction to Algorithms, Corsen, Leiserson and Rivest, MIT Press and McGraw-Hill

MOTS-CLÉS

parcours ; plus courts chemins ; partitionnement ; détection de communautés ; modularité ; réseau d'interaction ; réseau de régulation ; réseau métabolique

UE	TRAITEMENT DES DONNÉES BIOLOGIQUES (TDB)	3 ECTS	1er semestre
KBIA7AEU	Cours : 10h , TP : 17h	Enseignement en français	Travail personnel 48 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

BONHOMME Maxime
Email : maxime.bonhomme@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Acquisition des notions fondamentales de l'analyse statistique appliquée aux données biologiques, et maîtrise de l'utilisation du logiciel R/Rstudio. Les étudiants doivent pouvoir (i) décrire des données biologiques associées à un plan expérimental, (ii) tester des hypothèses biologiques liées aux données par des méthodes statistiques adaptées, et (iii) interpréter biologiquement les résultats de ces traitements.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

- Statistiques descriptives (une ou plusieurs variables qualitatives et/ou quantitatives, représentations graphiques, introduction aux analyses multivariées).
- Statistiques inférentielles (loi de probabilité, distribution d'échantillonnage, estimation ponctuelle, estimation par intervalle de confiance, tests paramétriques et non paramétriques, tests multiples).
- Introduction au traitement des données post-génomiques par l'analyse de données multivariées telles que des données de transcriptome : différence d'expression des gènes, recherche de co-régulations géniques par analyses multivariées et clustering, caractérisation d'ensembles de gènes.

PRÉ-REQUIS

Connaissances de base en mathématiques. Notion d'expression génique.

SPÉCIFICITÉS

Travaux Pratiques en salle informatique

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

The R Book (Mickael J Crawley)

MOTS-CLÉS

statistiques descriptives ; probabilités ; échantillonnage ; test statistique ; analyses multivariées ; partitionnement

UE	GÉNÉTIQUE EVOLUTIVE ET QUANTITATIVE (GEQ)	3 ECTS	1er semestre
KBIA7AFU	Cours : 15h , TD : 6h , TP : 6h	Enseignement en français	Travail personnel 48 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

BONHOMME Maxime
Email : maxime.bonhomme@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Acquisition des concepts fondamentaux de la génétique évolutive (génétique des populations) et de la génétique quantitative (architecture génétique des caractères quantitatifs, cartographie de QTL, association génotype/phénotype). Analyse de données génétiques et phénotypiques.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

- Génétique des populations : mesures du polymorphisme génétique, modèle de Hardy-Weinberg, systèmes de reproduction (autogamie, consanguinité, ...), forces évolutives (mutation, sélection, dérive génétique, migration).
- Génétique quantitative : modèle polygénique des caractères quantitatifs, modèle qualitatif, notion d'héritabilité, notion de ressemblance / apparentement génétique, principes de la cartographie de Quantitative Trait Loci (QTL) et de la génétique d'association.
- Ce contenu sera traité au travers d'exemples issus du monde végétal et de l'agronomie.

PRÉ-REQUIS

Notion de génétique Mendélienne (ségrégation des caractères) et de polymorphisme moléculaire.

SPÉCIFICITÉS

Travaux Pratiques en salle informatique

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Précis de génétique des populations (Jean-Pierre Henry, Pierre-Henry Gouyon, ed Dunond)
Introduction to quantitative genetics (Falconer & Mackay)
andbook of statistical genetics (Balding, Bishop, Cannings)

MOTS-CLÉS

génétique ; population ; évolution ; caractère quantitatif ; cartographie génétique

UE	INTRODUCTION AUX BASES DE DONNÉES	3 ECTS	1er semestre
KBIA7AGU	Cours-TD : 17h , TP : 10h	Enseignement en français	Travail personnel 48 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

YIN Shaoyi
Email : shaoyi.yin@irit.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

L'objectif de ce cours est d'apprendre aux étudiants à concevoir une base de données et de l'interroger en algèbre relationnelle ainsi qu'en langage déclaratif tel que le langage SQL.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

1. Définition, objectifs des bases de données et fonctions des SGBD
2. Modèles de données
   - Modèle conceptuel : modèle Entité/Association E/A
   - Modèle logique : modèle relationnel
3. Algèbre relationnelle
4. Langages de définition et de manipulation des bases de données relationnelles
   - LDD : Langage de Définition de Données
   - LMD : Langage de Manipulation de Données

PRÉ-REQUIS

Bases de la programmation, notion de fichier, logique, ensembles, relations

COMPÉTENCES VISÉES

1. savoir concevoir une base de données relationnelle
2. connaître les éléments de base pour interroger une base de données relationnelle

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Gardarin G., "Bases de données", Edition Eyrolles, 2003 (ISBN 2-212-11281-5).

