

PÉRIODE D'ACCREDITATION : 2016 / 2021

UNIVERSITÉ PAUL SABATIER

---

# SYLLABUS MASTER

## Mention Bio-informatique

### M1 bioinformatique et biologie des systèmes

---

<http://www.fsi.univ-tlse3.fr/>  
<http://bioinformatique.univ-tlse3.fr>

2016 / 2017

8 JUILLET 2017

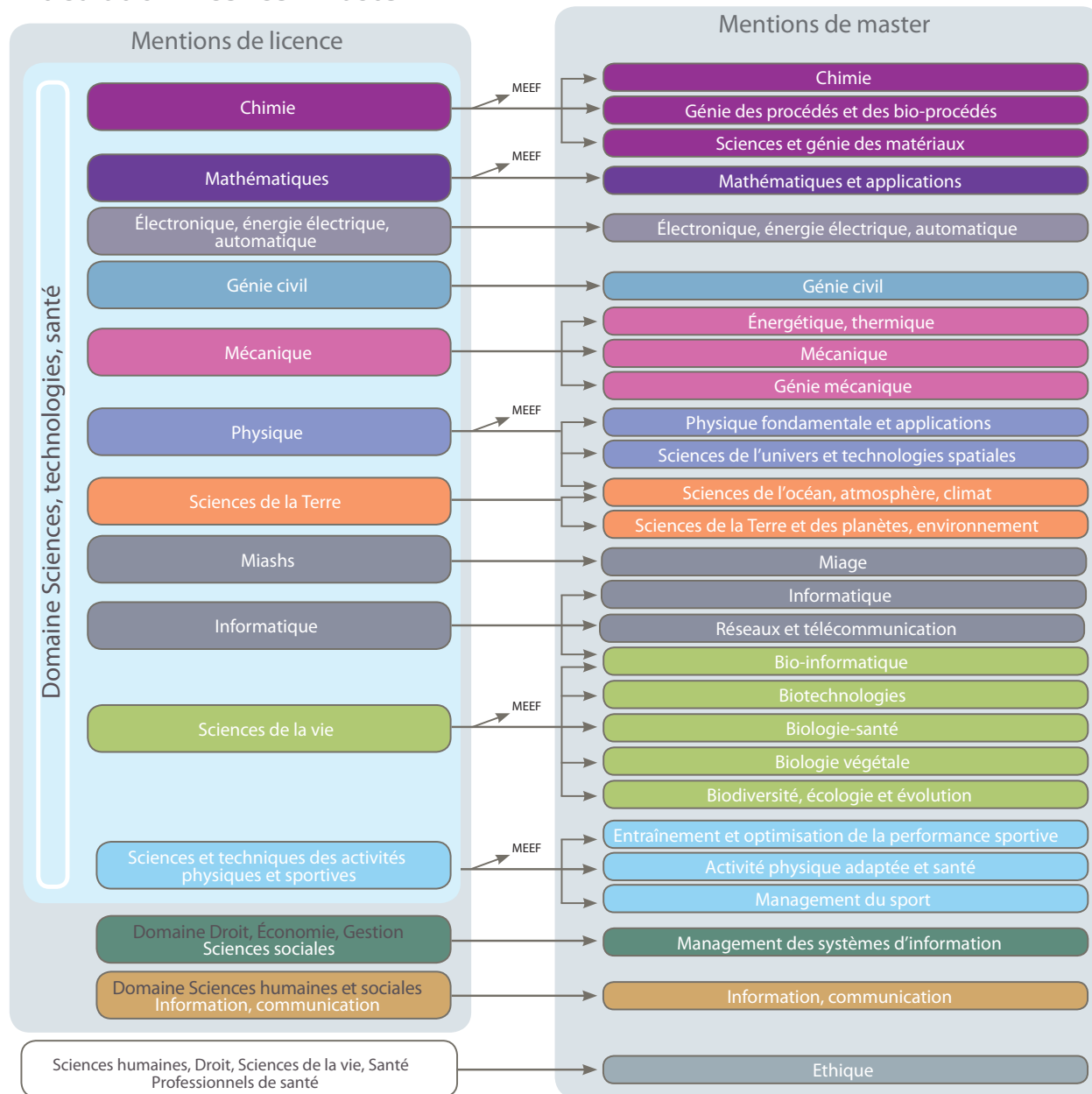
# SOMMAIRE

---

SCHÉMA ARTICULATION LICENCE MASTER . . . . .	3
PRÉSENTATION . . . . .	4
PRÉSENTATION DE LA MENTION ET DU PARCOURS . . . . .	4
Mention Bio-informatique . . . . .	4
Parcours . . . . .	4
PRÉSENTATION DE L'ANNÉE DE M1 bioinformatique et biologie des systèmes	4
RUBRIQUE CONTACTS . . . . .	6
CONTACTS PARCOURS . . . . .	6
CONTACTS MENTION . . . . .	6
CONTACTS DÉPARTEMENT : FSI.BioGéo . . . . .	6
Tableau Synthétique des UE de la formation . . . . .	7
LISTE DES UE . . . . .	9
GLOSSAIRE . . . . .	36
TERMES GÉNÉRAUX . . . . .	36
TERMES ASSOCIÉS AUX DIPLOMES . . . . .	36
TERMES ASSOCIÉS AUX ENSEIGNEMENTS . . . . .	36

