Université de Toulouse

Faculté sciences et ingénierie Université de Toulouse

PÉRIODE D'ACCRÉDITATION : 2022 / 2026

UNIVERSITE DE TOULOUSE

SYLLABUS MASTER

Mention Bio-informatique

M2 BioInformatique et Génomique Environnementale

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

2026 / 2027

24 NOVEMBRE 2026

SOMMAIRE

PRÉSENTATION 3

PRÉSENTATION DE LA MENTION ET DU PARCOURS 3

Mention Bio-informatique 3

Compétences de la mention 3

Parcours 3

PRÉSENTATION DE L'ANNÉE DE M2 BioInformatique et Génomique Environnementale 4

Aménagements des études : 4

RUBRIQUE CONTACTS 5

CONTACTS PARCOURS 5

CONTACTS MENTION 5

CONTACTS DÉPARTEMENT : FSI.BioGéo 5

Tableau Synthétique des UE de la formation 6

LISTE DES UE 7

GLOSSAIRE 21

TERMES GÉNÉRAUX 21

TERMES ASSOCIÉS AUX DIPLOMES 21

TERMES ASSOCIÉS AUX ENSEIGNEMENTS 22

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

Le parcours Bioinformatique et Génomique environnementale (BGE) permettra aux étudiant(e)s d'acquérir des bases conceptuelles et pratiques solides qui leur permettront de (i) traiter des données génomiques issues de prélèvements environnementaux, (ii) décrire la diversité taxonomique et fonctionnelle de ces prélèvements, (iii) modéliser les interactions entre les différentes composantes des systèmes biologiques décrits, ainsi qu'inférer leur évolution et prédire leur capacité d'adaptation.

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

- les connaissances en **écologie, génétique et évolution** pour appréhender les enjeux et tester des hypothèses dans les projets de génomique environnementale.
- les démarches pour **établir une description précise et robuste de l'information biologique et des interactions possibles dans un environnement donné** , pour mieux comprendre la réponse des sys-

tèmes biologiques dans un contexte environnement-dépendant.
- les connaissances en**traitements statistique des grands jeux** de données génomiques pour en extraire les informations pertinentes.
- les connaissances en **bases de données et programmation** pour accompagner les projets au quotidien.

PRÉSENTATION DE L'ANNÉE DE M2 BIOINFORMATIQUE ET GÉNOMIQUE ENVIRONNEMENTALE

La deuxième année (M2) comprend une formation théorique (semestre 3, 30 ECTS) composée de 8 UE. Deux UE portent sur l'introduction (i) aux bases de données et (ii) aux approches d'IA. Deux UE portent sur les approches d'analyse des données de génome et sur le traitement des réseaux biologiques par la théorie des graphes. Une UE aborde l'étude de la relation entre évolution des génomes et adaptation à des environnements différents. Une UE spécifique porte sur les approches de génomique écologique et des populations, de métagénomique et de paléogénomique, avec pour objectifs d'exploiter des données génomiques de polymorphismes moléculaires d'échantillons populationnels ou environnementaux, et de tester des hypothèses à l'aide de méthodes statistiques descriptives et inférentielles. Les enseignements dans cette UE (cours/TD et ateliers) impliquent un travail actif de l'étudiant(e) pour approfondir sa formation à la démarche à la recherche et à l'autoformation. La rigueur et la démarche scientifique requises pour réaliser la synthèse de travaux scientifiques et leur présentation sont abordées dans l'UE communication scientifique. Finalement, une UE aborde le développement des compétences transversales nécessaires à une insertion professionnelle réussie.
La formation pratique (S4) consiste en un stage de 6 mois soit en milieu académique, soit en entreprise, en France ou à l'étranger. Il sera validé par un rapport écrit et une soutenance orale en fin d'année.
A l'issue des deux années du parcours, les étudiant(e)s auront acquis, en plus des compétences de la mention, les compétences suivantes plus spécifiques au parcours Bioinformatique et Génomique Environnementale :