MOTS-CLÉS

bases de données relationnelles ; modélisation ; algèbre relationnelle ; LDD ; LMD ; language SQL

UE	ALGORITHMIQUE ET COMPLEXITE	3 ECTS	1er semestre
KBIA7AHU	Cours-TD : 26h	Enseignement en français	Travail personnel 49 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

FARINAS Jérôme
Email : jerome.farinas@utoulouse.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Décomposer un programme en éléments de plus petite taille.
Analyser le comportement de programmes simples fondés sur les variables, expressions, affectations, E/S, structure de contrôle, fonctions...
Créer des algorithmes résolvant des problèmes simples : transcription ADN en ARN, traduction en protéines.
Implémenter des algorithmes, les tester et les déboguer.
Comprendre les notions et les techniques qui permettent d'analyser la complexité d'algorithmes.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Algorithmique
* Syntaxe élémentaire, notion de variables, constantes...
* Expressions et affectations
* EntréesØ-sorties simples
* Structures de contrôle
* Types de données (entiers, réels, chaîne de caractères, tableaux, listes, dictionnaires)
* Fonctions

Concepts de la programmation
* Concept d'algorithme, types d'erreur, compréhension des programmes
* Algorithmes simples (moyenne, min, max d'une liste, manipulation de séquences ADN, transcription ARN, traduction protéines)
* Stratégies de résolution de problèmes

Complexité
Introduction des notions et techniques qui permettent d'analyser la complexité d'algorithmes.
Complexité de boucles, pour ou tantØque, dans le cas le pire et le cas moyen.

PRÉ-REQUIS

Aucun

COMPÉTENCES VISÉES

Savoir décomposer un programme en éléments de plus petite taille.
Analyser le comportement de programmes simples fondés sur les variables, expressions, affectations, E/S, structure de contrôle, fonctions...
Savoir créer des algorithmes résolvant des problèmes simples : transcription ADN en ARN, traduction en protéines.
Implémenter des algorithmes, les tester et les déboguer.
Comprendre les notions et les techniques qui permettent d'analyser la complexité d'algorithmes.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

AlgorithmesØ - Notions de base. Thomas H. Cormen. Dunod, 2013.

MOTS-CLÉS

Algorithmique, structures, instructions conditionnelles, séquences nucléiques et protéiques, annotations structurées, complexité asymptotique.

UE	MATHÉMATIQUES POUR LA BIOLOGIE	3 ECTS	1er semestre
KBIA7AIU	Cours-TD : 14h , TP : 13h	Enseignement en français	Travail personnel 48 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

MOUYSSET Sandrine
Email : sandrine.mouysset@irit.fr

NIARAKI Anna
Email : anna.niaraki@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Initiation théorique aux bases d'algèbre linéaire, d'analyse et de probabilités. Représentation matricielle. Modélisation de problèmes dynamiques : résolution d'équations différentielles. Présentation des algorithmes numériques pour résoudre ces problèmes. Probabilités. Mise en application dans le cadre d'un projet applicatif en biologie des notions théoriques et algorithmes vus en cours.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Algèbre Linéaire

- Opérations élémentaires sur les matrices
- Déterminant
- Diagonalisation : recherche de vecteurs/valeurs propres.
- résolutions de systèmes linéaires,

Analyse

- intégration,
- équations différentielles,
- optimisation,
- Droite de régression : problème des moindres carrés ordinaires

Probabilités

- Probabilités conditionnelles, règles de Bayes
- Variables aléatoires discrètes et continues : lois de probabilités, espérances, variances, covariance, corrélation
- modèle linéaire

SPÉCIFICITÉS

Séances de TP en salle informatique

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Mathématiques pour les Sciences de la vie et de la Terre - C. David, S. Mustapha, F. Viens, N. Capron, edition Dunod

MOTS-CLÉS

systèmes linéaires ; vecteurs/valeurs propres ; équations différentielles ; probabilités

UE	HARMONISATION DES CONNAISSANCES EN BIOLOGIE	3 ECTS	1er semestre
KBIA7AJU	TD : 12h	Enseignement en français	Travail personnel 63 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

MANGHI Manoel
Email : manghi@irsamc.ups-tlse.fr

ROUSSEAU Philippe
Email : philippe.rousseau@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

'objectif est de fournir un enseignement de mise à niveau en Biologie Cellulaire, Biologie Moléculaire et Génétique à des étudiants venant de licences en Physique ou en Bioinformatique.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

