

SPECIALITE BIOINFORMATIQUE

| Master mention Biologie Santé | | | | Spécialité : BioInforMatique | | | | Année d'études : année 1 | | | | | |
|---|----------------|-----------|----|--------------------------------------|---------------------------|-------------|----------------------------|---------------------------------|-----------------------|------------------------|-----------------------|----------------------------|-----|
| SEMESTRE 1 | | | | | | | | | | | | | |
| Unités d'enseignements et matières | Volume horaire | | | Estimation de la charge par étudiant | Durée totale par étudiant | Coefficient | Note globale coefficientée | Examen terminal | | Contrôle continu | | Part des travaux pratiques | CE |
| | CM | TD | TP | | | | | Part de l'examen écrit | Part de l'examen oral | Part du contrôle écrit | Part du contrôle oral | | |
| 4 UE obligatoires (dominante génétique et génomique) | | | | | | | | | | | | | |
| UE 1 Biostatistiques/Anglais | | 50 | | 20 | 70 | 5 | 100 | 45 | | 40 | 15 | | 5 |
| Matière : Biostatistiques | | 25 | | 25 | 35 | 2,5 | 50 | 25 | | 25 | | | 2,5 |
| Matière : Anglais | | 25 | | 25 | 35 | 2,5 | 50 | 20 | | 15 | 15 | | 2,5 |
| UE 13 Contrôle de l'Expression Génique et Transcriptome | 56 | 8 | 6 | 70 | 140 | 7 | 140 | 140 | | | | | 7 |
| UE 14 Evolution des génomes et phylogénie | 14 | 8 | 8 | 30 | 60 | 3 | 60 | 45 | | | | 15 | 3 |
| UE 20 Polymorphismes et génétique des caractères complexes | 16 | 6 | 8 | 30 | 60 | 3 | 60 | 42 | | 18 | | | 3 |
| 1 parcours obligatoire au choix parmi deux | | | | | | | | | | | | | |
| Parcours Bioinfo A (dominante physiologie moléculaire) | | | | | | | | | | | | | |
| UE 4 Endocrinologie et neuroendocrinologie | 20 | 10 | | 30 | 60 | 3 | 60 | 45 | | 15 | | | 3 |
| UE 6 Physiologie de la neurotransmission | 23 | 12 | | 35 | 70 | 3 | 60 | 45 | | 15 | | | 3 |
| UE 9 Physiopathologie moléculaire | 20 | 10 | | 30 | 60 | 3 | 60 | 45 | | 15 | | | 3 |
| Parcours Bioinfo B (dominante biologie structurale et biologie cellulaire) | | | | | | | | | | | | | |
| UE 11 Biologie structurale | 36 | 10 | 9 | 50 | 105 | 5 | 100 | 60 | | | | 40 | 5 |
| UE 17 Cycle cellulaire, cytosquelette, matrice extracellulaire | 40 | | | 40 | 80 | 4 | 80 | 80 | | | | | 4 |
| 1 UE obligatoire au choix parmi trois | | | | | | | | | | | | | |
| UE 19 Métabolome, Protéome, Flux cellulaires | 15 | 10 | | 20 | 45 | 3 | 60 | 45 | | 15 | | | 3 |
| UE 10 Introduction aux Biothérapies (UE 9 requise) | 20 | 10 | | 30 | 60 | 3 | 60 | 60 | | | | 3 | 3 |
| UE 18 Microbiologie | 24 | 6 | | 30 | 60 | 3 | 60 | 45 | | | 15 | | 3 |
| Total semestre Parcours Bioinfo A | 164 à 175 | 108 à 112 | 22 | 295/305 | 610 | 30 | 600 | | | | | | 30 |
| Total semestre Parcours Bioinfo B | 177 à 186 | 86 à 90 | 31 | 290/300 | 610 | 30 | 600 | | | | | | 30 |

Toutes les UE sont mutualisées avec l'ensemble des Spécialités du Master 1 "Biologie Santé" en tant qu'UE obligatoires ou optionnelles selon les parcours.

| Master mention Biologie Santé | | Spécialité : BioInforMatique | | | | | | Année d'études : année 1 | | | | | |
|--|----------------|-------------------------------------|-----------|--------------------------------------|---------------------------|-------------|----------------------------|---------------------------------|-----------------------|------------------------|-----------------------|----------------------------|-----------|
| SEMESTRE 2 | | | | | | | | | | | | | |
| Unités d'enseignements et matières | Volume horaire | | | | Durée totale par étudiant | Coefficient | Note globale coefficientée | Examen terminal | | Contrôle continu | | Part des travaux pratiques | CE |
| | CM | TD | TP | Estimation de la charge par étudiant | | | | Part de l'examen écrit | Part de l'examen oral | Part du contrôle écrit | Part du contrôle oral | | |
| UE 1 Bioinformatique et Biostatistiques en génomique | 16 | 16 | 16 | 48 | 96 | 6 | 120 | | | 60 | | 60 | 6 |
| UE 2 Stage | | | | | 4 mois | 24 | 480 | 160 | 240 | 80 | | | 24 |
| | | | | | | | | rapport | soutenance | Evaluation encadrant | | | |
| Total semestre 2 | 16 | 16 | 16 | 48 (hors stage) | 96 (hors stage) | 30 | 600 | 160 | 240 | 140 | | 60 | 30 |

| Master mention Biologie Santé | | Spécialité : BioInforMatique | | | | | | Année d'études : année 2 | | | | | |
|---|----------------|-------------------------------------|------------|--------------------------------------|---------------------------|-----------|----------------------------|---------------------------------|-----------------------|------------------------|-----------------------|----------------------------|-----------|
| SEMESTRE 3 | | | | | | | | | | | | | |
| Unités d'enseignements et matières | Volume horaire | | | | Durée totale par étudiant | Coeff. | Note globale coefficientée | Examen terminal | | Contrôle continu | | Part des travaux pratiques | CE |
| | CM | TD | TP | Estimation de la charge par étudiant | | | | Part de l'examen écrit | Part de l'examen oral | Part du contrôle écrit | Part du contrôle oral | | |
| UE 1 Système, algorithmique et programmation | 33 | 16 | 26 | 75 | 150h | 3 | 60 | | | 30 | | 30 | 3 |
| UE 2 Statistiques avec R et Bioconductor | 10 | 15 | 15 | 40 | 80 | 2 | 40 | | | 20 | | 20 | 2 |
| UE 3 Bases de données et Technologies Web | 20 | 10 | 15 | 45 | 90 | 2 | 40 | | | 20 | | 20 | 2 |
| UE4 Conception et Programmation Orientée Objet | 10 | 15 | 15 | 40 | 80 | 2 | 40 | | | 20 | | 20 | 2 |
| UE 5 Algorithmique avancée | 17 | 17 | 21 | 55 | 110 | 2 | 40 | | | 20 | | 20 | 2 |
| UE 6 Modèles statistiques et fouille de données pour l'analyse des séquences | 15 | 15 | 15 | 45 | 90 | 2 | 40 | | | 20 | | 20 | 2 |
| UE 7 Génomique comparative (1) Algorithmes et statistiques des alignements de séquences | 16 | 12 | 12 | 40 | 80 | 2 | 40 | | | 20 | | 20 | 2 |
| UE 8 Annotation des génomes et des protéomes : analyses bioinformatiques | 26 | 21 | 23 | 70 | 140 | 3 | 60 | | | 30 | | 30 | 3 |
| UE 9 Environnement professionnel (1) | 13 | 33 | 4 | 50 | 90 | 2 | 40 | | | 20 | 20 | | 2 |
| UE 10 Mission professionnelle (1) | | | | | 36 semaines | 10 | 200 | 60 | 100 | | 40 | | 10 |
| | | | | | | | | rapport | soutenance | Evaluation encadrant | | | |
| Total semestre 3 | 160 | 154 | 146 | 460 (hors mission) | 910 (hors mission) | 30 | 600 | 60 | 100 | 200 | 60 | 180 | 30 |

| Master mention Biologie Santé | | Spécialité : BioInforMatique | | | | | | Année d'études : année 3 | | | | | |
|--|----------------|-------------------------------------|------------|--------------------------------------|-------------------------------------|-------------|----------------------------|---------------------------------|-----------------------|------------------------|-----------------------|----------------------------|-----------|
| SEMESTRE 4 | | | | | | | | | | | | | |
| Unités d'enseignements et matières | Volume horaire | | | | Durée totale par étudiant | Coefficient | Note globale coefficientée | Examen terminal | | Contrôle continu | | Part des travaux pratiques | CE |
| | CM | TD | TP | Estimation de la charge par étudiant | | | | Part de l'examen écrit | Part de l'examen oral | Part du contrôle écrit | Part du contrôle oral | | |
| UE1 Programmation et technologies Web avancées | 19 | 23 | 23 | 65 | 130 | 3 | 60 | | | 30 | | 30 | 3 |
| UE2 Gestion d'un projet de développement logiciel ou d'applications | 4 | 16 | | | 120 (projet estimé à 100h/étudiant) | 4 | 80 | | | 80 | | | 4 |
| UE3 Génomique comparative (2) Algorithmes de comparaison de génomes complets Méthodes de reconstruction phylogénétique Modèles pour la Dynamique et Génétique des populations | 20 | 19 | 16 | 55 | 110 | 2 | 40 | | | 20 | | 20 | 2 |
| UE4 Transcriptomique et protéomique : analyses statistiques et bioinformatiques | 24 | 9 | 42 | 75 | 150 | 3 | 60 | | | 30 | | 30 | 3 |
| UE5 Modélisation, simulation, et systèmes de représentation des connaissances - Modélisation et simulation en biologie systémique - Fouille de textes et ontologies en génomique | 28 | 5 | 17 | 50 | 100 | 2 | 40 | | | 20 | | 20 | 2 |
| UE6 Modélisation, prédiction de structures et chémogénomique | 25 | 10 | 10 | 45 | 90 | 2 | 40 | | | 20 | | 20 | 2 |
| UE7 Environnement professionnel (2) | 10 | 20 | | 30 | 60 | 2 | 40 | | | 20 | 20 | | 2 |
| UE8 Mission professionnelle (2) | | | | 0 | 34 semaines | 12 | 240 | 80 | 120 | | 40 | | 12 |
| | | | | | | | | rapport | soutenance | Evaluation encadrant | | | |
| Total semestre 4 | 130 | 102 | 108 | 340 (hors mission) | 780 (hors mission) | 30 | 600 | 80 | 110 | 220 | 70 | 120 | 30 |

SEMESTRE 1

UE1 S1 – BIOSTATISTIQUES/ANGLAIS

| | |
|---|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 5 |
| Responsables | Dominique Cellier + 1 personne du Département de Langues |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialités Recherche « Biologie Cellulaire », Imagerie pour la Biologie, Analyse, Contrôle et Expertise dans l'Agrochimie et les Bio-Industries, Bioinformatique |
| Semestre où elle peut être suivie | M1 S1 |
| Pré-requis | BioStatistique 2B et Anglais, niveau B1 du CECRL |
| Compétence visée | Maîtrise des biostatistiques et présentation orale en anglais |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 50 h Travaux Dirigés Informatique : 25 h Travaux Dirigés Anglais: 25 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 20 h |
| Modalité du contrôle des connaissances | BioStatistiques Examen terminal 50 % ; Contrôle continu 50 % Anglais Examen terminal 40 % ; Contrôle continu 30 % Oral 30 % |

Programme résumé :

BioStatistiques :

- ☞ Comparaisons multiples
- ☞ ANOVA, ANCOVA
- ☞ Régression linéaire et régression non linéaire

La totalité de l'enseignement se fait en salle machine, en utilisant GraphPad Prism4 et R.