# SCHÉMA ARTICULATION LICENCE MASTER

## Articulation Licence - Master



MEEF - cf. annexe 10. Profil métiers de l'enseignement

# PRÉSENTATION

---

## PRÉSENTATION DE LA MENTION ET DU PARCOURS

### MENTION BIO-INFORMATIQUE

La formation s'adresse à des étudiant(e)s de Biologie mais aussi d'Informatique.

Elle a pour objectif de former des étudiants possédant d'importantes **capacités pluridisciplinaires, biologie, informatique et mathématiques**, nécessaires pour œuvrer dans le domaine de la **bioinformatique** mais aussi dans celui émergent de la **biologie des systèmes**.

L'évolution rapide des technologies dans le domaine des sciences de la vie et la généralisation des approches globales dans l'analyse du vivant génèrent dans les laboratoires privés et publics une demande accrue de jeunes cadres ou chercheurs possédant une vision intégrée s'appuyant sur des connaissances et des compétences de plusieurs champs disciplinaires. **Les débouchés professionnels** se situent notamment en agroalimentaire, environnement et santé : grandes sociétés industrielles (pharmaceutiques, semencières, phytosanitaires, cosmétiques et environnementales), sociétés innovantes en biotechnologies, laboratoires de recherche académique. Les détenteurs du master peuvent prétendre à des fonctions d'ingénieur d'étude et de recherche en entreprise (services R& D) et dans les instituts de recherche. Ils peuvent également poursuivre en doctorat.

### PARCOURS

De part son enseignement pluridisciplinaire (informatique, mathématiques, biologie et bioinformatique) et sa coloration sectorielle ciblée, cette mention ne possède qu'un seul parcours, **Bioinformatique et Biologie des Systèmes**.

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

- les connaissances en **programmation et gestion des données** pour accompagner des projets en biologie
- les compétences en **traitements mathématiques des grands jeux** de données pour en extraire les informations pertinentes
- les démarches pour dégager, à partir de différentes **sources de données hétérogènes**, les relations entre objets dans le but **d'inférer des réseaux biologiques**
- les méthodes de **modélisation dynamique des réseaux biologiques** pour analyser *in silico* leur comportement,
- des compétences pratiques par la **réalisation de nombreux projets individuels et collectifs** en plus d'un socle solide de connaissances théoriques.
- l'**autonomie** nécessaire pour **conceptualiser** les problèmes liés à l'analyse des données biologiques et **pour mettre en place et/ou développer** les réponses méthodologiques adaptées pour résoudre la question biologique posée.

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

### Organisation de l'année de master 1 :

**Au premier semestre** (S7), une UE au choix (Algorithmique/Harmonisation des connaissances en Biologie) permet aux étudiants suivant leur origine (Biologie ou Informatique) d'acquérir les bases de l'autre discipline. Des UE communes leur permettent ensuite d'acquérir les fondements disciplinaires de la formation en informatique, mathématiques et bioinformatique. En **mathématiques**, au travers de deux UE seront abordés d'une part le traitement statistique des données biologiques et d'autre part l'initiation théorique aux bases de l'algèbre linéaire (calcul matriciel) et de l'analyse, notamment la résolution d'équations différentielles nécessaire pour la modélisation de problèmes dynamiques. En **informatique**, deux UE aborderont la programmation structurée et

les bases de données. Quatre UE seront dédiées aux approches de **bioinformatique**, l'une dédiée aux concepts et algorithmes sous-jacents aux principaux outils de comparaison de séquences biologiques, la seconde consacrée aux approches d'analyse des données de génomes, la troisième aux traitements des réseaux d'interactions moléculaires au travers de l'analyse de graphes et la quatrième présentera des approches en génétique des populations et en génétique statistique.

**Le second semestre(S8)** propose des UE d'approfondissement en programmation (programmation orientée objet) et en bioinformatique pour le traitement des données issues des approches à haut débit. Des UE permettent d'aborder : l'extraction de connaissances à partir de grands jeux de données (Fouilles de données), le traitement des données issues des techniques de séquençage à haut débit (Traitement des données postgénomiques), l'initiation aux analyses d'évolution moléculaire. Deux UE au choix permettent d'acquérir un complément de formation soit en modélisation moléculaire, soit en mathématiques (analyses statistiques multivariées).

Deux UE de langues vivantes sont proposées l'une au S7 et l'autre au S8.