L'objectif est de fournir un enseignement de mise à niveau en Biologie Cellulaire, Biologie Moléculaire et Génétique à des étudiants venant de licences en Physique ou en Bioinformatique.
- Biologie Cellulaire : Introduction générale à la biologie cellulaire. Notion de cellule procaryote et eucaryote. Organisation de la cellule (compartimentation et dynamique intracellulaire). Expression génique et régulation. Mouvements cellulaires. Prolifération, différenciation et mort cellulaire. Enseignement intéractif privilégiant un travail collectif.
- Analyse Génétique : Relation gène-fonction. Notions de mutation et d'allèle. Lois de transmission de caractères héréditaires chez les eucaryotes (*i.e.* : monogénique et digénique). Notions d'indépendance et de liaison génique. Transmission génétique chez les procaryotes.
- Biologie Moléculaire : Structure du matériel génétique, notions de gène et de génôme. Présentation des grands processus moléculaires de la cellule (*i.e.* : réplication, transcription, traduction).

PRÉ-REQUIS

aucun

MOTS-CLÉS

Mots-clés : Biologie cellulaire, Biologie Moléculaire, Génétique mendélienne et moléculaire

UE	LANGUE VIVANTE	3 ECTS	1er semestre
KBIA7LGU	TD : 24h	Enseignement en français	Travail personnel 51 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

HAG Patricia
Email : patricia.hag@utoulouse.fr

YASSINE DIAB Nadia
Email : nadia.yassine-diab@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Niveau C1/C2 du CECRL (Cadre Européen Commun de Référence pour les Langues)
L'objectif de cette UE est de permettre aux étudiants de développer les compétences indispensables à la réussite dans leur future vie professionnelle en contextes culturels variés. Il s'agira d'acquérir l'autonomie linguistique nécessaire et de perfectionner les outils de langue spécialisée permettant l'intégration professionnelle et la communication d'une expertise scientifique dans le contexte international.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Les étudiants développeront :
-les compétences liées à la compréhension de publications scientifiques ou professionnelles rédigées en anglais ainsi que les compétences nécessaires à la compréhension de communications scientifiques orales.
- les outils d'expression permettant de maîtriser une présentation orale et/ou écrite et d'aborder une discussion critique dans le domaine scientifique, (ex. rhétorique, éléments linguistiques, prononciation...)
- la maîtrise des éléments d'argumentation critique à l'oral et/ou à l'écrit d'une publication scientifique
- une réflexion plus large sur leur place, leur intégration et leur rayonnement en tant que scientifiques dans la société, abordant des questions d'actualité, d'éthique, d'intégrité... .

PRÉ-REQUIS

Niveau B2 du CECRL

SPÉCIFICITÉS

Classe inversée, enseignement hybride, pédagogie active

COMPÉTENCES VISÉES

S'exprimer avec aisance à l'oral, devant un public, en usant de registres adaptés aux différents contextes et aux différents interlocuteurs.
Se servir aisément d'une langue vivante autre que le français : compréhension et expression écrites et orales :
- Comprendre un article scientifique ou professionnel rédigé en anglais sur un sujet relatif à leur domaine.
- Produire un écrit scientifique ou technique dans un anglais adapté, de qualité et respectant les normes et usages de la communauté scientifique anglophone.
-Interagir à l'oral en anglais : réussir ses échanges formels et informels lors des colloques, réunions ou entretiens professionnels.

MOTS-CLÉS

Projet - Anglais scientifique - Rédaction - Publication - Communications - esprit critique scientifique - interculturel

UE	TRAITEMENT DES DONNEES POSTGENOMIQUES (TDPG)	6 ECTS	2nd semestre
KBIA8AAU	Cours-TD : 26h , TP : 26h	Enseignement en français	Travail personnel 98 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

MOURAD Raphael
Email : raphael.mourad@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Cette unité d'enseignement a pour objectif de fournir une large palette de connaissances et de compétences en bioinformatiques et biostatistiques appliquées à un domaine en constante évolution en biologie moderne : la post-génomique. Cette dernière cherche à étudier la fonction et l'expression des gènes séquencés en génomique par la caractérisation systématique du rôle des mutations, de l'expression des ARN messagers, des ARN non-codants, ainsi que des protéines. Les données générées par la post-génomique sont extrêmement volumineuses et de très grandes dimensions (Big Data). Les applications sont nombreuses : génétique humaine, cancérologie, métagénomique, mais aussi, amélioration des espèces d'intérêt agronomique et étude de l'évolution des espèces.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Le premier atelier aborde la manipulation de gros fichiers de séquences, l'alignement des séquences sur le génome, l'assemblage de novo de génomes, la détection de SNP ainsi que leur annotation fonctionnelle. Le second atelier traite de la mesure du niveau d'expression des ARN messagers, de l'analyse différentielle, des méthodes d'enrichissement d'ensemble de gènes et de la détection de variants d'épissage alternatif. Le troisième atelier permet de caractériser les différentes familles d'ARN non codants, d'employer les banques de données et de maîtriser les méthodes bioinformatiques pour traiter les données. Le quatrième atelier présente les caractéristiques générales des spectromètres de masse et les stratégies d'analyse protéomique. Il traite aussi de l'analyse des modifications post-traductionnelles et à celle des interactomes, des stratégies de quantification haut-débit et du traitement des données protéomiques.