Etudes de cas : présentation d'un problème biologique, du protocole expérimental et des données obtenues, traitement statistique.

Anglais scientifique :

ORAL

- Compréhension et restitution d'une présentation spécialisée
- Participation à des visio-conférences scientifiques
- Présentation de rapports scientifiques
- Entraînement à la prise de parole (réunions, entretiens ...)
- Entraînement à la prononciation en laboratoire de langues

ECRIT

- Réalisation d'un glossaire de spécialité
- Rédaction de rapports et résumés scientifiques
- Travaux de traduction (articles scientifiques d'actualité)
- Préparation aux tests de langue

Equipe pédagogique : Dominique Cellier (MCU), Pierrick Gandolfo (MCU), Christophe Dubessy (MCU) – 1 personne du département de langues

UE13 S1 – CONTRÔLE DE L'EXPRESSION GÉNÉRIQUE ET TRANSCRIPTOME

| | |
|---|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 7 |
| Responsables | Chantal MONNIER, Héléne DAUCHEL |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialité Recherche « Biologie Cellulaire », parcours Sciences Végétales, parcours Microbiologie Spécialité Bioinformatique |
| Semestre où elle peut être suivie | M1 S1 |
| Pré-requis | UE "Génomique et Transmission des Génomés" de Licence SVTE parcours BBM ou UE "Génétique moléculaire " de Licence SVTE parcours BCP |
| Compétence visée | Génétique moléculaire approfondie des procaryotes et eucaryotes : connaissance des mécanismes de contrôle génétique et épigénétique de l'expression des génomes. Connaissance des méthodes d'analyses fonctionnelles en transcriptomique. Apprentissage de l'utilisation des outils d'analyses bioinformatiques associés. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 70 h Cours : 56 h ; Travaux Dirigés : 8 h Travaux Pratiques en salle Informatique : 6 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 70 h |
| Modalité du contrôle des connaissances | Examen terminal écrit 100% |

Objectifs :

L'UE Contrôle de l'expression générique et transcriptome s'intéresse aux mécanismes et aux produits de l'expression des génomes nucléaires et cytoplasmiques (ARN et protéines). Dans une première partie, le cours est destiné à acquérir des connaissances approfondies des mécanismes moléculaires de l'expression et de la régulation de l'expression des gènes procaryotes et nucléaires eucaryotes (contrôle génétique et épigénétique), ainsi que les connaissances de la structure, la réplication et l'expression des génomes mitochondriaux et chloroplastiques. Un panel de méthodologies expérimentales destinées à l'étude de la fonction des gènes (génie génétique et génie cellulaire) sont présentées. Dans une deuxième partie le cours présente de façon détaillée les méthodologies actuelles de l'analyse fonctionnelle en transcriptomique, il s'accompagne de travaux pratiques autour des outils bioinformatiques associés.

Programme résumé :

Régulation de l'expression générique chez les procaryotes et eucaryotes

- **Régulation de l'expression de l'information génétique chez les procaryotes** : réarrangements génomique, modifications épigénétiques, modifications structurales de l'ARN polymérase, protéines régulatrices, étapes de la transcription, stabilité des ARNm, régulation de la traduction, devenir et régulation de la chaîne protéique.

- **Régulation de l'expression de l'information génétique nucléaire chez les eucaryotes** : Présentation des modèles cellulaires eucaryotes - la levure, les cellules de mammifères en culture, les souris transgéniques - et leurs utilisations en génie génétique, génie génomique et génie cellulaire; Modifications de la chromatine et contrôle épigénétique de l'expression des génomes; Différents mécanismes de régulation des Unités de transcription de classe I, II et III.

- **Génomes et expression des génomes des organelles** : Hérité cytoplasmique; Division des organelles - FtsZ and dynamine; Génome mitochondrial et chloroplastique : réplication , les gènes et leurs produits. Comparaison des génomes cytoplasmiques chez différentes espèces; mutations de l'ADN mitochondrial et conséquences pathologiques; Hyperstructures et génome mitochondrial : exemples et implication dans les processus de contrôles, fitness cellulaire et état pathologique.

Transcriptomique

- Modifications des génomes par mutagenèse ciblée et non ciblée
- Analyses de l'expression différentielle des génomes en transcriptomique
- séquençage à haut débit d'étiquettes d'expression et séquences de transcrits (EST, SAGE, FL-cDNA), séquençage de gènes faiblement exprimés (normalisation soustraction).
- hybridation à haut débit pour l'analyse des transcriptomes (macro-array, micro-array, puces à ADN).
- banques de données et outils d'analyses bioinformatiques associés.

- **Travaux Dirigés** : analyses d'articles, exemples variés concernant la croissance et développement, la réponse à des facteurs environnementaux chez l'homme, l'animal ou le végétal.

- **Travaux Pratiques en salle informatique** : Banques de données généralistes et spécialisées pour les données du transcriptome, navigateur chromosomique, programmes de comparaison de séquences.

Equipe pédagogique : Chantal Monnier (MCU), Héléne Dauchel (MCU), Victor Norris (PU).

UE14 S1 – EVOLUTION DES GENOMES ET PHYLOGÉNIE

| | |
|---|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsables | Sylvie BARRAY, Héléne DAUCHEL |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialité Recherche « Biologie Cellulaire », parcours Sciences Végétales, parcours Microbiologie Spécialité Bioinformatique |
| Semestre où elle peut être suivie | M1 S1 |
| Pré-requis | UE13 "expression des génomes et génomique fonctionnelle » |
| Compétence visée | Compréhension des concepts fondamentaux de l'évolution des génomes : mécanismes d'évolution moléculaire et phylogénie moléculaire. Apprentissage des outils d'analyses bioinformatiques associés. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 30 h Cours : 14 h ; Travaux Dirigés : 8 h Travaux Pratiques Informatiques : 8 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 30 h |
| Modalité du contrôle des connaissances | TP 25% - Examen Terminal Ecrit 75% |

Programme résumé :

L'UE « évolution des génomes et phylogénie » s'inscrit dans la thématique générale actuelle de la génomique comparative. Elle pré suppose des connaissances du contenu informatif des génomes et des modalités d'expression des génomes.

Sur ces bases, le cours a pour objectif de présenter les concepts fondamentaux de l'évolution des génomes, en deux parties reliées (i) les mécanismes d'évolution moléculaire des génomes et (ii) les concepts et méthodes de l'analyse en phylogénie moléculaire. D'un point de vue pratique, cette UE propose l'apprentissage des outils d'analyse bioinformatiques associés à ce thème.

Evolution des génomes – 6h Cours

- Introduction générale à la génomique comparative
- Innovation génétique et évolution des génomes : notion de core protéome et de redondance génique; sens évolutif des innovations (diversification fonctionnelle, spécialisation cellulaire, adaptation des espèces au cours de l'évolution); duplication de gènes et famille multigénique; amplification de gènes et évolution concertée; brassage d'exons, organisation modulaire des protéines et superfamille de gènes; origine et devenir des pseudogènes; origine et rôle des introns en évolution génomique, épissage alternatif; activité et impact des éléments transposables; Contenu informatif comparés; Polyploidisation et duplication segmentaire ; Notion de cartographie comparée. Notion d'expansion et contraction des génomes.

Phylogénie moléculaire – 8h Cours

- Origine des génomes : origine du vivant; scénario des synthèses moléculaires primitives; des génomes à ARN aux génomes à ADN.
- Concepts de bases en phylogénie moléculaire-origine de la phylogénie, terminologie-; Caractéristiques des arbres -terminologie, topologie, enracinement-; Premières phylogénies moléculaires - horloge moléculaire, choix de l'ARNr, arbre du vivant-;
- Règles de reconstruction des arbres : terminologie, alignement multiple de séquences et méthodes de reconstruction d'arbres phylogénétiques; Estimation de la robustesse d'un arbre (test statistique de bootstraps);
- Applications et limites de la phylogénie moléculaire : Phylogénie de gènes et phylogénie d'espèces; transferts horizontaux, attraction des longues branches.

Travaux Dirigés – 8h : résolution de problèmes et analyses d'articles.

Travaux Pratiques en salle informatique – 8h : Analyser en pratique quelques exemples de mécanismes d'innovations génétiques et de plasticité des génomes : localisation chromosomique et structure des duplicats, relation structure-fonction des protéines codées par les duplicats, analyses fonctionnelles des isoformes et variants d'épissage, synténie et cartographie comparée, construction et interprétation d'un arbre phylogénétique d'une famille multigénique. Ressources et outils bioinformatiques mis en oeuvre: Banques de données généralistes, de domaines protéiques et métaboliques, navigateur chromosomique, programmes de comparaison de séquences, d'alignement multiple et de phylogénie.

Equipe pédagogique : Sylvie Barry (PU), Héléne Dauchel (MCU), Josselin Bodilis (MCU)

UE20 S1 – POLYMORPHISMES ET GENETIQUE DES CARACTERES COMPLEXES

| | |
|---|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsables | Mario TOSI, Hélène DAUCHEL |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialité Bioinformatique |
| Semestre où elle peut être suivie | M1 S1 |
| Pré-requis | UE "Génomique et Transmission des Génomes" de Licence SVTE parcours BBM ou UE "Génétique moléculaire" de Licence SVTE parcours BCP ; |
| Compétence visée | Comprendre les concepts et les implications des polymorphismes ponctuels des génomes (SNP : Single Nucleotide Polymorphism) en génétique humaine et génétique végétale. Apprentissage des outils d'analyses bioinformatiques associés. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 30 h Cours : 16 h ; Travaux Dirigés : 6 h Travaux Pratiques en salle informatique : 8 h ; |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 30 h |
| Modalité du contrôle des connaissances | Contrôle continu 30 % Examen terminal écrit 70% |

Programme résumé :

I. Polymorphismes et génétique humaine – 18h : 10h Cours + 4h TD+ 4h TP Info

- maladies à transmission mendélienne et non mendélienne, maladies à déterminisme complexe
- SNP : découverte et génotypage à haut débit de SNP
- caractérisation des polymorphismes SNP ; SNP codant et non codant
- concepts de structure des populations, répartition de fréquences alléliques, haplotypes et déséquilibres de liaison
- découverte des gènes impliqués dans les maladies complexes : SNP et études d'association
- utilisation des SNP dans les puces-CGH (Comparative Genomic Hybridization) pour l'analyse des pertes et gains d'ADN. Applications en génétique médicale.

Travaux Dirigés – 4h : analyses d'articles

Travaux Pratiques en salle informatique – 4h : Exemples d'applications des SNP en génétique humaine Ressources et outils bioinformatiques mis en œuvre : bases de données de SNP et réinvestissement de la pratique d'autres outils d'analyses bioinformatiques tels que bases de données généralistes de séquences, navigation chromosomique, EST, comparaison de séquences, analyse de structure 3D...

II. Polymorphismes et génétique végétale des caractères complexes – 12h, 6h Cours+ 2hTD + 4h TP Info

- Les marqueurs moléculaires et le polymorphisme chez les végétaux
- Les centres de ressources et les collections de matériel végétal utilisées pour l'étude de la variabilité (naturelle : écotypes, scientifiques : RILs...)
- Détection du polymorphisme : plate formes, techniques de séquençage et de génotypage, alignement des séquences
- Analyse fonctionnelle prédictive des polymorphismes (codant/non codant)
- Gestion des données : bases de données végétales
- Relations génotype/phénotype : banc de phénotypage à haut débit
- Variation dans les promoteurs et régulation de l'expression
- Applications : carto génétique, génétique d'association, analyse de la variabilité, génétique des populations...

Travaux Dirigés – 2h : analyses d'articles

Travaux pratiques en salle informatique – 4h : Exemples d'applications des SNP en génétique végétale Ressources et outils bioinformatiques mis en œuvre : Alignement d'un lot de séquences issues de séquençage, détection des polymorphismes et évaluation de leur impact fonctionnel.