**Activités de mise en situation** : Une UE de **projet tuteuré** est proposé au second semestre de M1 (3 ECTS). De part un besoin de renforcement des compétences disciplinaires, il n'y a pas de stage obligatoire prévu durant l'année de master 1, cependant les étudiants sont **fortement encouragés à effectuer un stage en fin d'année universitaire sous couvert du M1**(UE de 0 ECTS). De plus, de **nombreux projets individuels ou collectifs** leur sont demandés tout au long de la formation, de manière à développer leur autonomie dans le travail mais également leur aptitude à mener un projet d'équipe.

A l'issue du M1, les étudiants sauront concevoir et programmer des algorithmes fondamentaux d'analyses de données biologiques, créer et exploiter des bases de données, réaliser des analyses de séquences, utiliser les logiciels d'annotation de génomes, traiter et analyser des grands jeux de données biologiques, analyser des graphes et réseaux biologiques et reconstruire le scénario évolutif des séquences d'une famille de gènes/protéines.

# RUBRIQUE CONTACTS

---

## CONTACTS PARCOURS

### RESPONSABLE M1 BIOINFORMATIQUE ET BIOLOGIE DES SYSTÈMES

BARRIOT Roland

Email : [Roland.Barriot@ibcg.biotoul.fr](mailto:Roland.Barriot@ibcg.biotoul.fr)

Téléphone : 05 61 33 58 21

FARINAS Jérôme

Email : [jerome.farinas@irit.fr](mailto:jerome.farinas@irit.fr)

Téléphone : 0561558343

### SECRÉTAIRE PÉDAGOGIQUE

FORLINO Caroline

Email : [caroline.forlino@univ-tlse3.fr](mailto:caroline.forlino@univ-tlse3.fr)

Téléphone : 0561558966

Université Paul Sabatier

118 route de Narbonne

31062 TOULOUSE cedex 9

## CONTACTS MENTION

### RESPONSABLE DE MENTION BIO-INFORMATIQUE

FARINAS Jérôme

Email : [jerome.farinas@irit.fr](mailto:jerome.farinas@irit.fr)

Téléphone : 0561558343

FICHANT Gwennaele

Email : [Gwennaele.Fichant@ibcg.biotoul.fr](mailto:Gwennaele.Fichant@ibcg.biotoul.fr)

Téléphone : 05 61 33 58 26

## CONTACTS DÉPARTEMENT: FSI.BIOGÉO

### DIRECTEUR DU DÉPARTEMENT

LUTZ Christel

Email : [christel.lutz@univ-tlse3.fr](mailto:christel.lutz@univ-tlse3.fr)

Téléphone : 05 61 17 59 57

### SECRETARIAT DU DÉPARTEMENT

ROLS Véronique

Email : [vroles@adm.ups-tlse.fr](mailto:vroles@adm.ups-tlse.fr)

Téléphone : 05 61 55 81 88

Université Paul Sabatier

118 route de Narbonne

31062 TOULOUSE cedex 9

# TABLEAU SYNTHÉTIQUE DES UE DE LA FORMATION

page	Code	Intitulé UE	ECTS	Obligatoire Facultatif	Cours	Cours-TD	TD	TP	TP DE	Projet	Stage
<b>Premier semestre</b>											
10	EMBIA1AM	INTRODUCTION AUX BASES DE DONNÉES	3	O		20		10			
11	EMBIA1BM	PROGRAMMATION EN BIOINFORMATIQUE	3	O		12		18			
12	EMBIA1CM	BIOINFORMATIQUE DES SÉQUENCES	3	O		8	4	18			
13	EMBIA1DM	BIOINFORMATIQUE POUR LA GÉNOMIQUE	3	O		12	6	12			
14	EMBIA1EM	MATHÉMATIQUES POUR LA BIOLOGIE	3	O		14		16			
15	EMBIA1FM	TRAITEMENT DES DONNÉES BIOLOGIQUES	3	O	10			18			
16	EMBIA1GM	GÉNÉTIQUE ÉVOLUTIVE ET QUANTITATIVE	3	O	16		6	6			
<b>Choisir 1 UE parmi les 2 UE suivantes :</b>											
17	EMBIA1IM	HARMONISATION DES CONNAISSANCES EN BIOLOGIE	3	O		24					
18	EMBIA1JM	ALGORITHMIQUE ET COMPLEXITÉ	3	O		30					
19	EMBIA1KM	TRAITEMENT DES GRAPHES ET RÉSEAUX BIOLOGIQUES	3	O		14		16			
<b>Choisir 1 UE parmi les 3 UE suivantes :</b>											
21	EMBIA1UM	ANGLAIS	3	O			24				
22	EMBIA1VM	ALLEMAND	3	O			24				
23	EMBIA1WM	ESPAGNOL	3	O			24				
20	EMBIA1TM	STAGE FACULTATIF	3	F							0,5
<b>Second semestre</b>											
24	EMBIA2AM	PROGRAMMATION AVANCÉE ET GÉNIE LOGICIEL	6	O		28		32			
25	EMBIA2BM	TRAITEMENT DES DONNÉES POSTGÉNOMIQUES	6	O		30		30			
26	EMBIA2CM	PROJET TUTEURÉ	3	O		8				50	
27	EMBIA2DM	FOUILLE DE DONNÉES	3	O		14		16			
28	EMBIA2EM	ÉVOLUTION MOLÉCULAIRE	3	O	12		6	12			
<b>Choisir 2 UE parmi les 3 UE suivantes :</b>											
29	EMBIA2FM	INTRODUCTION À LA MODÉLISATION MOLÉCULAIRE	3	O			20		4		