- Poser une problématique scientifique soutenue par la documentation bibliographique, en y associant une solution par l'approche et l'expertise de génomique environnementale.
- Maitriser les concepts de collecte de données ou d'échantillons, et les protocoles permettant le traitement bioinformatique des données de séquençage générées.
- Gérer un système de stockage de données volumineuses et proposer une réponse méthodologique adaptée pour les diverses analyses dans le cadre de projets.
- Traiter des jeux de données volumineux de polymorphisme moléculaires (génomiques/métagénomiques) à l'aide d'outils de modélisation statistique (description, tests d'hypothèses, inférence) et de solutions logicielles.
- Apporter son expertise pour l'interprétation des résultats d'analyses dans les études de métagénomique, d'ADN dégradé, de génomique des populations, de génomique écologique et de phylogénomique.
- Sur la base des résultats obtenus, rédiger des rapports décrivant la dynamique et les particularités des systèmes étudiés, en y intégrant les aspects fonctionnels et évolutifs, notamment dans des objectifs de prédiction.

AMÉNAGEMENTS DES ÉTUDES :

- Etudiant en situation de handicap
- Etudiant entrepreneur
- Etudiant salarié
- Sportif et Artiste de haut niveau

RUBRIQUE CONTACTS

CONTACTS PARCOURS

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	Seminaire	TD	TP	Stage*	Stage ne
Premier semestre												
15	KBIB9AGU	INTRODUCTION AUX BASES DE DONNÉES	I	3	O		17			10		
9	KBIB9ABU	BIOINFORMATIQUE POUR LA GÉNOMIQUE (BG)	I	3	O		16			12		
11	KBIB9ADU	TRAITEMENT DES GRAPHES ET RÉSEAUX BIOLOGIQUES	I	3	O		12			16		
8	KBIB9AAU	INTRODUCTION APPRENTISSAGE AUTOMATIQUE	I	3	O		10			20		
14	KBIB9AFU	PHYLOGÉNOMIQUE	I	3	O		14			16		
	KBIB9AEU	MÉTA-GÉNOMIQUE ÉCOLOGIQUE ET ÉVOLUTIVE	I	9	O							
12	KBIX9AE1	Méta-Génomique écologique et évolutive					15					
13	KBIX9AE2	Méta-Génomique écologique et évolutive							12	54		
10	KBIB9ACU	COMMUNICATION SCIENTIFIQUE	I	3	O				20			
	KBIB9AHU	OUVERTURE : INTERNATIONAL BIOÉTHIQUE INSERTION PRO	I	3	O							
16	KBTX9AA1	Ouverture : international, bioéthique, insertion professionnelle				6			12	4		
18	KBTX9AA2	Ouverture : international, bioéthique, insertion professionnelle						6				
Second semestre												
Choisir 1 UE parmi les 2 UE suivantes :												
19	KBIBAAAU	STAGE PROFESSIONNEL	II	30	O						6	
20	KBIBAABU	STAGE RECHERCHE	II	30	O							6

* **AN** :enseignenents annuels, **I** : premier semestre, **II** : second semestre
Stage: en nombre de mois

LISTE DES UE

UE	INTRODUCTION APPRENTISSAGE AUTOMATIQUE	3 ECTS	1er semestre
KBIB9AAU	Cours-TD : 10h , TP : 20h	Enseignement en français	Travail personnel 45 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

FARINAS Jérôme
Email : jerome.farinas@utoulouse.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

L'apprentissage automatique est un champ d'étude de l'intelligence artificielle qui se fonde sur des approches mathématiques et statistiques pour donner aux ordinateurs la capacité d'« apprendre » à partir de données, c'est-à-dire d'améliorer leurs performances à résoudre des tâches sans être explicitement programmés pour chacune. Les progrès récents de ce champ de l'IA font qu'il s'introduit dans tous les champs scientifiques, et en particulier la biologie et la génétique. Le but du module est donc de donner aux étudiant(e)s un aperçu global de l'apprentissage, à la fois l'apprentissage par renforcement et l'apprentissage à partir d'exemples. Pour ces 2 sous domaines, les principes théoriques sont introduits, des algorithmes sont présentés.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

On développe (d'abord d'un point de vue théorique) l'apprentissage automatique non supervisé puis supervisé. Ensuite on avorde l'apprentissage profond : perceptrons multicouches, CNN, RNN.
La partie pratique consiste en l'implémentation en python de ces algorithmes ainsi que la manipulation des librairies essentielles au domaine (Keras, tensorflow, scikit-learn).