Equipe pédagogique : Mario Tosi (PU), Fabienne Granier (IR, INRA Versailles), Hélène Dauchel (MCU)

UE4 S1 – ENDOCRINOLOGIE ET NEUROENDOCRINOLOGIE

| | |
|---|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsable | Lydie JEANDEL |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialité Recherche « Biologie Cellulaire », parcours Neurosciences Moléculaires, Cellulaires et Comportementales, parcours Physiologie Appliquée et Physiopathologie Spécialités BioInformatique parcours à dominante physiologie moléculaire, Analyse, Contrôle et Expertise dans l'Agrochimie et les Bio-Industries |
| Semestre où elle peut être suivie | M1 S1 |
| Pré-requis | UE de physiologie humaine proposée en L3 SVET du parcours de biologie cellulaire et physiologie. |
| Compétence visée | L'objectif est d'acquérir les concepts et les développements technologiques indispensables à la compréhension des mécanismes de régulation des grandes fonctions physiologiques. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 30 h 20 h de cours magistraux et 10h de travaux dirigés |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | |
| Modalité du contrôle des connaissances | Contrôle Continu 20%, Examen écrit des connaissances 80% |

Programme résumé :

Cadre théorique général : La neuroendocrinologie est une discipline transversale qui permet d'aborder des problématiques de physiologie intégrée.

Cours Magistraux – 20h

- Hormones et système endocrinien.
- Axe hypothalamo-hypophysaire.
- Evolution des systèmes de communication (ontogénie et phylogénie).
- Régulation de l'équilibre hydrique et électrolytique.
- Effets et régulation de la prolactine.
- Fonction somatotrope.
- Fonction thyroïdienne.
- Fonction corticotrope.
- Fonction gonadotrope.

Travaux dirigés – 10h

- Evaluation orale des connaissances de l'ensemble des étudiants par un questionnaire sur les mécanismes d'action des hormones et les rapports entre le système nerveux et le système endocrinien.
- Techniques utilisées en endocrinologie et neuroendocrinologie de l'échelle moléculaire à l'échelle cellulaire jusqu'aux aspects intégrés.
- Analyse de protocoles et analyse de résultats.
- Lecture et présentation d'articles (récepteurs-ligands et outils thérapeutiques, interactions intercellulaires, rythmes hormonaux et physiopathologie)

Equipe pédagogique : Lydie JEANDEL (MCU) – Hubert VAUDRY (DR INSERM)

UE6 S1 – PHYSIOLOGIE DE LA NEUROTRANSMISSION

| | |
|---|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsable | Pierrick GANDOLFO |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialité Recherche « Biologie Cellulaire », parcours Neurosciences Moléculaires, Cellulaires et Comportementales, Spécialités BioInformatique parcours à dominante physiologie moléculaire , Analyse, Contrôle et Expertise dans l'Agrochimie et les Bio-Industries |
| Semestre où elle peut être suivie | M1 S1 |
| Pré-requis | Connaissances solides de neurophysiologie (potentiel de membrane, potentiel d'action, exocytose,...). L'UE « Physiologie Humaine » proposée en L3 SVTE, parcours Biologie Cellulaire et Physiologie permet d'acquies ces pré-requis. |
| Compétence visée | Connaissances des différentes formes de neurotransmission, de leur mécanisme, de leur régulation et de leur dysfonctionnement |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 35 h Cours : 22h ; Travaux Dirigés : 13h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 35 h |
| Modalité du contrôle des connaissances | Examen terminal 80 % ; Contrôle continu 20% |

Programme résumé :

Cours – 22h

Les neurotransmetteurs classiques :

- synthèse, libération, interaction ligand/récepteur (notion d'hétéro- et d'autorécepteurs),
- systèmes de dégradation/recapture,
- implications physiologiques et physiopathologiques,
- pharmacopée,
- approfondissement sur les transmissions GABAergique et glutamatergique.

Les neuropeptides :

- définition, sources et classement, distribution et localisation,
- synthèse, modifications enzymatiques co- et post-traductionnelles,
- stockage (vésicules à core dense et à core clair), sécrétion, voies constitutive et régulée, couplage excitation-sécrétion,
- les récepteurs (caractéristiques, *down-* et *up-*regulation, isorécepteurs),
- stratégies de caractérisation de nouveaux neuropeptides (neurohormones hypophysiotropes, Leu- et Met-enképhalines, *diazepam-binding inhibitor*, nociceptine, orexines, endomorphines),
- Neuromodulation.

Une ou deux conférences par des intervenants extérieurs (1 à 2h).

Travaux dirigés – 13h

- Analyse de données expérimentales (articles scientifiques et sujets d'examen) : interprétation des données, discussion et conception d'expériences complémentaires,
- Présentation orale de données expérimentales (contrôle continu).

Equipe pédagogique : Pierrick GANDOLFO (MCU), Marek LAMACZ (MCU), Fabrice MORIN (MCU).

UE9 S1 – PHYSIOPATHOLOGIE MOLECULAIRE

| | |
|---|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsables | Marek LAMACZ, Fabrice MORIN |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialité Recherche « Biologie Cellulaire », parcours Physiologie Appliquée et Physiopathologie et Microbiologie (option « Pré-CAPEP ») Spécialités BioInformatique parcours à dominante physiologie moléculaire et « Analyse, Contrôle et Expertise dans l'Agrochimie et les Bio-Industries » |
| Semestre où elle peut être suivie | M1 S1 |
| Pré-requis | Physiologie des grandes fonctions (systèmes cardio-vasculaire, excrétoire, respiratoire et digestif), métabolisme énergétique, principales voies de signalisation cellulaire, biologie moléculaire. |
| Compétence visée | Connaissances des mécanismes de dérégulation du fonctionnement d'appareils cardio-vasculaire, respiratoire, rénal et digestif. Acquisition du raisonnement illustrant comment les organes deviennent victimes de leurs propres constructions histologiques et moléculaires. Compréhension des modifications de phénotype cellulaire dues aux changements du micro-environnement cellulaire. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 30 h Cours : 24 h ; Travaux Dirigés : 6 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 30 h |
| Modalité du contrôle des connaissances | Examen terminal écrit : 100 % |

Programme résumé :

Cours – 24 h

Dérégulation des grandes fonctions :

- Remodelage artériel par les facteurs environnants ; installation de l'hypertension artérielle ; d'insuffisance cardiaque. Retentissement de l'HA sur les SNC, rein et cœur.
- Production de la bile et mécanismes de la formation de lithiase biliaire. Cirrhose hépatique. Mécanismes moléculaires de la régénération hépatique.
- Glomérulonéphrites, pathologies tubulaires et lithiase rénale.
- Mécanismes génétiques et moléculaires de la mucoviscidose, de l'asthme et de l'emphysème.

Pathologies du métabolisme énergétique :

- Les diabètes sucrés : classification, physiopathologie, diagnostic, traitements actuels et stratégies thérapeutiques futures.
- Les obésités : régulation du métabolisme énergétique par le système nerveux central, obésités monogénétiques, apport des modèles animaux, nouvelles cibles thérapeutiques.

Travaux dirigés – 6 h

Etudes des mécanismes moléculaires et ioniques d'hypertension artérielle.

Equipe pédagogique : Marek LAMACZ (MCU HC) – Fabrice MORIN (MCU)

UE11 S1 – BIOLOGIE STRUCTURALE

| | |
|---|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 5 |
| Responsables | Laurence Menu-Bouaouiche et Isabelle Milazzo |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialité Recherche « Biologie Cellulaire », parcours Sciences Végétales, parcours Microbiologie Spécialités Analyse, Contrôle et Expertise dans l'Agrochimie et les Bio-Industries, BioInformatique parcours à dominante biologie structurale et biologie cellulaire |
| Semestre où elle peut être suivie | M1S1 |
| Pré-requis | Licence 3 Biochimie et Biologie Moléculaire, ou équivalent |
| Compétence visée | Connaissances du mode de repliement des macromolécules biologiques et des techniques de détermination de leur structure tridimensionnelle. Initiation à l'analyse des interactions entre ces macromolécules. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 55 h Cours : 36 h ; Travaux Dirigés : 10 h Travaux dirigés informatiques : 9 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 55 h |
| Modalité du contrôle des connaissances | 2/5 TP écrit 3/5 Examen final |

Programme résumé :

Cours – 36 h

- Repliement des protéines : aspects cinétiques et thermodynamiques
- Détermination de la structure tridimensionnelle des macromolécules biologiques : méthodes expérimentales (Dichroïsme circulaire, Infrarouge et Raman, RMN des sucres et des protéines, cristallographie et diffraction des rayons X) et modélisation moléculaire
- Reconnaissance moléculaire : Interactions entre macromolécules biologiques

Travaux dirigés – 10 h

- Spectres RMN et attribution, stratégies d'interprétation
- Détermination des paramètres structuraux en RMN

Travaux dirigés Informatiques – 9 h

- Apprentissage de différents outils informatiques pour l'analyse structurale et la modélisation de macromolécules biologiques
- Analyse de séquences protéiques : prédiction de structure, de localisation, de modifications post-traductionnelles

Equipe pédagogique : Isabelle MILAZZO (MCU), Gaël COADOU (MCU), Laure GUILHAUDIS (MCU), Patrice LEROUGE (PU), Laurence MENU-BOUAOUICHE (MCU)

UE17 S1 – CYCLE CELLULAIRE, CYTOSQUELETTE, MATRICE EXTRACELLULAIRE

| | |
|---|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 4 |
| Responsable | Chantal MONNIER |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialités Recherche « Biologie Cellulaire », parcours Microbiologie, Imagerie pour la Biologie, Analyse, Contrôle et Expertise dans l'Agrochimie et les Bio-Industries, BioInformatique parcours à dominante biologie structurale et biologie cellulaire |
| Semestre où elle peut être suivie | M1 S1 |
| Pré-requis | Licence 3 Biochimie et Biologie Moléculaire |
| Compétence visée | Connaissance approfondie des régulations et dérégulations du cycle cellulaire eucaryote, de l'apoptose, du cytosquelette, de la matrice extracellulaire et de la dynamique globale de ces éléments. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 40 h Cours : 40 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 40 h |
| Modalité du contrôle des connaissances | Examen terminal 100% |

Programme résumé :

Cycle cellulaire – 16 h

Les apports méthodologiques et fondamentaux de différentes disciplines : Cytologie, Etudes génétiques des Levures, Virologie, Cancérologie, Embryologie, Transcriptomique et Protéomique.

Mécanismes et régulation du cycle cellulaire : signal mitogène, cascade de kinases, synthèse des cyclines D, G1 Kinase, Rb, E2F, Cycline E, Start Kinase, Contrôles au point R, synthèse de Cycline A, SPF, exécution et contrôles de phase S, origines de réplication permissives puis réfractaires, phase G2 et préMPF, bascule G2/M, exécution de M, contrôle métaphase / anaphase, sortie de M. Cytodièrese. Retour en G0. Contrôles permanents par les Kinases de type ATM, p53, les CKI. Dérégulations cancérogènes.

Apoptose – 4 h

Apoptose physiologique et causes : altérations cellulaires, équilibre des signaux externes pro et anti apoptotiques, voies et mécanismes.

Apoptose pathologique : défauts d'apoptose, cancer et persistance virale, excès d'apoptose et dégénérescences.

Cytosquelette – 10 h

Tenségrité et mécanotransduction.

Microfilaments, microtubules, filaments intermédiaires. Structure, distribution, rôles, dynamique et contrôles. Transport intracellulaire et motilité.

Interactions avec la matrice extracellulaire.