page	Code	Intitulé UE	ECTS	Obligatoire Facultatif	Cours	Cours-TD	TD	TP	TP DE	Projet	Stage
30	EMBIA2GM	ANALYSE DES DONNÉES MULTIVARIÉES	3	O	10			20			
31	EMBIA2HM	MODÈLE LINÉAIRE AVANCÉ	3	O	12			16			
<b>Choisir 1 UE parmi les 4 UE suivantes :</b>											
32	EMBIA2VM	ANGLAIS	3	O			24				
33	EMBIA2WM	ALLEMAND	3	O			24				
34	EMBIA2XM	ESPAGNOL	3	O			24				
35	EMBIA2YM	FRANÇAIS GRANDS DÉBUTANTS	3	O			24				



---

## LISTE DES UE

---

<b>UE</b>	<b>INTRODUCTION AUX BASES DE DONNÉES</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1AM</b>	Cours-TD : 20h , TP : 10h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

YIN Shaoyi

Email : [shaoyi.yin@irit.fr](mailto:shaoyi.yin@irit.fr)

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

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

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

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

### MOTS-CLÉS

bases de données relationnelles, modélisation, algèbre relationnelle, LDD, LMD, langage SQL

<b>UE</b>	<b>PROGRAMMATION EN BIOINFORMATIQUE</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1BM</b>	Cours-TD : 12h , TP : 18h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

PELLEGRINI Thomas

Email : [thomas.pellegrini@irit.fr](mailto:thomas.pellegrini@irit.fr)

Téléphone : 05 61 55 72 01

FICHANT Gwennaele

Email : [Gwennaele.Fichant@ibcg.biotoul.fr](mailto:Gwennaele.Fichant@ibcg.biotoul.fr)

Téléphone : 05 61 33 58 26

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Apprentissage de la programmation structurée avec des langages impératifs. Savoir utiliser des structures classiques. Mise en œuvre en utilisant un langage impératif. Utilisation de bibliothèques de programmation dédiée à la bioinformatique, notamment pour la manipulation de séquences (nucléiques et protéiques) ainsi que l'exploitation de diverses sources et format de données.

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Notions fondamentales

\* Expressions : types de données élémentaires, affectation, opérateurs arithmétiques

\* Conditions : structures conditionnelles / expressions booléennes

\* Itérations : structures itératives, types listes et chaînes de caractères

\* Fonctions définies par le programmeur

\* Gestion des entrées et sorties : interactif, lecture et écriture de fichiers, formats compressés

Notions complémentaires

\* Types structurés : dictionnaires

\* Expressions régulières

\* Modules : importation et création

\* Modules spécifiques : matplotlib (graphique), biopython (bio-informatique), numpy (algèbre), pandas (analyse de données)

\* Algorithmes de tri

\* Algorithmes de comptage, de recherche et de comparaison de séquences ADN

### PRÉ-REQUIS

Algorithmique (UE EMBIA1JM)

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Apprendre à programmer avec Python 3, Gérard Swinnen, Eyrolles

### MOTS-CLÉS

Algorithmique, structures, instructions conditionnelles, programmation impérative. Biopython, séquences génomiques, annotations structurées, ontologies.

<b>UE</b>	<b>BIOINFORMATIQUE DES SÉQUENCES</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1CM</b>	Cours-TD : 8h , TD : 4h , TP : 18h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

MATHE Catherine

Email : [mathe@lrsv.ups-tlse.fr](mailto:mathe@lrsv.ups-tlse.fr)

Téléphone : 05 34 32 38 07

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Les cours viseront à montrer la différence entre un alignement exact (Needleman et AW56 Smith et Waterman) ou approché via des heuristiques (type BLAST) ; l'intérêt de la méthode de programmation dynamique pour la comparaison de séquences ; comprendre les différentes approches en alignement multiple de séquences : méthodes locales et globales, progressives versus itératives ; connaître les méthodes de caractérisation (signature, profile) et la recherche de motifs communs entre plusieurs séquences.

La mise en pratique de ces différentes méthodes sera faite lors de séances de travaux dirigés et pratiques, en insistant sur leurs avantages ou leurs limites.