- Principes génériques et fonction de perte
- Minimisation et descente en gradient
- Réseau de neurones
- Réseaux Convolutifs
- Réseaux de neurones récurrents
- Réseaux génératifs
- Problèmes et solutions : vanishing gradient, overfitting, etc.

PRÉ-REQUIS

Probabilités (les fondamentaux seulement)

COMPÉTENCES VISÉES

A la fin du module, les étudiant(e)s sont capables d'analyser un jeu de données, de le préparer, de choisir un algorithme d'apprentissage adapté et de l'implémenter.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Machine learning (1997) Tom M. Mitchel, Publisher : McGraw-Hill

MOTS-CLÉS

Apprentissage automatique ; Réseau de neurones multi-couches

UE	BIOINFORMATIQUE POUR LA GÉNOMIQUE (BG)	3 ECTS	1er semestre
KBIB9ABU	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	COMMUNICATION SCIENTIFIQUE	3 ECTS	1er semestre
KBIB9ACU	TD : 20h	Enseignement en français	Travail personnel 55 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

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

LECOMPTE Emilie
Email : emilie.lecompte@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

L'objectif est d'apprendre et de mettre en œuvre la synthèse et la présentation de travaux scientifiques via différents supports de communication.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Elaboration de support de communication : diapositives, présentations interactives, poster. Rédaction d'une synthèse de l'état de l'art sous forme d'une revue en anglais respectant un format de journal international. En pratique, chaque étudiant se verra proposer une publication scientifique en relation avec les thématiques abordées dans les UE de biologie des systèmes 1 et 2 (parcours BBS), méta-génomique écologique et évolutive (parcours BGE) et phylogénomique. L'étudiant devra présenter cette publication à l'oral avec un support écrit en anglais. Le thème de cette publication servira de point de départ pour la synthèse et la rédaction de la mini-revue dont le format suivra celui demandé pour l'écriture d'une revue dans un journal international.

PRÉ-REQUIS

N/A

COMPÉTENCES VISÉES

- Présenter oralement, en français ou en anglais, une publication scientifique en faisant ressortir la problématique abordée, la démarche bioinformatique adoptée, les résultats sous forme synthétisée et la conclusion/discussion.
- Choisir de façon pertinente les figures et résultats les plus importants pour la compréhesion d'une publication lors de sa présentation orale, en français ou en anglais.
- Elaborer une synthèse écrite critique en anglais de la littérature scientifique portant sur une question dans la thématique d'un atelier sur la base d'un travail de recherche bibliographique.

UE	TRAITEMENT DES GRAPHES ET RÉSEAUX BIOLOGIQUES	3 ECTS	1er semestre
KBIB9ADU	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	MÉTA-GÉNOMIQUE ÉCOLOGIQUE ET ÉVOLUTIVE	9 ECTS	1er semestre
Sous UE	Méta-Génomique écologique et évolutive		
KBIX9AE1	Cours-TD : 15h	Enseignement en français	Travail personnel 225 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

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

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

S'approprier les approches :

- de génomique des populations qui permettent d'évaluer l'influence des pressions évolutives (sélection naturelle, dérive génétique, recombinaison, mutation, et migration) sur la diversité génétique d'une espèce.
- de génomique écologique, pour identifier les bases génétiques (i) des caractères adaptatifs et (ii) de la réponse des populations à la variabilité de l'environnement biotique et abiotique.
- de métagénomique pour décrire la diversité taxonomique et fonctionnelle.
- de paléogénomique pour comprendre l'évolution démographique et adaptative de certains groupes taxonomiques sous un angle temporel.