Matrice extracellulaire – 10 h

Structure (description des différents constituants de la matrice extracellulaire).

Fonction (rôles de la matrice extracellulaire au cours de l'embryogenèse et dans les tissus adultes).

Description des processus de synthèse et de dégradation de la matrice extracellulaire.

Equipe pédagogique : Chantal Monnier (MCU) ; Vic Norris (PU) ; Laurent Quillet (MCU)

UE19 S1 – METABOLOME, PROTEOME ET FLUX CELLULAIRES

| | |
|---|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsable | Laurence Menu-Bouaouiche |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialité Recherche « Biologie Cellulaire », parcours Sciences Végétales, Au choix pour BioInformatique tout parcours |
| Semestre où elle peut être suivie | M1S1 |
| Pré-requis | Licence 3 Biochimie et Biologie Moléculaire, ou équivalent |
| Compétence visée | Connaissances des méthodes globales d'études du métabolisme cellulaire et des flux intra et extra-cellulaires Initiation à la protéomique quantitative |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 25 h Cours : 16 h ; Travaux Dirigés : 9 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 20 h |
| Modalité du contrôle des connaissances | Examen terminal 75 % ; Contrôle continu 25 % |

Programme résumé :

Cours – 15 h

- Phénomènes de transports dans les cellules : Caractéristiques du mouvement des molécules et des ions
- Métabolites secondaires végétaux : biosynthèse et applications
- Protéomique différentielle et quantification
- Introduction aux méthodes globales d'étude du métabolisme par l'analyse des métabolites et des flux intracellulaires et extracellulaires, mesure des flux dans les systèmes compartimentés, définition du métabolome et du fluxome. Notions de flux métaboliques.

Travaux dirigés – 10 h

- Méthodes bioinformatiques d'analyses du métabolome
- Analyses bibliographiques : applications aux recherches de bio-marqueurs en santé et en agronomie

Equipe pédagogique : Laurence MENU-BOUAOUCHE (MCU), Azeddine DRIOUICH (PU), Hélène DAUCHEL (MCU), Brigitte DESCHREVEL (MCU)

UE18 S1 – MICROBIOLOGIE 3

| | |
|---|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsable | Sylvie Barry |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialité Recherche « Biologie Cellulaire », parcours Microbiologie Spécialité Analyse, Contrôle et Expertise dans l'Agrochimie et les Bio-Industries Au choix pour BioInformatique tout parcours |
| Semestre où elle peut être suivie | M1 S1 |
| Pré-requis | Licence 3 « microbiologie 2 » |
| Compétence visée | Compréhension des bases moléculaires et génétiques des microorganismes pathogènes |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 30h Cours : 24 h ; Travaux Dirigés : 6 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 30h |
| Modalité du contrôle des connaissances | Examen écrit 75% et contrôle continu (oral) 25% |

Programme résumé :

Cours –24h

- Le pouvoir pathogène des bactéries
- Bases moléculaires de la virulence bactérienne
- Emergence de nouveaux pathogènes (îlots pathogénicité)
- Autres pathogènes (virus, prions et microorganismes eucaryotes)

Travaux dirigés –6h

Travail de recherche documentaire qui donnera lieu à un exposé oral ou à l'organisation de conférences ouvertes aux autres étudiants.

Equipe pédagogique : Sylvie Barry (PU), Josette Guérillon (MC), Fabienne Petit (PU), Laurent Quillet (MCU), Barbara Pawlak (MCU), Loïc Favennec (PU-PH)

UE10 S1 – INTRODUCTION AUX BIOTHÉRAPIES

| | |
|---|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsables | Olivier BOYER, Marek LAMACZ, Fabrice MORIN |
| Spécialités ou parcours de la mention où elle est obligatoire | Spécialité Recherche « Biologie Cellulaire », parcours Physiologie Appliquée et Physiopathologie, au choix pour BioInformatique uniquement parcours à dominante physiologie moléculaire (UE 9 requise) |
| Semestre où elle peut être suivie | M1 S1 |
| Pré-requis | Physiologie Animale ; Biologie Moléculaire ; Histologie ; Biologie Cellulaire ; Physiopathologie Cellulaire et Moléculaire. |
| Compétence visée | Connaissances des nouvelles stratégies thérapeutiques apportées par les méthodologies modernes (modèles d'animaux génétiquement modifiés, cellules souches et thérapies cellulaires, thérapie génique ...). |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 30 h Cours : 24 h ; Travaux Dirigés : 6 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 30 h |
| Modalité du contrôle des connaissances | Examen final écrit : 100% |

Programme résumé :

Cours – 20 h

Stratégies de la réparation tissulaire :

- Cellules souches et leur plasticité
- Identification des cellules souches et bases biologiques de leur utilisation thérapeutique.
- Greffes régénératrices autologues : réparations cardiaques, pancréatiques, osseuses ou cartilagineuses.

Bases théoriques et pratiques des thérapies géniques :

- Avancées et problèmes actuels de la thérapie génique.
- Méthodes de transfert des gènes : vecteurs viraux (adénovirus, rétrovirus, lentiviraux, AAV), vecteurs synthétiques, immunologie des vecteurs.
- Champs d'applications : ex. maladies respiratoires (mucoviscidose), dystrophies musculaires, thérapie génique anti-cancéreuse.

Apport des modèles animaux :

- Modèles animaux non génétiquement modifiés
- Animaux génétiquement modifiés : approches d'inactivation des gènes ou de transgénèse conditionnelle ou constitutive, ciblage tissulaire.

Travaux dirigés – 10 h

Séances d'analyse d'articles scientifiques.

Equipe pédagogique : Marek LAMACZ (MCU HC), Fabrice MORIN (MCU), Laetitia JEAN (IR), Serge JACQUOT (MCU-PH), Sahil ADRIOUCH (MCU), Th. LEQUERRE, Christophe DUBESSY (MCU) et Olivier BOYER (PU)

SEMESTRE 2

S2 -UE 1 – BIOINFORMATIQUE ET BIostatISTIQUES EN GÉNOMIQUE

| | |
|--|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 6 |
| Responsables | Dominique CELLIER et Thierry LECROQ |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S2 |
| Pré-requis | conseillés : UE d'informatique, de bioinformatique et de statistiques de licence SVTE ou équivalent |
| Compétence visée | Connaissance et pratique des outils informatiques et statistiques pour la comparaison de séquences biologiques. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 48 h Cours : 16 h ; Travaux Dirigés : 16 h Travaux Pratiques : 16 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 40 h |
| Modalité du contrôle des connaissances | Contrôle continu 50% TP 50% |

Programme résumé :

L'objectif est l'étude des alignements globaux et locaux de séquences biologiques en approfondissant certains aspects des enseignements de Bioanalyse « *In Silico* ».

La partie « statistique » abordera les points suivants :

- modélisation de séquences, séquences indépendantes
- systèmes de score
- notions de vraisemblance, rapport de vraisemblance, test du rapport de vraisemblance
- signification statistique d'un alignement optimal, p-value, étude et implémentation de la formule de Karlin

La partie « informatique » abordera les points suivants :

- alignement global de deux séquences
- formule de récurrence
- programmation dynamique
- calcul du score d'alignement entre deux séquences
- calcul d'un alignement optimal
- alignement local (algorithme de Smith et Waterman).

Le travail sera fait en utilisant les langages R et Python cela nécessite une courte introduction à la programmation et aux systèmes des ordinateurs.

Équipe pédagogique : Dominique CELLIER (MCU) et Thierry LECROQ (PU)

S2- UE 2 STAGE

| | |
|--|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 24 |
| Responsables | Hélène Dauchel, Thierry Lecroq, Dominique Cellier |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S2 (S1 exceptionnellement) |
| Pré-requis | Semestre 1 validé |
| Compétence visée | Acquisition d'une expérience de stage dans le domaine de la génomique (et dérivés) accompagnée d'une démarche de bioinformatique. |
| Nature des activités pédagogiques | Expérimentations humides et « in silico » |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 4 mois (de mars à juin), prolongeable à 6 mois (mois d'été) |
| Modalité du contrôle des connaissances | Examen terminal écrit : 160 (rapport) Examen terminal oral : 240 (soutenance) Contrôle continu : 80 (évaluation maître d'apprentissage) |

➤ Cadrage de la mission professionnelle

Le stage pratique de 4 mois allant de mars à juin combine l'expérimentation humide et « in silico ». Il est dédié à la pratique expérimentale de paillasse autour d'approches de génomique (séquençage, cartographie, génotypage), de génomique fonctionnelle (transcriptomique), de protéomique, de métabolomique, de modélisation moléculaire ou de modélisation en biologie systémique. A cette expérimentation "humide" est associée une partie informatique, statistiques et/ou bioanalyse. Tous les domaines du vivant sont concernés : animal/agro, végétal/agro, santé/humain, microbiologie... Tous les processus biologiques sont concernés.

➤ Démarches pour obtenir un stage

La majorité des missions est arrangée par l'équipe pédagogique grâce à son réseau de partenaires locaux ou nationaux. Une liste de propositions peut être fournie aux étudiants. Mais nous soutenons également toutes les démarches personnelles pour trouver sa propre mission en fonction des souhaits scientifiques ou géographiques des étudiants. Il peut être réalisé dans un laboratoire académique ou une entreprise en France ou à l'étranger (notamment dispositif ERASMUS).

Dans tous les cas, la proposition de stage est établie sous la forme d'une « proposition résumée du stage » et transmise au responsable de la spécialité. Elle fait l'objet d'une évaluation et d'un accord préalable par l'équipe pédagogique de la spécialité. Les structures d'accueil choisissent l'étudiant(e) parmi les candidatures reçues. Une convention de stage est établie.

➤ Evaluation du stage

Le stage fait l'objet d'un rapport, d'une soutenance et d'une évaluation par l'encadrant selon une grille pré-établie de critères. Il est exclu de la compensation.

Equipe pédagogique : les rapporteurs universitaires, les encadrants de stage

SEMESTRE 3

S3 -UE 1 SYSTÈME, ALGORITHMIQUE ET PROGRAMMATION

| | |
|--|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsables | Laurent Mouchard et Arnaud Lefebvre |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S3 |
| Compétence visée | Maîtriser les commandes du système d'exploitation Unix/Linux Savoir écrire des algorithmes. Savoir programmer en C. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 75 h Cours : 33 h ; Travaux Dirigés : 16 h ; Travaux Pratiques : 26 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 75 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 30 contrôle continu; 30 travaux pratiques |

Objectifs :

Cette unité est destinée aux acquisitions fondamentales de la programmation et de l'algorithmique. Elle est prolongée en semestre 3 par l'UE 4 abordant la « conception et la programmation objet » et l'UE5 destinée à « l'algorithmique avancée ».

Programme résumé :

✓ **Architecture , systèmes et réseaux**

- Architecture des ordinateurs
- Système d'exploitation Unix/Linux :
 - concepts de base
 - commandes, redirection et chaînage
 - langage de commandes : le C-shell et l'écriture de scripts
- Communications entre systèmes informatiques : réseaux et commandes associées
- Sensibilisation à la sécurité des réseaux informatiques : l'objectif est de comprendre les nécessités de l'administrateur réseau lorsque l'on est le concepteur-réalisateur.