### PRÉ-REQUIS

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

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Bio-informatique. Principes d'utilisation des outils. 2010. D. Tagu, J.L. Risler, coord. Ed Quae

Bioinformatique - Cours et applications. 2ème édition. 2015. G. Deléage et M. Gouy. Dunod

### MOTS-CLÉS

Algorithmes pour la comparaison de séquences - heuristique - profiles

<b>UE</b>	<b>BIOINFORMATIQUE POUR LA GÉNOMIQUE</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1DM</b>	Cours-TD : 12h , TD : 6h , TP : 12h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

FICHANT Gwennaele

Email : [Gwennaele.Fichant@ibcg.biotoul.fr](mailto:Gwennaele.Fichant@ibcg.biotoul.fr)

Téléphone : 05 61 33 58 26

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Les cours aborderont :

- 1) la description de la conception d'un prédicteur de gène et des différentes méthodes qui doivent être mises en œuvre pour effectuer les mesures nécessaires sur la séquence génomique analysée et comment ces différentes informations sont intégrées dans un modèle de structure de gène qui sera ensuite implémenté dans une solution logicielle permettant de réaliser la prédiction de la structure optimale. Parmi ces approches, les modèles de Markov cachés (HMM) permettant de réaliser des modèles probabilistes d'une suite de problèmes linéaires labellisés seront plus particulièrement développés.
- 2) la description des concepts et des hypothèses fonctionnelles qui sous-tendent les approches de génomique comparative.
- 3) la description des méthodes d'alignement de génomes qui permettent d'identifier les régions cœurs de l'ensemble des génomes analysés et qui sont donc utilisées en génomique comparative.

Les séances de TD permettront d'illustrer les approches exposées en cours par l'analyse de problématiques biologiques tirées de publications scientifiques en anglais. Les séances de TP mettront en pratique, sur ordinateur, les approches théoriques décrites en cours.

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

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

### MOTS-CLÉS

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

<b>UE</b>	<b>MATHÉMATIQUES POUR LA BIOLOGIE</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1EM</b>	Cours-TD : 14h , TP : 16h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

MOUYSSSET Sandrine

Email : [sandrine.mouysset@irit.fr](mailto:sandrine.mouysset@irit.fr)

BARRIOT Roland

Email : [Roland.Barriot@ibcg.biotoul.fr](mailto:Roland.Barriot@ibcg.biotoul.fr)

Téléphone : 05 61 33 58 21

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Algèbre Linéaire

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

Analyse

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

Probabilités

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

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

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

### MOTS-CLÉS

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

<b>UE</b>	<b>TRAITEMENT DES DONNÉES BIOLOGIQUES</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1FM</b>	Cours : 10h , TP : 18h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

BONHOMME Maxime

Email : [bonhomme@lrsv.ups-tlse.fr](mailto:bonhomme@lrsv.ups-tlse.fr)

Téléphone : 0534 32 38 14

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

A la fin de cette UE, les étudiants auront acquis les notions fondamentales pour (i) décrire des données biologiques (incluant des données de transcriptome), (ii) tester des hypothèses liées aux données grâce à des méthodes statistiques dédiées, et (iii) interpréter biologiquement les résultats de ce traitement.

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Cours :

- statistiques descriptives (une ou plusieurs variables, représentations graphiques, introduction aux analyses multivariées)
- statistiques inférentielles (loi de probabilité, distribution d'échantillonnage, estimation ponctuelle, estimation par intervalle de confiance, tests paramétriques/ non paramétriques)

Ce contenu sera traité au travers d'exemples biologiques.

- introduction au traitement des données post-génomiques par l'analyse de données de transcriptome (filtrage, normalisation, test d'expression différentielle d'un gène, recherche de co-régulations géniques par clustering).

TP : Mise en pratique, avec le logiciel R, de la démarche et des outils d'analyses statistiques par l'étude de données biologiques.

### PRÉ-REQUIS

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

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

The R Book (Mickael J Crawley)

### MOTS-CLÉS

statistiques descriptives - probabilités - échantillonnage - test statistique - analyse transcriptomique

<b>UE</b>	<b>GÉNÉTIQUE ÉVOLUTIVE ET QUANTITATIVE</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1GM</b>	Cours : 16h , TD : 6h , TP : 6h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

BONHOMME Maxime

Email : [bonhomme@lrsv.ups-tlse.fr](mailto:bonhomme@lrsv.ups-tlse.fr)

Téléphone : 0534 32 38 14

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Ce module permettra aux étudiants d'acquérir et de mettre en pratique les concepts fondamentaux de l'évolution génétique et phénotypique des populations par des approches de génétique des populations et de génétique des caractères quantitatifs. L'accent sera mis sur les approches statistiques nécessaires à l'analyse des données génétiques, dont le nombre a explosé suite au séquençage à haut débit. Des problèmes concrets de génétique végétale mais aussi animale seront abordés.

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Cours :

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

TD : Application des notions abordées, au travers d'exercices.

TP : Mise en pratique avec R et divers logiciels d'analyse génétique, au travers d'exemples issus du monde végétal et animal.