PRÉ-REQUIS

Connaissances en biologie moléculaire, génomique, biochimie des protéines, ainsi qu'en algorithmique, théorie des graphes et traitement statistique de données.

SPÉCIFICITÉS

Séances TP en salle informatique

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Pevsner. Bioinformatics and Functional Genomics, 2015.
Datta and Nettelton. Statistical Analysis of Next Generation Sequencing Data, 2014.
Wu and Choudry, Next Generation Sequencing in Cancer Research, 2013.

MOTS-CLÉS

Haut-débit ; Assemblage de génome ; SNP ; RNA-seq ; small RNA-seq ; Protéomique

UE	EVOLUTION MOLÉCULAIRE	3 ECTS	2nd semestre
Sous UE	Evolution Moléculaire 1		
KBIX8AB1	Cours-TD : 12h	Enseignement en français	Travail personnel 45 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

FICHANT Gwennaele
Email : gwennaele.fichant@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Cet enseignement a pour but d'initier les étudiants aux analyses d'évolution moléculaire. Les concepts et méthodes développées dans cette discipline seront détaillés et seront accompagnés par leur mise en pratique sur des cas concrets de reconstruction phylogénétique. L'accent sera mis sur l'interprétation évolutive des arbres obtenus.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Cette UE introduira les concepts de l'évolution puis présentera les différents modèles d'évolution des séquences génomiques (ADN et protéines) et les différentes approches de reconstruction d'arbres (parcimonie, méthode de distances, méthode du maximum de vraisemblance). Les méthodes permettant le choix du modèle évolutif le plus adapté aux données traitées, celles utilisées pour analyser la stabilité de la topologie et celles permettant l'analyse de la congruence de plusieurs arbres seront également développées. L'étude de l'impact des forces évolutives (sélection naturelle, dérive,...) sur le polymorphisme des séquences sera aussi abordé. Les concepts et approches vus en cours seront illustrés par des cas concrets (évolution des séquences d'une famille de protéines, pression de sélection sur certains gènes et régions du génome, reconstruction de la phylogénie d'un ensemble d'espèces, etc) lors de séances de TP sur ordinateurs. Au cours des TD, l'accent sera mis sur l'interprétation évolutive des topologies d'arbres (détection des évènements de duplication et/ou perte de gène, de transferts horizontaux etc.)

SPÉCIFICITÉS

Séances de TP en salle informatique

COMPÉTENCES VISÉES

- Mettre en œuvre une analyse évolutive des séquences d'une famille de gènes/protéines en utilisant les bonnes pratiques du choix du modèle évolutif le plus adapté aux données et des méthodes de reconstruction d'arbres.
- Evaluer les différents types de sélection et leur impact sur le polymorphisme des séquences, et mettre en oeuvre une méthode de recherche de traces de sélection (tests de neutralité).
- Interpréter un arbre phylogénétique pour proposer un scénario évolutif des séquences analysées.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Concepts et Méthodes en Phylogénie Moléculaire (2010). Guy Perrière et Céline Brochier-Armanet. Collection IRIS, Springer
Computational Molecular Evolution. Ziheng Yang. Oxford University Press.

MOTS-CLÉS

évolution ; méthodes de reconstruction d'arbre phylogénétique ; congruence ; bootstrap ; sélection naturelle ; dérive

UE	EVOLUTION MOLÉCULAIRE	3 ECTS	2nd semestre
Sous UE	Evolution Moléculaire 2		
KBIX8AB2	TD : 6h , TP : 12h	Enseignement en français	Travail personnel 45 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

FICHANT Gwennaele
Email : gwennaele.fichant@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Voir syllabus du module théorique associé (KBIX8AB1)

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Voir syllabus du module théorique associé (KBIX8AB1)

COMPÉTENCES VISÉES

Voir syllabus du module théorique associé (KBIX8AB1)

UE	FOUILLE DE DONNÉES	3 ECTS	2nd semestre
KBIA8ACU	Cours-TD : 12h , TP : 16h	Enseignement en français	Travail personnel 47 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