✓ **Algorithmique, structures de données et complexité**

- Ecriture d'algorithmes, calcul de complexité
- Variables, boucles, structures conditionnelles
- Tableaux, structures, fichiers

✓ **Programmation impérative (langage C)**

- Syntaxe du langage C, implantation d'algorithmes
- Pointeurs, gestion de la mémoire
- Manipulation des fichiers
- Compilation, Makefile

Equipe pédagogique : Laurent Mouchard (MCU), Arnaud Lefebvre (MCU), Alain Bidaud (Ing. réseau, CRIHAN)

S3- UE 2 STATISTIQUES AVEC R ET BIOCONDUCTOR

| | |
|--|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 2 |
| Responsables | Dominique Cellier |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S3 |
| Pré-requis | Cours de base de statistique de licence de Sciences de la Vie |
| Compétence visée | Maîtrise des outils de statistique inférentielle et leur programmation sous R et Bioconductor |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 40 h Cours : 10 h ; Travaux Dirigés : 15 h ; Travaux Pratiques : 15 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 40 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 20 contrôle continu; 20 travaux pratiques |

Programme résumé :

- Intervalles de confiance,
- p.value et puissance d'un test,
- Tests d'adéquation et de comparaisons paramétriques et non paramétriques,
- ANOVA,
- Tests de comparaisons multiples,
- Tests de corrélation, ANCOVA,
- Estimation par maximum de vraisemblance, tests de rapport de maxima de vraisemblance
- Méthodes bayésiennes.
- Programmation avec R et Bioconductor.

Equipe pédagogique : Dominique Cellier (MCU)

S3- UE 3 BASES DE DONNÉES ET TECHNOLOGIES WEB

| | |
|--|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 2 |
| Responsables | Laurent Mouchard |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S3 |
| Pré-requis | UE1 semestre 3 |
| Compétence visée | Maîtriser la conception et le développement, l'administration et l'exploitation, l'interfaçage et la conception Web dynamique d'une base de données. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 45 h Cours : 20 h ; Travaux Dirigés : 10 h ; Travaux Pratiques : 15 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 45 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 20 contrôle continu; 20 travaux pratiques |

Objectifs :

Il s'agit dans une première partie de l'UE d'acquérir la maîtrise de la conception et du développement, de l'administration et de l'exploitation d'une base de données relationnelle. La seconde partie de l'UE est consacrée à l'apprentissage des outils de bases pour la conception et la réalisation de l'interfaçage.

Cette UE est prolongée en semestre 4 par l'UE « Programmation et Technologies avancées » destinée aux apprentissages poussés des standards du W3C (World Wide Web Consortium).

Programme résumé :

➤ Systèmes d'information et Bases de données relationnelles

- Modèle conceptuel de données : analyse du problème (données et traitements) et modélisation MERISE, concepts d'entité (objet) et d'association (relation), modélisation entité-association.

- Modèle logique des données relationnel : Règles de passage depuis un modèle Entité-Association vers un schéma relationnel.

- Modèle physique : implémentation dans un Système de Gestion de Bases de Données Relationnelles (SGBDR) MySQL, algèbre relationnel, tables et index, procédures, écriture des requêtes en langage structuré.

- Administration de bases de données : sécurité, gestion des comptes utilisateurs, droits d'accès et maintenance.

➤ Technologies Web

Interfaçage Web et conception Web dynamique pour le développement d'applications Web en génomique et interfaçage de bases de données : concept de client/serveur, interfaces et langages de programmation (HTML, PHP, Perl DBI, C), serveurs (Apache HTTP).

Equipe pédagogique : Laurent Mouchard (MCU), Gilles Lassalle (IE INRA, Rennes)

S3- UE 4 CONCEPTION ET PROGRAMMATION ORIENTÉE OBJET

| | |
|--|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 2 |
| Responsables | Saïd Abdeddaïm |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S3 |
| Pré-requis | UE1 et UE3 du semestre 3 |
| Compétence visée | Maîtriser la conception et l'implémentation objet en Java pour le développement logiciel objet. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 40 h Cours : 10 h ; Travaux Dirigés : 15 h ; Travaux Pratiques : 15 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 40 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 20 contrôle continu ; 20 travaux pratiques |

Objectifs :

L'objectif de cet UE est l'apprentissage de la méthodologie de programmation orientée objet. De la modélisation objet avec UML (Unified Modeling Language) jusqu'à la programmation objet en langage Java. D'autres paradigmes de programmation seront abordés pour permettre de comprendre les critères de choix d'un langage. Cette UE est prolongée en semestre 4 par l'UE « Programmation et Technologies avancées ».

Programme résumé :

- **Conception abstraite d'un modèle objet** : analyse, modélisation et conception objet par UML, formalisme d'UML, différents diagrammes et cas d'utilisation, logiciel de modélisation (Umbrello UML Modeller).
- **Programmation Orientée Objet en Java**
 - Eléments de base du langage Java
 - La programmation orientée objet
 - Héritage des classes, interfaces, et classes abstraites en Java
 - Méthodologie objet avancée en Java
 - JavaDoc
 - La gestion des erreurs et des exceptions
 - Les paquetages de base
 - Les flux d'entrée/sortie
 - Les structures de données de l'API Java
 - Les interfaces graphiques
 - Le multitâche
 - Les applets
 - La programmation réseau par les sockets
- **Autres paradigmes de programmation**
 - Problème, algorithme, programme, langage de programmation
 - Historique et généalogie des langages de programmation
 - Les paradigmes de programmation
 - Le typage dans les langages de programmation
 - Les différents classements de langages de programmation
 - Choix d'un langage de programmation

Equipe pédagogique : Saïd Abdeddaïm (MCU), Gilles Lassalle (IE INRA, Rennes)

S3- UE 5 ALGORITHMIQUE AVANCÉE

| | |
|--|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 2 |
| Responsables | Thierry Lecroq |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S3 |
| Pré-requis | S3 bioinformatique UE1 |
| Compétence visée | Récursivité et types de données abstraits, arbres, graphes, automates et combinatoires de mots |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 55 h Cours : 17 h ; Travaux Dirigés : 17 h ; Travaux Pratiques : 21 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 55 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 20 contrôle continu ; 20 travaux pratiques |

Objectifs :

Présenter les structures de données classiques ainsi que les algorithmes efficaces pour les manipuler.

Programme résumé :

- récursivité et types de données abstraits : listes chaînées (représentation et parcours), piles et files
- arbres : arbres n-aires, arbres binaires (parcours préfixe, infixe, suffixe, largeur), arbres binaires de recherche, AVL
- graphes : graphes orientés, graphes non-orientés, représentation par matrice de transitions, représentation par liste d'adjacences, connexité, parcours (profondeur, largeur)
- automates : automates déterministes, expressions rationnelles, langages reconnaissables
- mots : facteur, préfixe, suffixe, sous-mot, bord, période, recherche exacte de mot (algorithme de Morris-Pratt et de Knuth-Morris-Pratt)

Équipe pédagogique : Thierry Lecroq (PU), Arnaud Lefebvre (MCU), Martine Léonard (MCU)

S3- UE 6 MODÈLES STATISTIQUES ET FOUILLE DE DONNÉES POUR L'ANALYSE DES SÉQUENCES

| | |
|--|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 2 |
| Responsables | Dominique Cellier |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S3 |
| Pré-requis | S3 UE2 : Statistiques avec R et Bioconductor |
| Compétence visée | Modèles statistiques pour l'analyse de séquences : apprentissage, simulation, choix de modèles, recherche de mots exceptionnels, profils et consensus Modèles de Markov et de Markov cachés (HMM) : apprentissage, profil HMM, segmentation, prédiction de gènes <i>ab initio</i> Analyse des données multivariées : ACP, AFC |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 45 h Cours : 15 h ; Travaux Dirigés : 15 h ; Travaux Pratiques : 15 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 45 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 20 contrôle continu ; 20 travaux pratiques |

Objectifs :

- Modèles statistiques pour l'analyse de séquences biologiques : apprentissage, simulation, choix de modèles, validation : applications à l'étude de profils et consensus, à la recherche de mots exceptionnels
- Modèles de Markov, de Markov cachés (HMM) : applications à la segmentation de séquences, aux profils HMM et à la prédiction de gènes *ab initio*
- Analyse multivariée des données : Analyse en Composantes Principales, Analyse Factorielle des Correspondances
- Mise en œuvre sous R, Bioconductor, Ade4 et R'MES

Programme résumé :

➤ Modèles Statistiques pour l'analyse de séquences avec R et Bioconductor

- Lois et processus de Bernoulli, processus de Poisson,
- Simulation de séquences aléatoires
- Recherche de mots exceptionnels, profils et consensus avec R'MES
- Estimation par maximum de vraisemblance,
- Choix de modèles : test de rapport de vraisemblance, critères AIC, BIC,
- Modèles de chaînes de Markov
- Modèles de chaînes de Markov cachés (HMM) : apprentissage (algorithme EM, Baum-Welch, Viterbi), profil HMM, application à la prédiction de gènes.

➤ Fouille et Analyses des données avec R et Ade4

- Analyse non supervisée des données,
- Analyses multivariées : ACP et AFC avec R et Ade4
- Introduction à la fouille de données (Data Mining).

Equipe pédagogique : Dominique Cellier (MCU), Vlad Barbu (MCU)

S3- UE 7 GÉNOMIQUE COMPARATIVE (1)

| | |
|--|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 2 |
| Responsables | Dominique Cellier et Thierry Lecroq |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S3 |
| Pré-requis | UE1, UE2, UE5 et UE6 du S3 bioinformatique |
| Compétence visée | algorithmes et statistiques des alignements de séquences ; alignement de deux séquences : méthode, fonctions de score, signification statistique Recherche de similarités dans les banques de données : signification statistique, BLAST, FASTA, PsiBlast Alignements multiples |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 40 h Cours : 16 h ; Travaux Dirigés : 12 h ; Travaux Pratiques : 12 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 40 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 20 contrôle continu ; 20 travaux pratiques |

Objectifs :

La génomique comparative représente un domaine large de la bioinformatique, incontournable pour toutes les démarches d'annotation de séquences biologiques nouvelles, la reconstruction phylogénétique, l'analyse de la variabilité génétique et des mécanismes dynamiques de l'évolution des génomes. Cette première unité de S3 pose les bases des algorithmes et statistiques des alignements de séquences, au cœur de toutes les autres démarches de la génomique comparative. Cette unité sera prolongée en S4 par l'UE de génomique comparative (2).

Programme résumé :

➤ Comparaison deux à deux et contre une banque

- Programmation dynamique
- Algorithmes de comparaisons de deux séquences : alignement global, alignement local (Smith-Waterman)
- Statistique de l'alignement de deux séquences : fonctions de score, matrices de similarités, formule de Karlin et signification statistique d'un alignement
- Recherche de similarités dans une banque de données : Blast, Fasta, PsiBlast, signification statistique des alignements

➤ Alignements multiples

- Algorithmique pour l'alignement multiple de séquences (Clustal, Dialign, ...)
- Statistiques des alignements multiples
- Profils HMM et alignements par méthodes probabilistes

Equipe pédagogique : Dominique Cellier (MCU), Thierry Lecroq (PU), Saïd Abdeddaïm (MCU)

S3- UE 8 ANNOTATION DES GÉNOMES ET DES PROTÉOMES : ANALYSES BIOINFORMATIQUES

| | |
|--|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsables | Hélène Dauchel |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S3 |
| Pré-requis | UE13, UE14 et UE20 du semestre 1, UE 6 du semestre 3 |
| Compétence visée | Comprendre les méthodes d'obtention des données de séquences biologiques. Maîtriser l'utilisation des ressources des banques de données et des outils d'analyses bioinformatiques pour conduire une annotation structurale et fonctionnelle de séquences nucléiques et protéiques. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 70 h Cours : 26 h ; Travaux Dirigés : 21 h ; Travaux Pratiques : 23 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 70 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 30 contrôle continu; 30 travaux pratiques |

Programme résumé :

➤ Les ressources internationales en données de séquences et le « database browsing »

- **Cartographie et séquençage de génomes complets** : L'objectif est de se repérer dans le paysage international des structures, des institutions et des acteurs en génomique; de connaître et comprendre les principales méthodes expérimentales à l'origine des données de marqueurs, de cartes et de séquences de génome complet:
 - Génie génomique et cartographies pour les projets de séquençage;
 - Méthodes informatiques pour l'assemblage de génomes complets;
 - Biostatistiques pour la cartographie génétique, construction de carte génétique (MapMaker);
 - Ressources en pratique: Banques de données dédiées aux génomes.
- **Des séquences nucléiques aux séquences protéiques** : L'objectif est de se repérer dans le paysage international des banques de données dites généralistes en génomique en approfondissant les parcours des données, des banques de soumission aux banques de connaissances; de comprendre les différents niveaux de qualité de la bioinformatique; de savoir rechercher et utiliser la bioinformatique, notamment au travers de systèmes de navigation chromosomique intégratifs «Genome browser ».
 - Collaboration internationale de l'INSDC: soumission des séquences nucléiques, structuration et format de données, qualité des séquences;
 - Ressources en séquences primaires de protéines : annotation automatique et annotation expertisée, banques de données internationales dédiées;
 - Ressources en pratique : "Database Browsing and Entry Retrieval" : Systèmes de requêtes multicritères et multibanques (ENTREZ, EB-eye, SRS, wwwquery), « Genome browser » : MapViewer, Ensembl et UCSC.
- **Ressources en séquences de transcrits.**
 - De la génomique à la génomique fonctionnelle : l'enjeu;
 - Etiquettes de transcrits (EST, SAGE, MPSS) et transcrits complets « ADNe full length » : méthode d'obtention, caractéristiques, annotation et analyse ;
 - Ressources en pratique : outils bioinformatiques et banques de données associées.