### PRÉ-REQUIS

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

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Précis de génétique des populations (Jean-Pierre Henry, Pierre-Henry Gouyon, ed Dunod)

Introduction to quantitative genetics (Falconer & Mackay)

Handbook of statistical genetics (Balding, Bishop, Cannings)

### MOTS-CLÉS

génétique - population - évolution - caractère quantitatif - cartographie génétique



<b>UE</b>	<b>HARMONISATION DES CONNAISSANCES EN BIOLOGIE</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1IM</b>	Cours-TD : 24h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

ROUSSEAU Philippe

Email : [Philippe.Rousseau@ibcg.biotoul.fr](mailto:Philippe.Rousseau@ibcg.biotoul.fr)

Téléphone : 05 61 33 59 16

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

**Biologie Cellulaire** : Introduction générale à la biologie cellulaire. Notion de cellule procaryote et eucaryote. Organisation de la cellule (compartimentation et dynamique intracellulaire). Expression génique et régulation. Mouvements cellulaires. Prolifération, différenciation et mort cellulaire. Enseignement interactif privilégiant un travail collectif.

**Analyse Génétique** : Relation gène-fonction. Notions de mutation et d'allèle. Lois de transmission de caractères héréditaires chez les eucaryotes (i.e. : monogénique et digénique). Notions d'indépendance et de liaison génique. Transmission génétique chez les procaryotes.

**Biologie Moléculaire** : Structure du matériel génétique, notions de gène et de génôme. Présentation des grands processus moléculaires de la cellule (i.e. : réplication, transcription, traduction).

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Biologie (Campbell et Reece - De Boeck)

### MOTS-CLÉS

Biologie cellulaire - Biologie Moléculaire - Génétique mendélienne et moléculaire

<b>UE</b>	<b>ALGORITHMIQUE ET COMPLEXITÉ</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1JM</b>	Cours-TD : 30h		

## ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

FARINAS Jérôme

Email : [jerome.farinas@irit.fr](mailto:jerome.farinas@irit.fr)

Téléphone : 0561558343

## OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Décomposer un programme en éléments de plus petite taille.

Analyser le comportement de programmes simples fondés sur les variables, expressions, affectations, E/S, structure de contrôle, fonctions...

Créer des algorithmes résolvant des problèmes simples : transcription ADN en ARN, traduction en protéines.

Implémenter des algorithmes, les tester et les déboguer.

Comprendre les notions et les techniques qui permettent d'analyser la complexité d'algorithmes.

Initiation aux systèmes Unix : gestion des fichiers, commandes de base.

## DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

### Algorithmique

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

### Concepts de la programmation

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

### Complexité

Introduction des notions et techniques qui permettent d'analyser la complexité d'algorithmes.

Complexité de boucles, pour ou tant que, dans le cas le pire et le cas moyen.

**Systèmes Unix** : introduction aux système de gestion de fichiers, commandes SHELL de base, notions de filtrages et d'entrées sorties

## PRÉ-REQUIS

Mathématiques élémentaires

## RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

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

Unix, Initiation et utilisation : Colin, Armspach, Ostré-Waerzeggers, Dunod, 2004

## MOTS-CLÉS

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

<b>UE</b>	<b>TRAITEMENT DES GRAPHES ET RÉSEAUX BIOLOGIQUES</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1KM</b>	Cours-TD : 14h , TP : 16h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

BARRIOT Roland

Email : [Roland.Barriot@ibcg.biotoul.fr](mailto:Roland.Barriot@ibcg.biotoul.fr)

Téléphone : 05 61 33 58 21

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Concepts et définitions

Graphes et réseaux rencontrés en biologie et bioinformatique

Représentations informatiques et manipulations

Formats de stockage

Logiciels de visualisations, d'éditeurs et d'analyse

Librairies et boîtes à outils

Algorithme de parcours et de dessin

Arbres couvrants

Détection de motifs

Partitionnement et détection de communautés

### PRÉ-REQUIS

Algorithmique ; Programmation ; Métabolisme ; Génétique

### MOTS-CLÉS

plus court chemin - marches aléatoires - partitionnement de graphes - détection de communautés - modularité - réseau d'interaction, de régulation ou métabolique

<b>UE</b>	<b>STAGE FACULTATIF</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1TM</b>	Stage : 0,5 mois minimum		

<b>UE</b>	<b>ANGLAIS</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBI1UM</b>	TD : 24h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

BONNET Corinne

Email : [corinne.bonnet@univ-tlse3.fr](mailto:corinne.bonnet@univ-tlse3.fr)

MURILLO Philippe

Email : [philippe.murillo@univ-tlse3.fr](mailto:philippe.murillo@univ-tlse3.fr)

Téléphone : 0561557495/8102/6934

NOAILLES Marie-Christine

Email : [junurriel@wanadoo.fr](mailto:junurriel@wanadoo.fr)

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

#### Niveau C1 du Cadre Européen de Certification en Langues

L'objectif de cette UE est de développer les compétences indispensables aux étudiant/es en vue de leur intégration dans la vie professionnelle.