Exploiter et Interpréter les données génomiques d'échantillons populationnels ou environnementaux dans le cadre d'hypothèses écologiques et évolutives.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Les différentes approches seront introduites au travers de CM, séminaires et TD de chercheurs et d'enseignants-chercheurs, en s'appuyant sur des projets de recherche existants. Les TD s'appuieront sur l'analyse d'articles méthodologiques ou de recherche ciblant certaines thématiques. La mise en application sur les 4 grandes thématiques se fera dans le cadre de séances de travaux pratiques et de mini-projets, par l'analyse et l'interprétation des données :

- Génomique des populations : détection de locus sous sélection, structuration génétique, inférences de paramètres démographiques.
- Génomique écologique : analyses d'association génotype-phénotype (ex : résistance à un pathogène) et génotype-environnement.
- Métagénomique (thématiques ciblées) : détection de pathogènes dans des échantillons (alimentaires, archéologiques), quantification de la biodiversité dans des environnements cibles (systèmes aquatiques, sols,...), métagénomique des interactions (communautés, pollinisateurs).
- Paléogénomique : caractérisation des polymorphismes d'ADN anciens, estimation des phénomènes démographiques anciens (introgression, hybridation, ...), détection de locus impliqués dans l'évolution adaptative d'un taxon.

PRÉ-REQUIS

Les UE de M1 BGE : Génomique Environnementale, Ecologie Evolutive

SPÉCIFICITÉS

Travaux Pratiques en salle informatique

MOTS-CLÉS

génomique des populations, génomique écologique, métagénomique, paléogénomique, Next-Generation Sequencing, Single Nucleotide Polymorphism (SNP), modélisation

UE	MÉTA-GÉNOMIQUE ÉCOLOGIQUE ET ÉVOLUTIVE	9 ECTS	1er semestre
Sous UE	Méta-Génomique écologique et évolutive		
KBIX9AE2	TD : 12h , TP : 54h	Enseignement en français	Travail personnel 225 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

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

LECOMPTE Emilie
Email : emilie.lecompte@univ-tlse3.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

S'approprier les approches :
- de génomique des populations qui permettent d'évaluer l'influence des pressions évolutives (sélection naturelle, dérive génétique, recombinaison, mutation, et migration) sur la diversité génétique d'une espèce.
- de génomique écologique, pour identifier les bases génétiques (i) des caractères adaptatifs et (ii) de la réponse des populations à la variabilité de l'environnement biotique et abiotique.
- de métagénomique pour décrire la diversité taxonomique et fonctionnelle.
- de paléogénomique pour comprendre l'évolution démographique et adaptative de certains groupes taxonomiques sous un angle temporel.

Exploiter et Interpréter les données génomiques d'échantillons populationnels ou environnementaux dans le cadre d'hypothèses écologiques et évolutives.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Les différentes approches seront introduites au travers de CM, séminaires et TD de chercheurs et d'enseignants-chercheurs, en s'appuyant sur des projets de recherche existants. Les TD s'appuieront sur l'analyse d'articles méthodologiques ou de recherche ciblant certaines thématiques. La mise en application sur les 4 grandes thématiques se fera dans le cadre de séances de travaux pratiques et de mini-projets, par l'analyse et l'interprétation des données :

Génomique des populations : détection de locus sous sélection, structuration génétique, inférences de paramètres démographiques.

Génomique écologique : analyses d'association génotype-phénotype (ex : résistance à un pathogène) et génotype-environnement.

Métagénomique (thématiques ciblées) : détection de pathogènes dans des échantillons (alimentaires, archéologiques), quantification de la biodiversité dans des environnements cibles (systèmes aquatiques, sols,...), métagénomique des interactions (communautés, pollinisateurs).

Paléogénomique : caractérisation des polymorphismes d'ADN anciens, estimation des phénomènes démographiques anciens (introgression, hybridation, ...), détection de locus impliqués dans l'évolution adaptative d'un taxon.