➤ Annotation des génomes

L'objectif général est de comprendre et maîtriser les programmes d'analyses dédiés pour réaliser une annotation *in silico* d'un nouveau génome séquencé.

- Principes et programmes de prédiction de gènes protéiques et à ARN procaryotes et eucaryotes, mesure des performances
- Méthodes de validation du modèle de gène proposé : apport des données extrinsèques et de la génomique comparative
- L'annotation du non codant
- Plateformes d'annotation, projets collaboratifs internationaux et re-annotation manuelle.

➤ Annotation des protéomes

L'objectif général est de comprendre et maîtriser les programmes d'analyses dédiés pour réaliser une annotation structurale et fonctionnelle *in silico* d'une nouvelle séquence protéique prédite, proposer des hypothèses sur ses fonctions biochimiques, cellulaires et physiologiques.

- Caractérisations biochimiques et structurales, contextualisation subcellulaire
- Annotation fonctionnelle : motifs, domaines et familles de protéines. Construction et représentation des signatures dans les banques de données spécialisées, outils d'analyse dédiés à la découverte et à la recherche de signatures.
- Annotation fonctionnelle par les bio-ontologies (GO, OLS)

Equipe pédagogique : Hélène Dauchel (MCU), Laurent Mouchard (MCU), Dominique Cellier (MCU), autres intervenants extérieurs.

S3- UE 9 ENVIRONNEMENT PROFESSIONNEL (1)

| | |
|--|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 2 |
| Responsables | Maryvonne Holzem, Marie Gspann |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S3 |
| Compétence visée | <u>Anglais</u> : Comprendre, produire et interagir en anglais professionnel et scientifique. Niveau visé : niveau B2 et C1 du Cadre Européen. <u>Stratégies de l'innovation</u> : Veille, droit des TIC, C2i niveau 2 métiers de l'ingénieur. <u>Gestion de projet</u> : méthodes pour le développement en informatique |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 50 h Cours : 13 h ; Travaux Dirigés : 33 h ; Travaux Pratiques : 4 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 40 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 40 contrôle continu |

Programme résumé :

➤ Anglais professionnel et scientifique (20h)

Il s'agit de développer l'autonomie tant pour la prise de parole que pour la rédaction de documents pour une meilleure interaction en situation de communication professionnelle et scientifique internationale. L'enseignement comprend des activités de groupe et des activités individuelles :

maîtrise de la terminologie de spécialité; synthèse d'écrits, présentations orales, argumentations et débats; activité de rédaction et de traduction; simulations de situations de travail; e-learning; Conférences ou visio conférences (Supportées par des collaborations internationales, il s'agit de conférences scientifiques pointues ou sur des thèmes plus larges de l'environnement professionnel (situation de l'emploi, panorama d'entreprises...).

➤ Stratégies de l'innovation en biotechnologie (20h)

- Veille stratégique : il s'agit d'une initiation aux pratiques professionnelles de veille terminologique et technologique

- veille technologique ie intelligence économique : application aux secteurs d'activité de la bioinformatique.
- recherche et traitement de l'information sur le Web (syntaxe, néologie terminologique et conceptuelle, fiabilité des sources).
- recherche d'information brevet.

- Droit dans l'entreprise et des développements professionnels : il s'agit d'une initiation pour sensibiliser à la problématique et donner les clés pour comprendre les démarches de son entreprise et agir professionnellement dans le respect des juridictions.

- droit du travail : le contrat de travail et ses clauses, l'accent est mis en priorité sur le contrat d'apprentissage.
- droit des TIC : informatique et liberté, propriété intellectuelle et informatique (brevet logiciel et logiciel libre, base de données et base de connaissances, droit d'auteur), droit de l'internet et du numérique.

- C2i niveau 2 « métiers de l'ingénieurs » : en auto-formation. L'objectif est de valider les compétences du référentiel, dans les domaines suivants:

- Domaines généraux : aspects juridiques et TIC dans un contexte professionnel, sécurité de l'information et des systèmes d'information.
- Domaines technologiques: standards, normes techniques en TIC, interopérabilité, ingénierie collaborative, environnement numérique et nomadisme, recherche, gestion et diffusion de contenus.

➤ Gestion de Projet en bioinformatique (10h)

Gestion de projet : parties prenantes, organisation, rôles et responsabilités.

Les outils de la gestion de projet, Plan Assurance Qualité

Ce cours sera réinvesti en Semestre 4 U2 pour la gestion en équipe d'un projet de développement logiciel en bioinformatique.

Equipe pédagogique : Marie Gspann (PRAG), Maryvonne Holzem (MCU), Christian Labarthe (DG secteur privé), Laurence Herault (juriste d'entreprise), conférenciers (droit des TIC)

S3- UE 10 MISSION PROFESSIONNELLE (1)

| | |
|--|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 10 |
| Responsables | Hélène Dauchel, Thierry Lecroq, Dominique Cellier |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S3 |
| Compétence visée | Acquisition des compétences professionnelles d'Ingénieur Bioinformaticien et Biostatisticien |
| Nature des activités pédagogiques | Immersion professionnelle en alternance |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 36 semaines effectives (de septembre à septembre). |
| Modalité du contrôle des connaissances | Examen terminal écrit : 60 (rapport) Examen terminal oral : 100 (soutenance) Contrôle continu : 40 (évaluation maître d'apprentissage) |

➤ Cadrage de la mission professionnelle

Le projet confié à l'étudiant(e)-apprenti(e) doit être celui d'un ingénieur bioinformaticien, à l'interface des sciences du vivant, de l'informatique et des mathématiques. La mission professionnelle doit les conduire à utiliser, à concevoir et à développer des outils, des méthodes, des modèles informatiques et mathématiques destinés à la gestion des expériences et des données, à l'analyse des données ou à la modélisation des systèmes biologiques. Le projet peut comprendre un travail de bioanalyse *. Pour tous, le projet exclut un travail de paillasse.

Selon le principe de l'alternance et de l'apprentissage, le projet proposé doit être conçu de façon progressive en plusieurs phases, avec une difficulté et une autonomie croissante. L'encadrement : Les compétences en informatique, bioinformatique et statistiques nécessaires au développement du projet doivent exister préalablement dans la structure d'accueil ou au travers de ses proches collaborations. Les tâches d'administration système ne relèvent pas ou peu a priori des attributions de l'étudiant, elles devront rester exceptionnelles.

*En informatique : Algorithmique, programmation impérative et objet, modélisation des systèmes d'information, bases de données, programmation client/serveur sur Internet, développement logiciel, technologies de grille de calcul...; en statistiques : modèles, analyse et fouille de données (R, Bioconductor), modèles mathématiques en biologie systémique... Analyses bioinformatiques : annotations, génomique comparative, analyses en transcriptomique, protéomique, métabolomique, modélisation moléculaire...

➤ Démarches pour obtenir une mission

Les étudiants prennent en charge les démarches pour l'obtention de cette mission soit avant la sélection, soit après dans la limite de la date fixée chaque année. La majorité des missions est arrangée par l'équipe pédagogique grâce à son réseau de partenaires locaux ou nationaux. Une liste de propositions est fournie aux étudiants retenus. Mais nous soutenons également toutes les démarches personnelles pour trouver sa propre mission en fonction des souhaits scientifiques ou géographiques des étudiants. La structure d'accueil peut être de type privé ou public, au sein de l'Université de Rouen, de la région Haute Normandie ou partout ailleurs en France, notamment au sein du Réseau National des Génomies françaises, Cancéropoles, plate-formes technologiques...Les missions en pays frontaliers sont également possibles.

La proposition de mission est transmise au responsable de la spécialité sous la forme d'une fiche résumée du projet dans un premier temps. Elle est évaluée par les trois co-responsables. Dans un second temps un "descriptif de la mission professionnelle" plus complet est demandé. Un contrat d'apprentissage est établi couvrant la période des semestre 3 + semestre 4.

➤ Suivi de mission

L'étudiant-apprenti est suivi pendant sa mission professionnelle par un enseignant-chercheur de l'équipe pédagogique (tuteur universitaire). Le suivi régulier à l'Université de Rouen à chaque regroupement vise à évaluer les conditions et la progression du travail et si possible une visite par an dans l'entreprise ou un contact téléphonique. Le tuteur universitaire est aussi le rapporteur lors de l'évaluation, en fonction du sujet un deuxième rapporteur peut être sollicité en semestre 3. En semestre 4, le doublet de co-rapporteurs est obligatoire.

➤ Evaluation de la mission

1. Un premier exposé en début de formation (février) permet une première prise de parole sur le projet/le poste confié. Sa préparation aura permis de clarifier, préciser avec le maître d'apprentissage la mission et les échéances. Il permet à tous les étudiants de confronter leur différente mission. Pour les tuteurs universitaires, c'est l'occasion éventuellement de déceler des écueils, formuler des conseils. Cet exposé ne fait pas l'objet d'une évaluation.

2. L'évaluation de la mission professionnelle se fait conjointement par le cadre de l'entreprise ou maître d'apprentissage et le tuteur universitaire de l'étudiant. La mission professionnelle complète représente 22 CE sur les 60 CE des semestre 3 + semestre 4, elle est exclue de la compensation. En semestre 3, la mission allant de septembre à septembre, fait l'objet d'un rapport, d'une soutenance et d'une évaluation par le maître d'apprentissage selon une grille pré-établie de critères.

Equipe pédagogique : les tuteurs universitaires, encadrants de mission professionnelle en alternance
Support administratif pour l'apprentissage : le Centre de Formation par Apprentissage de l'Université de Rouen

SEMESTRE 4

S4- UE 1 PROGRAMMATION ET TECHNOLOGIES WEB AVANCÉES

| | |
|--|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsables | Laurent Mouchard, Saïd Abdeddaïm |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S4 |
| Pré-requis | Semestre 3 UE1, UE3, UE4 |
| Compétence visée | Maîtrise des technologies avancées de la programmation client/serveur sur Internet |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 65 h Cours : 19 h ; Travaux Dirigés : 23 h ; Travaux Pratiques 23 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 65 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 30 contrôle continu; 30 travaux pratiques |

Objectifs :

Prolongements et approfondissements des UE de semestre 3 de programmation, d'interfaçage et de conception objet.