Il s'agira d'acquérir l'autonomie linguistique nécessaire et de perfectionner les outils de langue spécialisée permettant l'intégration professionnelle et la communication d'une expertise professionnelle dans le contexte international. On mettra en œuvre l'accompagnement en anglais du projet scientifique ou des formalités d'insertion professionnelle. On facilitera ainsi les démarches en anglais inhérentes à la recherche universitaire et au recrutement professionnel (recherche bibliographique, publications, communications et formalités, lettres, entretiens professionnels[u] en anglais,[/u])

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Sur l'ensemble M1-M2, l'enseignement de l'anglais s'appuie sur le programme scientifique et sur le projet individuel de chaque étudiant, dans la recherche universitaire ou dans l'insertion professionnelle, toutes deux de haut niveau. Les étudiants travailleront les compétences liées à la synthèse bibliographique : sélection, décryptage, reformulation, synthèse et/ou short abstract. Ils s'approprient les outils linguistiques de la publication et de la communication scientifiques (compréhension de longues publications ou communications par le biais de la contraction : abstracts minimalistes et style elliptique et non verbal des supports visuels).

Le projet scientifique de l'étudiant sera accompagné d'une aide individuelle.

Les étudiants devront maîtriser les éléments de critique orale et/ou écrite de la validité d'une recherche scientifique à partir d'un ou plusieurs articles sur une thématique choisie par eux-mêmes. Ils s'approprient les structures communicatives et linguistiques spécifiques utilisées dans le cadre d'une simulation d'insertion professionnelle ou de tâche professionnelle.

### PRÉ-REQUIS

Niveau B1 du CECRL.

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Publications scientifiques fournies par les spécialistes des différents domaines.

Ressources scientifiques en anglais pour élaborer un travail de consolidation du vocabulaire et des structures spécifiques.

### MOTS-CLÉS

Projet Anglais scientifique - Synthèse bibliographique - Abstract - Rédaction - Publication - Communications - Critique scientifique insertion professionnelle

<b>UE</b>	<b>ALLEMAND</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1VM</b>	TD : 24h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

SANTAMARINA Diego

Email : [diego.santamarina@univ-tlse3.fr](mailto:diego.santamarina@univ-tlse3.fr)

Téléphone : 07 81 33 64 08

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Niveau B2 en allemand

### PRÉ-REQUIS

Niveau B2 en anglais

<b>UE</b>	<b>ESPAGNOL</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>1<sup>er</sup> semestre</b>
<b>EMBIA1WM</b>	TD : 24h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

SANTAMARINA Diego

Email : [diego.santamarina@univ-tlse3.fr](mailto:diego.santamarina@univ-tlse3.fr)

Téléphone : 07 81 33 64 08

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Niveau B2 en espagnol.

Permettre une maîtrise de la langue générale et de spécialité permettant d'être autonome en milieu hispanophone.

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Travail de toutes les compétences avec un accent particulier mis sur l'expression orale.

### PRÉ-REQUIS

Niveau B2 en anglais

### MOTS-CLÉS

Espagnol, communication, professionnel

<b>UE</b>	<b>PROGRAMMATION AVANCÉE ET GÉNIE LOGICIEL</b>	<b>6 ECTS</b>	<b>2<sup>nd</sup> semestre</b>
<b>EMBIA2AM</b>	Cours-TD : 28h , TP : 32h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

RAYNAL Mathieu

Email : [Mathieu.Raynal@irit.fr](mailto:Mathieu.Raynal@irit.fr)

FICHANT Gwennaele

Email : [Gwennaele.Fichant@ibcg.biotoul.fr](mailto:Gwennaele.Fichant@ibcg.biotoul.fr)

Téléphone : 05 61 33 58 26

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

- Maîtriser la modélisation objets d'un programme informatique
- Connaître les différents concepts de la programmation orientée objet
- Savoir développer une application en utilisant une approche orientée objet
- Maîtriser l'utilisation d'API dans le développement d'un programme informatique
- Connaître les principaux éléments permettant de concevoir et développer une interface graphique

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

#### Partie génie logiciel : Modélisation avec UML

Introduction sur l'intérêt de la modélisation, présentation des cas d'utilisation et des principaux diagrammes (diagramme de classe, de séquence, d'état transition)

#### Partie programmation orientée objet - Langage JAVA

Introduction du langage JAVA, présentation des différents outils de compilation, exécution, documentation, etc. et des principaux environnements de programmation (Eclipse, NetBeans)

- Notion de classe et objet
- \* Principales caractéristiques d'une classe (notion d'attributs, constructeurs, méthodes, visibilité)
- \* Instanciation des classes,
- \* Utilisation de package
- \* Lien avec la modélisation UML
- Notion avancée de programmation orientée objet : héritage, interface, classe abstraite
- Gestion des exceptions
- Présentation d'API
- \* Différentes structures de données
- \* Gestion des flux de données : utilisation de fichiers, lecture et écriture dans des flux, sérialisation, parseur XML
- \* Introduction aux interfaces graphiques et à la programmation événementielle