BARRIOT Roland
Email : roland.barriot@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Cette UE a pour but d'initier les étudiants aux techniques modernes de fouilles de données permettant de prédire, par exemple, si celui qui achète du pain et du beurre va acheter de la confiture, s'il est raisonnable pour une banque d'attribuer une carte de crédit, si la protéase PfSUB1 joue un rôle dans la division de *Plasmodium falciparum* (parasite responsable de la malaria), ou encore de diagnostiquer un sous-type de cancer du sein à partir de données transcriptomique de la patiente. En général, plusieurs méthodes peuvent être utilisées, plus ou moins performantes : il s'agit donc de les comprendre, d'apprendre à les mettre en œuvre et d'estimer leurs performances.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

- Mesures de distance, similarité, dissemblance
- Normalisation et transformation
- Classification
  - Arbre de décision et forêts aléatoires
  - Méthodes bayésiennes
  - k plus proches voisins
  - Analyse discriminante linéaire
- Clustering
  - k means, k medoids
  - Clustering hiérarchique
  - Méthodes basées sur la densité
  - Méthodes basées sur une grille
- Evaluation des performances
- Extraction de règles d'association et d'itemsets fréquents
- Logiciels, librairies et boites à outils disponibles

PRÉ-REQUIS

Statistiques, programmation

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Data Mining : Concepts and Techniques, J. Han and M. Kamber, 2006
Hadley Wickham & Garret Grolemund, R for Data Science, https ://r4ds.had.co.nz Pedregosa et al.,
Scikit-learn : Machine Learning in Python, JMLR, 2011 https ://scikit-learn.org/

MOTS-CLÉS

prétraitement des données ; classification et prédiction ; partitionnement ; caractérisation et discrimination ; règles d'association

UE	PROGRAMMATION AVANCÉE ET GÉNIE LOGICIEL	6 ECTS	2nd semestre
KBIA8ADU	Cours-TD : 24h , TP : 30h	Enseignement en français	Travail personnel 96 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

RAYNAL Mathieu
Email : mathieu.raynal@utoulouse.fr

UE	PROJET TUTEURÉ EN BIOINFORMATIQUE (PTUT)	3 ECTS	2nd semestre
KBIA8AEU	TD : 8h , Projet : 25h	Enseignement en français	Travail personnel 67 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

NIARAKI Anna
Email : anna.niaraki@univ-tlse3.fr

SEGUIN-ORLANDO Andaine
Email : andaine.seguin@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Mettre en œuvre des techniques de méthodologie de travail et d'organisation de projet.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Partie I
Méthodologie de travail en groupe et de suivi de projet. Outils de suivi de modifications et de travail collaboratif. Licences logicielles.
Partie II
Projets en groupes de 3 à 4 personnes. Travail sur des thématiques de bioinformatique mettant en œuvre les concepts et compétences acquises au premier semestre. Utilisation de techniques de travail en groupe et de suivi de projets. Évaluation par des rapports de suivi de projet et une soutenance orale.

PRÉ-REQUIS

N/A

COMPÉTENCES VISÉES

- Maîtriser des techniques de management des projets informatiques dans le domaine de la bioinformatique.
- Travailler en équipe pour mener à bien un projet collaboratif.
- Etablir un cahier des charges et s'y confronter pour la réalisation du projet.
- Identifier les approches/méthodes/logiciels adaptés à la résolution du projet proposé.
- Présenter le projet et les résultats expérimentaux, en anglais, à un public non spécialiste du sujet mais constitué de pairs.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

PMI, management de projet : un référentiel de connaissances, AFNOR, 2004
Management d'un projet système d'information : principes, techniques, mise en œuvre et outils, Chantal Morley, Dunod, 2006

MOTS-CLÉS

méthodologie de travail ; travail en groupe ; suivi de projet ; suivi des modifications ; outils collaboratifs

UE	ANALYSE DES DONNEES MULTIVARIEES (analyse_multi)	3 ECTS	2nd semestre
KBIA8AFU	Cours : 8h , TP : 16h	Enseignement en français	Travail personnel 51 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

GRENOUILLET Gael
Email : GAEL.GRENOUILLET@UTOULOUSE.FR

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

A l'issue de cet enseignement, les étudiants devront être à même :

- d'organiser des données et de formuler une problématique pertinente
- de choisir la (ou les) méthode(s) d'analyse en fonction de la nature des données et de la problématique formulée
- de mettre en œuvre ces méthodes (utilisation du logiciel R)
- de représenter graphiquement et d'interpréter les résultats
- de rédiger les conclusions dans un rapport de synthèse