Dans cet UE nous abordons les technologies avancées de la programmation client/serveur sur Internet. Du coté serveur, nous apprendrons deux langages de scripts : Perl et Python, ainsi que les différentes technologies développées pour la programmation en Java coté serveur. Du coté client nous étudierons le langage Javascript. Différentes techniques de communication et formats d'échanges (XML, SOAP) entre client et serveur, correspondant à des standards du W3C (World Wide Web Consortium), seront abordés. Les modèles de communication entre machines seront introduits avec l'étude de la programmation parallèle sur une grille. La familiarisation avec les librairies BioPerl, BioPython et BioJava permettra d'aborder ces sujets dans le cadre des applications client/serveur dédiés au stockage et à l'analyse des séquences génomiques.

Programme résumé :

➤ Programmation avancée : outils et librairies

- Les outils de développements : l'exemple d'Eclipse
- Programmation Perl et BioPerl
- Programmation Python et BioPython
- Programmation JavaScript
- Aspects avancées de la programmation Java :
 - La plateforme J2EE
 - Les Servlets
 - Les Java Servers Pages (JSP)
 - Entreprise java bean (EJB)
 - Java Database Connectivity (JDBC)
- Une librairie Java dédiée à l'analyse des séquences : BioJava

➤ Nouvelles technologies pour le Web dynamique et Technologies de grille

- Représentation et échanges de données : de HTML à XHTML à XML, schéma de transformation (XSD) et transformées (XSLT, XSL-FO)
- Communication entre machines : Parallélisation et langage MPI
 - Pourquoi faire du parallélisme ?
 - Architectures de calcul à hautes performances : historique, grilles et grappes, quelques grands projets actuels de bioinfo utilisant des grilles de calcul.
 - Algorithmique parallèle : schéma maître/esclave, schéma SPMD, mesures de performances (notions de jeux de tests, comparaison d'algorithmes, choix des critères)
 - Techniques de répartition
 - Découverte de la programmation parallèle en MPI : bibliothèques de communication par échange de messages, MPI primitives de base, étude de cas pour un problème de bioinformatique classique.
- Web dynamique et Web Services avancées : échanges de données entre machines, applications distribuées : SOAP, WSDL, API (RMI et Perl Objet : l'exemple de ENSEMBL), Ajax.

Equipe pédagogique : Laurent Mouchard (MCU), Saïd Abdeddaïm (MCU), Arnaud Lefebvre (MCU), Frédéric Guinand (PU, Université du Havre), Gilles Lassalle (IE INRA, Rennes).

S4- UE 2 GESTION D'UN PROJET DE DÉVELOPPEMENT LOGICIEL OU D'APPLICATIONS EN BIOINFORMATIQUE

| | |
|--|---|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 4 |
| Responsables | Hélène Dauchel, Arnaud Lefebvre |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S4 |
| Pré-requis | Gestion de projet de l'UE 9 « environnement professionnel de semestre 3 »; semestre 3 d'une façon générale. |
| Compétence visée | Mise en situation professionnelle : Réinvestir les acquis d'informatique, de statistiques et de bioinformatique pour le développement d'un logiciel ou d'une application. Réinvestir les acquis méthodologiques de la gestion de projet en équipe. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 20 h Cours : 4 h ; Travaux Dirigés : 16 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | projet estimé à 100h/ étudiant |
| Modalité du contrôle des connaissances | 80 contrôle continu |

Programme résumé :

- **Conduite du projet en équipe :** Le projet fait l'objet de l'élaboration d'un PAQ. Le travail est livré sous une forme fonctionnelle intégrée au portail bioinformatique rouennais sur le serveur d'applications dédié.
- **Audits du Plan Assurance Qualité (10h) :** deux audits au cours de l'année
- **Génie Logiciel (10h)**
 - Outils de tests d'applications
 - Systèmes de contrôle de versions (ex : CVS), environnement de suivi de versions (ex : Subversion) et de bugs (ex : DDD)

Equipe pédagogique : Hélène Dauchel, Christian Labarthe (DG secteur privé), Arnaud Lefebvre (MCU), les proposant de projets (MOA, clients).

S4- UE 3 GÉNOMIQUE COMPARATIVE (2)

| | |
|--|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 2 |
| Responsables | Dominique Cellier, Arnaud Lefebvre et Sylvie Barry |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S4 |
| Pré-requis | UE 14 et UE 20 du semestre 1 et UE7 du semestre 3 |
| Compétence visée | Comparaison de génomes complets, cartographie comparée Méthodes de reconstruction phylogénétique Modélisation génétique et dynamique des populations |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 55 h Cours : 20 h ; Travaux Dirigés : 19 h ; Travaux Pratiques : 16 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 55 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 20 contrôle continu; 20 travaux pratiques |

Objectifs :

Cette unité fait suite à l'UE de semestre 3 « génomique comparative 1 ». Elle permet d'acquérir la connaissance et la maîtrise des outils bioinformatiques pour des démarches d'annotation de génomes complets, la reconstruction phylogénétique, l'analyse de la variabilité génétique et des mécanismes dynamiques de l'évolution des génomes.

Programme résumé :

✓ Algorithmique avancée pour la comparaison de génomes complets (14h)

- Comparaison exacte : structures d'indexation, arbres des suffixes (REPUTER, MUMMER)
- Comparaison avec heuristiques : BLASTz
- Cartographie comparée : recherche de synténie et de relation d'orthologie.

✓ Reconstruction phylogénétique (25h)

- Mise à niveau et complément en phylogénie moléculaire : définitions, structures et échelle phylogénétique des arbres, principes de reconstruction, choix des séquences homologues et filtrage, méthodes et modèles d'évolution (distance moléculaire synonymes et non synonymes Ka et Ks), temps évolutif, taux de divergence, horloge moléculaire, transferts horizontaux, introduction à la phylogénomique.
- Méthodes de reconstruction phylogénétique :
 - processus markovien et semi markovien, modèles d'évolution, distances évolutives
 - reconstruction par méthode de parcimonie, de distance et par maximum de vraisemblance
 - bootstrap
 - apprentissage de Phylip, Paup, Phylo_win, PhyML, Seaview et NJplot.

✓ Modèles pour la génétique et dynamique des populations (15h)

- Variation génétique dans les populations, déséquilibres de liaison, modèle de Hardy-Weinberg, dérive génétique, modèle de Wright-Fisher
- Introduction à la coalescence.
- Applications aux données de mutation et polymorphisme SNP: analyses d'articles et ressources numériques(ex: dbSNP, HGV)

Equipe pédagogique : Dominique Cellier (MCU), Arnaud Lefebvre (MCU), Sylvie Barry (PU), Hervé Tostivint (PRAG), Mario Tosi (PU), Guy Perrière (DR CNRS, Lyon), extérieur pour les TP de cartographie comparée.

S4- UE 4 TRANSCRIPTOMIQUE, PROTÉOMIQUE : ANALYSES STATISTIQUES ET BIOINFORMATIQUES

| | |
|--|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 3 |
| Responsables | Dominique Cellier et Hélène Dauchel |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S4 |
| Pré-requis b | UE13 et UE19 du semestre 1 UE2, UE3 et UE8 du semestre 3 |
| Compétence visée | Maîtrise des méthodes et outils de l'analyse statistique et bioinformatique pour l'expérimentation à haut débit en transcriptomique et protéomique d'expression. |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 75 h Cours : 24 h ; Travaux Dirigés : 9 h ; Travaux Pratiques : 42 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 75 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 30 contrôle continu; 30 travaux pratiques |

Programme résumé :

➤ Analyses en transcriptomique (40h)

▪ Gestion d'expériences en transcriptomique

- L'ensemble du cours est traité sur l'exemple des transcriptomes d'*Arabidopsis thaliana*.
- Mise à niveau et approfondissement en technologies du transcriptome : séquençage haut et très haut débit d'étiquettes d'expression (ESTs, SAGE, MPSS), puces à ADN (Affymetrix) et technologies « array » avancées (GSTs, Chip-chip, méthylation array, et tiling array).
- Dessin d'amorces pour l'étude de l'expression de génomes complets ou partiels.
- Plan d'expérience - méthodes statistiques : conditions, traitements, nombres échantillons, séries cinétiques, réplicats techniques et biologiques.
- Méthodes statistiques pour la normalisation des données de puces
- Standardisation des données de puces (ex : MGED, MIAME, MAGE-ML) et bases de données (ex : Array Express, BASE)
- Système d'information et LIMS pour la gestion des données (ex : CATdb)
- Analyse des résultats : Comparaison des données du transcriptome (CATdb) avec des annotations du génome (ex : annotations d'Arabidopsis par le TAIR et Eugene et la base de données FLAGdb) et analyses *in silico* de régions promotrices.

▪ Fouille et Analyses des données en transcriptomique avec R et Bioconductor

- Applications des statistiques inférentielles à l'étude de l'expression différentielle
- Profilage par classification non supervisées, cartes auto-organisatrices (Self Organising Maps)
- Profilage par méthodes d'apprentissage supervisées, discrimination et classification supervisée (k-means)
- Analyse et annotation fonctionnelle des classes de gènes : recherche de liens avec les données d'ontologie et de voie métabolique (ex: les outils de GO, REACTOME...)
- Connexe : Applications aux Puces à ADN en oncologie moléculaire : SNP et CGH-array

➤ Analyses en protéomique d'expression (20h)

- Mise à niveau et approfondissement en technologies du protéome. Applications fondamentales et cliniques (Processus biologiques et pathologies)
- Identification des protéines - Outils dédiés à l'identification des protéines (ex: Mascot, Phenix, Peaks, Sequest) - Détermination de séquence peptidique par spectrométrie de masse (TP sur système couplé LCMSMS)
- Analyse d'image (Détection, Normalisation, Matching) et description des outils dédiés (ex: Profinder, PDQuest, Samespots) - Expression quantitative (ex : DIGE, Silac, Icat, Itraq) - Etude d'expression différentielle (TP avec logiciel Profinder)
- Standardisation des données en protéomique (ex : MIAPE, PRIDE) - Gestion de données (LIMS)
- Biomarqueurs (Approche Profiling et Shotgun) - Imagerie par approche protéomique
- Connexe : Puces à protéines

➤ Traitement d'images (15h)

Infographie 2 D : repérage de contours, débruitage, opérateurs de convolution, filtres passe-haut, filtres passe-bas. Applications aux images du transcriptome.

Equipe pédagogique : Dominique Cellier (MCU), Marie Laure Martin-Magniette (CR INRA), Gilles Caraux (PU, AGRO ENSAM, Montpellier), Sandrine Balzergue (IE INRA, Evry), Véronique Brunaud (CR INRA, Evry), Hélène Dauchel (MCU), Arnaud Lefebvre (MCU), Pascal Cosette (MCU), E. Barillot (DR, Institut Curie) et Ch. Decraene (IR CNRS Inst. Curie), autres intervenants extérieurs.

S4- UE 5 MODÉLISATION, SIMULATION ET SYSTÈMES DE REPRÉSENTATION DES CONNAISSANCES

| | |
|--|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 2 |
| Responsables | Dominique Cellier, Thierry Lecroq, Hélène Dauchel |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S4 |
| Pré-requis | S4_UE4 |
| Compétence visée | Modélisation et simulation en biologie systémique Fouille de textes et ontologies |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 50 h Cours : 28 h ; Travaux Dirigés : 5 h ; Travaux Pratiques : 17 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 50 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 20 contrôle continu; 20 travaux pratiques |

Programme résumé :

- **Modélisation et simulation en biologie systémique**

L'objectif est en priorité de comprendre les concepts statistiques et informatiques permettant de formaliser un système biologique. Différents exemples d'applications viennent illustrer ces concepts et des travaux pratiques de modélisation à l'aide de logiciels dédiés sont proposés.