PRÉ-REQUIS

Les UE de M1 BGE : Génomique Environnementale, Ecologie Evolutive

SPÉCIFICITÉS

Travaux Pratiques en salle informatique

MOTS-CLÉS

génomique des populations, génomique écologique, métagénomique, paléogénomique, Next-Generation Sequencing, Single Nucleotide Polymorphism (SNP), modélisation

UE	PHYLOGÉNOMIQUE	3 ECTS	1er semestre
KBIB9AFU	Cours-TD : 14h , TP : 16h	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

Initier les étudiants aux approches phylogénomiques en détaillant les principes théoriques des méthodes impliquées dans les différentes étapes de l'analyse. La phylogénomique est une nouvelle discipline à l'intersection de l'évolution moléculaire et de la génomique. Elle permet de reconstruire l'histoire évolutive des espèces au travers de leurs génomes et fournit un cadre conceptuel dans lequel l'évolution des gènes et des organismes peut être étudiée. L'analyse des répertoires de gènes d'organismes se développant dans des environnements différents permet d'identifier les gènes impliqués dans l'adaptation à des niches écologiques. Cette approche a une contribution majeure pour comprendre la mise en place de résistances aux antibiotiques et l'adaptation des bactéries à leurs hôtes.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

- Sélection des génomes étudiés sur la base de leur qualité et de l'optimisation de la diversité.
- Evolution de la structure des génomes par alignements de génomes et par des méthodes basées sur des graphes.
- Evolution du répertoire des gènes (gain, perte)
- Construction de groupes de gènes orthologues entre plusieurs génomes.
- Identification du génome cœur, accessoire, et pangénome pour plusieurs souches d'une même espèce.
- Construction d'un arbre espèce.
- Utilisation de cet arbre pour réconcilier les arbres gènes pour identifier les duplications, pertes et transferts de gènes et pour la reconstruction d'états ancestraux (données discrètes et continues).

En TP les étudiants construiront une chaîne de traitements pour automatiser les différentes étapes d'une analyse phylogénomique en utilisant des données issues de la littérature pour étudier par exemple :

- l' évolution des génomes des espèces de *Prochlorococcus* (cyanobactéries marines photosynthétiques) en lien avec leur adaptation à différentes niches écologiques
- l'évolution des génomes des différentes souches de *Staphylococcus aureus* en lien avec leur capacité à franchir la barrière d'espèce et à acquérir des résistances aux antibiotiques.

PRÉ-REQUIS

Les UE d'Evolution Moléculaire, de Bioinformatique pour la Génomique et de Traitement de graphes et réseaux biologiques.

COMPÉTENCES VISÉES

- Réaliser des études phylogénomiques pour analyser l'évolution de famille de gènes en terme de gain et/ou perte de gène, d'acquisition de gène par transfert vertical ou latéral mais aussi en intégrant des métadonnées, comme des données environnementales, pour interpréter la diversification des systèmes biologiques et le rôle joué par leur capacité adaptative.
- Concevoir une chaîne de traitements informatiques pour automatiser les différentes étapes d'une analyse phylogénomique.
- Utiliser infrastructures de calcul intensif, se connecter à un cluster de calculs distant de manière sécurisée.

MOTS-CLÉS

phylogénomique ; évolution ; orthologie ; génomique comparative

UE	INTRODUCTION AUX BASES DE DONNÉES	3 ECTS	1er semestre
KBIB9AGU	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	OUVERTURE : INTERNATIONAL BIOÉTHIQUE INSERTION PRO	3 ECTS	1er semestre
Sous UE	Ouverture : international, bioéthique, insertion professionnelle		
KBTX9AA1	Cours : 6h , TD : 12h , TP : 4h	Enseignement en français	Travail personnel 47 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

POUPOT Remy
Email : remy.poupot@inserm.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Les objectifs de cette UE sont, d'une part, ouvrir l'esprit des futurs diplômés à des notions qui ne sont pas leur cœur disciplinaire et, d'autre part, développer les compétences transversales nécessaires à une insertion professionnelle réussie.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Les notions suivantes seront abordées à la fois sous forme d'enseignements traditionnels et de séminaires, y compris par des conférenciers internationaux :

- la bioéthique (en particulier nos droits et devoirs envers les organismes vivants, y compris les plus simples, le rapport du scientifique au public) ;
- intelligence artificielle : pouvoir et limites (notamment en matière d'éthique) ;
- les avancées plus récentes dans le domaine des nanobiotechnologies : bases, concepts, applications.