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Cet enseignement propose une présentation des principales méthodes d'analyse adaptées aux données multidimensionnelles. Les méthodes abordées seront illustrées à partir d'exemples réels provenant d'études écologiques. L'enseignement cherchera à montrer plus particulièrement en quoi (1) la nature complexe des systèmes biologiques conduit souvent à la nécessité de prendre en compte un grand nombre de descripteurs, et (2) l'écologie est un champ d'application privilégié des diverses méthodes abordées.
Les aspects théoriques indispensables à la compréhension et à la bonne utilisation de ces méthodes seront traités au cours des CM. Les TP, en salle informatique, permettront aux étudiants de mettre en pratique ces méthodes et donneront une place importante à l'interprétation écologique des résultats statistiques. Enfin, un projet réalisé en fin d'UE par binôme permettra aux étudiants d'être confrontés à un problème biologique concret. Ce projet portera sur l'analyse d'un jeu de données collecté dans le cadre d'une étude écologique et aboutira à la rédaction d'un rapport.

PRÉ-REQUIS

Une UE de biostatistiques élémentaires est exigée, ainsi que des connaissances de base du logiciel R.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Escoffier & Pagès. Analyses factorielles simples et multiples - Objectifs, méthodes et interprétation. Dunod
Lebart, Piron, & Morineau. Statistiques exploratoire multidimensionnelle. Dunod

MOTS-CLÉS

Analyses factorielles ; structure des tableaux de données en écologie ; liaisons entre descripteurs (biologiques, environnementaux, ...)

UE	BIOSTATISTIQUES : UTILISATION AVANCEE DU MODELE LINEAIRE	3 ECTS	2nd semestre
KBIA8AGU	Cours : 4h , TP : 24h	Enseignement en français	Travail personnel 47 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

ANDALO Christophe
Email : christophe.andalo@univ-tlse3.fr

FERDY Jean-Baptiste
Email : Jean-Baptiste.Ferdy@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

À l'issue de cet enseignement, les étudiants devront être à même d'analyser un jeu de données complexe en utilisant des modèles linéaires simple (lm) ou généralisé (glm). Ils devront maîtriser suffisamment les bases théoriques de ces outils pour pouvoir montrer la pertinence de leur choix d'analyse, et interpréter en détail les résultats obtenus.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Cet enseignement propose une présentation détaillée des applications du modèle linéaire et du modèle linéaire généralisé à l'analyse des données biologiques. Les éléments théoriques permettant de comprendre les conditions d'application de ces méthodes d'analyse seront expliqués. L'accent sera mis sur les outils permettant de vérifier que ces conditions d'application sont bien remplies, et sur la démarche à adopter lorsqu'elles ne le sont pas. L'enseignement sera déroulera en travaux pratiques par l'analyse détaillée de jeux de données tirés de travaux en écologie, biologie comportementale et biologie évolutive.

PRÉ-REQUIS

Statistiques descriptives, lois de probabilités usuelles, test d'hypothèse, régression linéaire, ANOVA, ANCOVA, utilisation basique du logiciel R.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Le modèle linéaire et ses extensions. Modèle linéaire général, modèle linéaire généralisé, modèle mixte, plans d'expériences

MOTS-CLÉS

Statistique, Modèle linéaire, Modèle linéaire généralisé

UE	INTRODUCTION A LA MODELISATION MOLECULAIRE	3 ECTS	2nd semestre
KBIA8AHU	Cours : 6h , TD : 14h , TP : 6h	Enseignement en français	Travail personnel 49 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

FERRE Guillaume
Email : guillaume.ferre@ipbs.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Ce module a pour but d'initier les étudiants aux concepts de base de la modélisation moléculaire. A l'issu de cet enseignement l'étudiant sera capable de créer une molécule et de déterminer sa structure optimale, tant *in vacuo* que dans un complexe récepteur-ligand.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Présentation de concepts de base de la modélisation de structures biomoléculaires. Seront abordés les aspects théoriques et computationnels de la détermination de structures tridimensionnelles de molécules d'intérêt biologique par l'approche empirique, basée sur le champ de force et l'optimisation de géométrie. La partie pratique du module sera consacrée à la création, visualisation, modification et optimisation de structures moléculaires.

PRÉ-REQUIS

N/A

SPÉCIFICITÉS

Enseignement dans une salle équipée des ordinateurs.

COMPÉTENCES VISÉES

La compréhension et la connaissance pratique du docking et de la simulation de dynamique moléculaire.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Principles of Molecular Modelling, Andrew Leach, Prentice Hall, 2001.
Molecular Modelling for Beginners, Alan Hinchliffe, John Wiley & Sons Ltd, 2003.
Molecular Modeling and Simulation, Tamar Schlick, Springer-Verlag New York Inc., 2010.