- ♦ **Introduction à la problématique de la biologie des systèmes complexes** : Pourquoi modéliser ? Modéliser et simuler ? Différents niveaux de modélisation des systèmes biologiques complexes.
- ♦ **Introduction à la bioinformatique formelle pour la modélisation des systèmes biologiques** :
- Les différents formalismes mathématiques pour la modélisation et la simulation : graphes, modèles discrets (booléens, ...), modèles continus (systèmes différentiels, ...), modèles aléatoires (équations stochastiques, ...), modèles hybrides.
- Modèles informatiques : automates cellulaires et systèmes multi-agents (SMA).

- ♦ **Exemples d'applications** :

- ✓ modélisation des réseaux géniques : équations différentielles et approches langages, ex d'environnements dédiés
- ✓ modélisation des réseaux biochimiques:
 - modélisation de l'interactome : approche de génétique moléculaire (double hybride, phage display...) et approches expérimentales protéiques de l'interactome (ex : Tap-Tag, BN PAGE, Gel retard), outils bioinformatiques dédiés pour la recherche ou la visualisation des réseaux protéiques (ex : Dip, Bind, Grid, String, IntAct).
 - reconstruction des réseaux métaboliques : Les différents modèles utilisés dans l'analyse des réseaux métaboliques, outil bioinformatiques de reconstruction (ex : Cytoscape, IGraph (package R), yEd, Copasi), bases de données dédiées (ex : BioCyc et KEGG)

- **Fouille de textes et ontologies**

L'objectif est en priorité de comprendre les méthodes et les concepts algorithmiques permettant d'explorer des textes et d'en retirer de nouvelles informations fondamentales. Un exemple d'application dans le domaine de la génomique vient illustrer ces concepts et des travaux pratiques de fouille de texte à l'aide de logiciels dédiés sont proposés.

- ♦ Méthodologie et algorithmique pour la fouille de textes : outil d'extraction d'informations; indexation et modélisation de réseau sémantique, règles d'association (ensemble de mots fréquents, algorithme Apriori), étiquetage, classification système de représentation des connaissances, d'interrogation et de gestion des informations extraites.
- ♦ Applications à la littérature scientifique en génomique : construction d'ontologies et découverte de nouvelles connaissances.

Equipe pédagogique : Dominique Cellier (MCU), Vic Norris (PU), Ludovic Cottret (IR CNRS, Lyon), Stéphane Canu (PU, INSA Rouen), Thierry Lecroq (PU), Thierry Paquet (PU), Maryvonne Holzem (MCU), Claire Nedellec (CR INRA, Jouy), Philippe Bessières (DR INRA, Jouy), autres intervenants extérieurs.

S4- UE 6 MODÉLISATION, PRÉDICTION DE STRUCTURES ET CHÉMOGÉNOMIQUE

| | |
|--|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 2 |
| Responsables | Laurence Menu-Bouaouiche, Isabelle Milazzo, Hélène Dauchel |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S4 |
| Pré-requis | UE11 du semestre 1 conseillée UE8 du semestre 3 |
| Compétence visée | Comprendre les principes et méthodologies de Bioinformatique Structurale, Savoir analyser une structure de macromolécule biologique, et la modéliser à partir de données structurales issues de RMN et de Cristallographie et Diffraction des Rayons X (RX). |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 45 h Cours : 25 h ; Travaux Dirigés : 10 h ; Travaux Pratiques : 10 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 45 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 20 contrôle continu; 20 travaux pratiques |

Objectifs :

Maîtrise des méthodes et outils de l'analyse et de la modélisation des structures de macromolécules biologiques
Compréhension des enjeux de la chémo-génomique.

Programme résumé :

- **Modélisation et prédiction de structures (30h)**

- Analyse structurale des macromolécules biologiques par RMN, RX et modélisation moléculaire
- Banques de structure et classification des modes de repliement des protéines (PDB, CATH, SCOP)
- Prédiction de structures II et III des protéines, modélisation par homologie, threading
- Analyse et prédiction de structure des acides nucléiques
- Outils de visualisation et de simulation (Chime, SYBYL), et d'analyse de structures (PROCHECK)

- **Introduction à la chémo-génomique (15h)**

- Ciblotèques et chimiothèques :
 - Identification et validation des cibles biologiques : notion de ciblotèque et d'espace biologique. Exemple dans le domaine biomédical des grandes catégories de cibles cellulaires et moléculaires.
 - Identification de molécules candidates : notion de chimiothèque et d'espace chimique. Chimiothèque nationale et bases de données (ex : PubChem NCBI). Exemple « du candidat médicament » dans le domaine biomédical, grandes classes de médicaments et processus de développement pré-clinique.

- Concepts et méthodes de criblage :

- Le criblage automatisé ou criblage haut débit (High-Throughput Screening, HTS) : concepts et automatisation des tests expérimentaux miniaturisés pour la découverte de composés actifs capables de modifier la cible (« hits » naturels ou issus de la chimie combinatoire). Rôle des statistiques dans l'analyse des résultats. Tests in vitro et in vivo de SAR (Structure-Activity Relationships), optimisation synthétique des hits.
- Le criblage virtuel à haut débit : création d'un espace chimique *in silico* et « Quantitative Structure-Activity Relationship (QSAR), drug design et criblage par docking moléculaire (protéines/petites molécules, protéine/ADN, protéine/protéine); apport du logiciel SuMo.

Equipe pédagogique : Laurence Menu-Bouaouiche (MCU), Isabelle Milazzo (MCU), Isabelle Callebaut (DR CNRS, Paris), Emmanuel Bettler (MCU, Lyon), autres intervenants extérieurs.

S4- UE 7 ENVIRONNEMENT PROFESSIONNEL (2)

| | |
|--|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 2 |
| Responsables | Maryvonne Holzem, Marie Gspann, Hélène Dauchel |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S4 |
| Pré-requis | S3_UE9 |
| Compétence visée | <u>Anglais</u> : Comprendre, produire et interagir en anglais professionnel et scientifique. Niveau visé : niveau B2 et C1 du Cadre Européen. <u>Stratégies de l'innovation</u> : création d'activités innovantes <u>Préparation à l'insertion professionnelle</u> |
| Nature des activités pédagogiques | Volume horaire total : 30 h Cours : 10 h ; Travaux Dirigés : 20 h |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 30 |
| Modalité du contrôle des connaissances | 40 contrôle continu |

Programme résumé :

- Anglais professionnel et scientifique (16h)

Il s'agit de développer l'autonomie tant pour la prise de parole que pour la rédaction de documents pour une meilleure interaction en situation de communication professionnelle et scientifique internationale. L'enseignement comprend des activités de groupe et des activités individuelles :

maîtrise de la terminologie de spécialité; synthèse d'écrits, présentations orales, argumentations et débats; activité de rédaction et de traduction; simulations de situations de travail; rédaction de lettres et CV; e-learning; préparation aux test de langues; test TOEIC proposé en fin de session de formation; Conférences ou visio conférences (Supportées par des collaborations internationales, il s'agit de conférences scientifiques pointues ou sur des thèmes plus larges de l'environnement professionnel (situation de l'emploi, panorama d'entreprises...)).

- Stratégies de l'innovation en biotechnologie (6h)

Le processus de création d'activités innovantes est traité au travers d'une journée forum avec la participation de professionnels de structures d'aides à l'innovation et des responsables d'activités innovantes.

- Préparation à l'insertion professionnelle (8h)

- Application des enseignements de veille stratégique du semestre 3 à leur propre compte : profilage de leur candidature en fonction des évolutions prédictibles des secteurs d'activités et des compétences recherchées.

- REFérentiel des Emplois-types de la Recherche et de l'Enseignement Supérieur (Referens) et Branche d'Activités Professionnelles (BAP) pour la bioinformatique; analyse de fiches profils.

Equipe pédagogique : Marie Gspann (PRAG), Maryvonne Holzem (MCU), Gilles Lassalle (IE INRA, Rennes), professionnels de structures d'aides à l'innovation et des responsables d'activités innovantes.

S4- UE 8 MISSION PROFESSIONNELLE (2)

| | |
|--|--|
| Mention | Biologie Santé |
| CE | 12 |
| Responsables | Hélène Dauchel, Thierry Lecroq, Dominique Cellier |
| Spécialité de la mention où elle est obligatoire | BioInforMatique |
| Semestre où elle peut être suivie | S4 |
| Compétence visée | Acquisition des compétences professionnelles d'Ingénieur Bioinformaticien et Biostatisticien |
| Nature des activités pédagogiques | Immersion professionnelle en alternance |
| Travail personnel estimé (hors présentiel) | 34 semaines effectives (de septembre à juin ou juillet). |
| Modalité du contrôle des connaissances | Examen terminal écrit : 80 (rapport) Examen terminal oral : 120 (soutenance) Contrôle continu : 40 (évaluation maître d'apprentissage) |

Cadrage de la mission professionnelle

Le projet confié à l'étudiant(e)-apprenti(e) doit être celui d'un ingénieur bioinformaticien, à l'interface des sciences du vivant, de l'informatique et des mathématiques. La mission professionnelle doit les conduire à utiliser, à concevoir et à développer des outils, des méthodes, des modèles informatiques et mathématiques destinés à la gestion des expériences et des données, à l'analyse des données ou à la modélisation des systèmes biologiques. Le projet peut comprendre un travail de bioanalyse *. Pour tous, le projet exclut un travail de paillasse.

Selon le principe de l'alternance et de l'apprentissage, le projet proposé doit être conçu de façon progressive en plusieurs phases, avec une difficulté et une autonomie croissante. L'encadrement : Les compétences en informatique, bioinformatique et statistiques nécessaires au développement du projet doivent exister préalablement dans la structure d'accueil ou au travers de ses proches collaborations. Les tâches d'administration système ne relèvent pas ou peu a priori des attributions de l'étudiant, elles devront rester exceptionnelles.

* En informatique : Algorithmique, programmation impérative et objet, modélisation des systèmes d'information, bases de données, programmation client/serveur sur Internet, développement logiciel, technologies de grille de calcul...; en statistiques : modèles, analyse et fouille de données (R, Bioconductor), modèles mathématiques en biologie systémique... Analyses bioinformatiques : annotations, analyses en transcriptomique, protéomique, métabolomique, modélisation moléculaire...

Suivi de mission

L'étudiant-apprenti est suivi pendant sa mission professionnelle par un enseignant-chercheur de l'équipe pédagogique (tuteur universitaire). Le suivi régulier à l'Université de Rouen à chaque regroupement vise à évaluer les conditions et la progression du travail et si possible une visite par an dans l'entreprise ou un contact téléphonique. Le tuteur universitaire est aussi le rapporteur lors de l'évaluation, en fonction du sujet un deuxième rapporteur peut être sollicité en semestre 3. En semestre 4, le doublet de co-rapporteurs est obligatoire.

Evaluation de la mission

L'évaluation de la mission professionnelle se fait conjointement par le cadre de l'entreprise ou maître d'apprentissage et le tuteur universitaire de l'étudiant. La mission professionnelle complète représente 22 CE sur les 60 CE des semestre 3 + semestre 4, elle est exclue de la compensation.

En semestre 4, la mission allant de septembre à juin (juillet), fait l'objet d'un rapport en juin, d'une soutenance et d'une évaluation par le maître d'apprentissage selon une grille pré-établie de critères.

Equipe pédagogique : les tuteurs universitaires, encadrants de mission professionnelle en alternance
Support administratif pour l'apprentissage : le Centre de Formation par Apprentissage de l'Université de Rouen