Enfin, en vue de leur insertion professionnelle, des tables rondes seront organisées avec d'anciens diplômés du Master, recrutés dans le monde académique ou dans le secteur privé : recherche d'emploi, stratégies de candidature, intégration, mise en réseau. Les étudiants seront interpellés à la fois par un questionnement personnel sur leurs objectifs professionnels et par des entretiens d'embauche fictifs.

SPÉCIFICITÉS

For the "Biomolecular Science : Mechanisms and Therapeutic Targets" (BSM2T) course, lectures and practical work will be taught in English.

LEARNING OBJECTIVES :
The objectives of this course are, on the one hand, to open the minds of future graduates to notions besides their disciplinary core and, on the other hand, to develop the transversal skills necessary for their successful professional integration.
SUMMARY OF THE CONTENT : The following concepts will be covered both as traditional teachings and as seminars, including international lecturers :
compris par des conférenciers internationaux :

- bio-ethics (in particular our rights and duties towards living organisms, including the simplest ones, the relationship of the scientist to the public) ;
- artificial intelligence : power and limits (in particular regarding ethics) ;
- the most recent advances in the field of nanobiotechnology : concepts, basics, applications.

Finally, with a view to their professional integration, round tables will be organized with former Masters graduates, recruited in the academic world or in the private sector : job search, application strategies, integration, networking. Students will be challenged both through self-questioning on their professional goals, and fictive job interviews.

COMPÉTENCES VISÉES

S'insérer professionnellement dans une entreprise
Comprendre l'Anglais scientifique à l'oral
Respecter la bio-éthique et l'éthique scientifique

MOTS-CLÉS

UE	OUVERTURE : INTERNATIONAL BIOÉTHIQUE INSERTION PRO	3 ECTS	1er semestre
Sous UE	Ouverture : international, bioéthique, insertion professionnelle		
KBTX9AA2	Séminaire : 6h	Enseignement en français	Travail personnel 47 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

POUPOT Remy
Email : remy.poupot@inserm.fr

OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Les objectifs de cette UE sont, d'une part, ouvrir l'esprit des futurs diplômés à des notions qui ne sont pas leur cœur disciplinaire et, d'autre part, développer les compétences transversales nécessaires à une insertion professionnelle réussie.

DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Les notions suivantes seront abordées à la fois sous forme d'enseignements traditionnels et de séminaires, y compris par des conférenciers internationaux :

- la bioéthique (en particulier nos droits et devoirs envers les organismes vivants, y compris les plus simples, le rapport du scientifique au public) ;
- intelligence artificielle : pouvoir et limites (notamment en matière d'éthique) ;
- les avancées les plus récentes dans le domaine des nanobiotechnologies : bases, concepts, applications.

Enfin, en vue de leur insertion professionnelle, des tables rondes seront organisées avec d'anciens diplômés du Master, recrutés dans le monde académique ou dans le secteur privé : recherche d'emploi, stratégies de candidature, intégration, mise en réseau. Les étudiants seront interpellés à la fois par un questionnement personnel sur leurs objectifs professionnels et par des entretiens d'embauche fictifs.

COMPÉTENCES VISÉES

S'insérer professionnellement dans une entreprise
Comprendre l'Anglais scientifique à l'oral
Respecter la bio-éthique et l'éthique scientifique

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Insertion professionnelle, entreprise, éthique

UE	STAGE PROFESSIONNEL	30 ECTS	2nd semestre
KBIBAAAU	Stage : 6 mois	Enseignement en français	Travail personnel 750 h

[Retour liste des UE]

ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

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

LECOMPTE Emilie
Email : emilie.lecompte@univ-tlse3.fr

UE	STAGE RECHERCHE	30 ECTS	2nd semestre
KBIBAABU	Stage ne : 6h	Enseignement en français	Travail personnel 750 h

[Retour liste des UE]

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