MOTS-CLÉS

Visualisation et manipulation de molécules ; structure et dynamique moléculaire ; champs de force ; minimisation d'énergie ; complexe récepteur-ligand

UE	LANGUE VIVANTE	3 ECTS	2nd semestre
KBIA8LGU	TD : 24h	Enseignement en français	Travail personnel 51 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

YASSINE DIAB Nadia
Email : nadia.yassine-diab@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Niveau C1/C2 du CECRL (Cadre Européen Commun de Référence pour les Langues)
L'objectif de cette UE est de permettre aux étudiants de développer les compétences indispensables à la réussite dans leur future vie professionnelle en contextes culturels variés. Il s'agira d' acquérir l'autonomie linguistique nécessaire et de perfectionner les outils de langue spécialisée permettant l'intégration professionnelle et la communication d'une expertise scientifique dans le contexte international.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Les étudiants développeront :
- les compétences liées à la compréhension de publications scientifiques ou professionnelles rédigées en anglais ainsi que les compétences nécessaires à la compréhension de communications scientifiques orales.
- les outils d'expression permettant de maîtriser une présentation orale et/ou écrite et d'aborder une discussion critique dans le domaine scientifique, (ex. rhétorique, éléments linguistiques, prononciation...) .
- la maîtrise des éléments d'argumentation critique à l'oral et/ou à l'écrit d'une publication scientifique
- une réflexion plus large sur leur place, leur intégration et leur rayonnement en tant que scientifiques dans la société, abordant des questions d'actualité, d'éthique, d'intégrité... .

PRÉ-REQUIS

Niveau B2 du CECRL

SPÉCIFICITÉS

Classe inversée, enseignement hybride, pédagogie active

COMPÉTENCES VISÉES

S'exprimer avec aisance à l'oral, devant un public, en usant de registres adaptés aux différents contextes et aux différents interlocuteurs. Se servir aisément d'une langue vivante autre que le français : compréhension et expression écrites et orales :
- Comprendre un article scientifique ou professionnel rédigé en anglais sur un sujet relatif à leur domaine.
- Produire un écrit scientifique ou technique dans un anglais adapté, de qualité et respectant les normes et usages de la communauté scientifique anglophone.
-Interagir à l'oral en anglais : réussir ses échanges formels et informels lors des colloques, réunions ou entretiens professionnels.

MOTS-CLÉS

Projet - Anglais scientifique - Rédaction - Publication - Communications - esprit critique scientifique - interculturel

GLOSSAIRE

TERMES GÉNÉRAUX

SYLLABUS

Dans l'enseignement supérieur, un syllabus est la présentation générale d'un cours ou d'une formation. Il inclut : objectifs, programme de formation, description des UE, prérequis, modalités d'évaluation, informations pratiques, etc.

DÉPARTEMENT

Les départements d'enseignement sont des structures d'animation pédagogique internes aux composantes (ou facultés) qui regroupent les enseignantes et enseignants intervenant dans une ou plusieurs mentions.

UE : UNITÉ D'ENSEIGNEMENT

Un semestre est découpé en unités d'enseignement qui peuvent être obligatoires, à choix ou facultatives. Une UE représente un ensemble cohérent d'enseignements auquel sont associés des ECTS.

UE OBLIGATOIRE / UE FACULTATIVE

L'UE obligatoire fait référence à un enseignement qui doit être validé dans le cadre du contrat pédagogique. L'UE facultative vient en supplément des 60 ECTS de l'année. Elle est valorisée dans le supplément au diplôme. L'accumulation de crédits affectés à des UE facultatives ne contribue pas à la validation de semestres ni à la délivrance d'un diplôme.

ECTS : EUROPEAN CREDITS TRANSFER SYSTEM

Les ECTS constituent l'unité de mesure commune des formations universitaires de licence et de master dans l'espace européen. Chaque UE obtenue est ainsi affectée d'un certain nombre d'ECTS (en général 30 par semestre d'enseignement, 60 par an). Le nombre d'ECTS varie en fonction de la charge globale de travail (CM, TD, TP, etc.) y compris le travail personnel. Le système des ECTS vise à faciliter la mobilité et la reconnaissance des diplômes en Europe.

TERMES ASSOCIÉS AUX DIPLOMES

Les diplômes sont déclinés en domaines, mentions et parcours.

DOMAINE

Le domaine correspond à un ensemble de formations relevant d'un champ disciplinaire ou professionnel commun. La plupart des formations de l'UT3 relèvent du domaine « Sciences, Technologies, Santé ».

MENTION

La mention correspond à un champ disciplinaire. Il s'agit du niveau principal de référence pour la définition des diplômes nationaux. La mention comprend, en général, plusieurs parcours.

PARCOURS

Le parcours constitue une spécialisation particulière d'un champ disciplinaire choisie par l'étudiant·e au cours de son cursus.

LICENCE CLASSIQUE

La licence classique est structurée en six semestres et permet de valider 180 crédits ECTS. Les UE peuvent être obligatoires, à choix ou facultatives. Le nombre d'ECTS d'une UE est fixé sur la base de 30 ECTS pour l'ensemble des UE obligatoires et à choix d'un semestre.

LICENCE FLEXIBLE

À la rentrée 2022, l'université Toulouse III - Paul Sabatier met en place une licence flexible. Le principe est d'offrir une progression "à la carte" grâce au choix d'unités d'enseignement (UE). Il s'agit donc d'un parcours de formation personnalisable et flexible dans la durée. La progression de l'étudiant·e dépend de son niveau de départ et de son rythme personnel. L'inscription à une UE ne peut être faite qu'à condition d'avoir validé les UE pré-requises. Le choix de l'itinéraire de la licence flexible se fait en concertation étroite avec une direction des études (DE) et dépend de la formation antérieure, des orientations scientifiques et du projet professionnel de l'étudiant·e. L'obtention du diplôme est soumise à la validation de 180 crédits ECTS.

DIRECTION DES ÉTUDES ET ENSEIGNANT·E RÉFÉRENT·E

La direction des études (DE) est constituée d'enseignantes et d'enseignants référents, d'une directrice ou d'un directeur des études et d'un secrétariat pédagogique. Elle organise le projet de formation de l'étudiant·e en proposant une individualisation de son parcours pouvant conduire à des aménagements. Elle est le lien entre l'étudiant·e, l'équipe pédagogique et l'administration.

TERMES ASSOCIÉS AUX ENSEIGNEMENTS

CM : COURS MAGISTRAL(AUX)

Cours dispensé en général devant un grand nombre d'étudiantes et d'étudiants (par exemple, une promotion entière), dans de grandes salles ou des amphithéâtres. Ce qui caractérise également le cours magistral est qu'il est le fait d'une enseignante ou d'un enseignant qui en définit les structures et les modalités. Même si ses contenus font l'objet de concertations avec l'équipe pédagogique, chaque cours magistral porte donc la marque de la personne qui le crée et le dispense.

TD : TRAVAUX DIRIGÉS

Ce sont des séances de travail en groupes restreints (de 25 à 40 étudiantes et étudiants selon les composantes), animées par des enseignantes et enseignants. Les TD illustrent les cours magistraux et permettent d'approfondir les éléments apportés par ces derniers.

TP : TRAVAUX PRATIQUES

Méthode d'enseignement permettant de mettre en pratique les connaissances théoriques acquises durant les CM et les TD. Généralement, cette mise en pratique se réalise au travers d'expérimentations et les groupes de TP sont constitués de 16 à 20 étudiantes et étudiants. Certains travaux pratiques peuvent être partiellement encadrés ou peuvent ne pas être encadrés du tout. A contrario, certains TP, du fait de leur dangerosité, sont très encadrés (jusqu'à une enseignante ou un enseignant pour quatre étudiantes et étudiants).

PROJET OU BUREAU D'ÉTUDE

Le projet est une mise en pratique en autonomie ou en semi-autonomie des connaissances acquises. Il permet de vérifier l'acquisition de compétences.

TERRAIN

Le terrain est une mise en pratique encadrée des connaissances acquises en dehors de l'université.

STAGE

Le stage est une mise en pratique encadrée des connaissances acquises dans une entreprise ou un laboratoire de recherche. Il fait l'objet d'une législation très précise impliquant, en particulier, la nécessité d'une convention pour chaque stagiaire entre la structure d'accueil et l'université.

SESSIONS D'ÉVALUATION

Il existe deux sessions d'évaluation : la session initiale et la seconde session (anciennement appelée "session de rattrapage", constituant une seconde chance). La session initiale peut être constituée d'examens partiels et terminaux ou de l'ensemble des épreuves de contrôle continu et d'un examen terminal. Les modalités de la seconde session peuvent être légèrement différentes selon les formations.

SILLON

Un sillon est un bloc de trois créneaux de deux heures d'enseignement. Chaque UE est généralement affectée à un sillon. Sauf cas particuliers, les UE positionnées dans un même sillon ont donc des emplois du temps incompatibles.


Université
de Toulouse