### PRÉ-REQUIS

- Bonne connaissance des bases de l'algorithmique
- Première expérience avec un langage de programmation

### MOTS-CLÉS

Modélisation objet, UML, Programmation orientée objet, JAVA, Classes, Objets, Héritage



UE	TRAITEMENT DES DONNÉES	6 ECTS	2 <sup>nd</sup> semestre
EMBIA2BM	Cours-TD : 30h , TP : 30h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

MOURAD Raphael

Email : [raphael.mourad@ibcg.biotoul.fr](mailto:raphael.mourad@ibcg.biotoul.fr)

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Cette unité d'enseignement comporte 4 ateliers différents : assemblage de génome et détection de SNP, analyse de données RNA-seq, analyse de données small RNA-seq et analyse de données protéomiques. Le premier atelier aborde la manipulation de gros fichiers de séquences, l'alignement des séquences sur le génome, l'assemblage de novo de génomes, la détection de SNP ainsi que leur annotation fonctionnelle. Le second atelier traite de la mesure du niveau d'expression des ARN messagers, de l'analyse différentielle, des méthodes d'enrichissement d'ensemble de gènes et de la détection de variants d'épissage alternatif. Le troisième atelier permet de caractériser les différentes familles d'ARN non codants, d'employer les banques de données et de maîtriser les méthodes bioinformatiques pour traiter les données. Le quatrième atelier présente les caractéristiques générales des spectromètres de masse et les stratégies d'analyse protéomique. Il traite aussi de l'analyse des modifications post-traductionnelles et à celle des interactomes, des stratégies de quantification haut-débit et du traitement des données protéomiques.

### PRÉ-REQUIS

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

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Pevsner. Bioinformatics and Functional Genomics, 2015.

Datta and Nettelton. Statistical Analysis of Next Generation Sequencing Data, 2014.

Wu and Choudry, Next Generation Sequencing in Cancer Research, 2013.

### MOTS-CLÉS

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

<b>UE</b>	<b>PROJET TUTEURÉ</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>2<sup>nd</sup> semestre</b>
<b>EMBIA2CM</b>	Cours-TD : 8h , Projet : 50h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

FARINAS Jérôme

Email : [jerome.farinas@irit.fr](mailto:jerome.farinas@irit.fr)

Téléphone : 0561558343

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Mettre en oeuvre des techniques de méthodologie de travail et d'organisation de projet informatiques

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Partie I

Méthodologie de travail en groupe et de suivi de projet. Techniques de publication Web.

Partie II

Projets en groupes de 3 à 4 personnes. Travail sur des thématiques de Bio informatique mettant en oeuvre de la programmation, des bases de données et de la création de sites Web. Utilisation de techniques de travail en groupe et de suivi de projets. Évaluation par des rapports de suivi de projet et une soutenance orale.

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

PMI, management de projet : un référentiel de connaissances, AFNOR, 2004

Management d'un projet système d'information : principes, techniques, mise en oeuvre et outils, Chantal Morley, Dunod, 2006

### MOTS-CLÉS

méthodologie de travail, travail en groupe, suivi de projet, techniques web

<b>UE</b>	<b>FOUILLE DE DONNÉES</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>2<sup>nd</sup> semestre</b>
<b>EMBIA2DM</b>	Cours-TD : 14h , TP : 16h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

BARRIOT Roland

Email : [Roland.Barriot@ibcg.biotoul.fr](mailto:Roland.Barriot@ibcg.biotoul.fr)

Téléphone : 05 61 33 58 21

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Mesures de distance, similarité, dissemblance

Normalisation et transformation

Classification

- Arbre de décision et forêts aléatoires
- Méthodes bayésiennes
- k plus proches voisins
- Analyse discriminante linéaire

Clustering

- k means, k medoids
- Clustering hiérarchique
- Méthodes basées sur la densité
- Méthodes basées sur une grille

Evaluation des performances

Extraction de règles d'association et d'itemsets fréquents

Logiciels, bibliothèques et boîtes à outils disponibles

### PRÉ-REQUIS

Statistiques, programmation

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Data Mining : Concepts and Techniques, J. Han and M. Kamber, 2006.

Les sentiers de l'utopie, I. Fremaux et J. Jordan, 2012.

### MOTS-CLÉS

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

<b>UE</b>	<b>ÉVOLUTION MOLÉCULAIRE</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>2<sup>nd</sup> semestre</b>
<b>EMBIA2EM</b>	Cours : 12h , TD : 6h , TP : 12h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

FICHANT Gwennaele

Email : [Gwennaele.Fichant@ibcg.biotoul.fr](mailto:Gwennaele.Fichant@ibcg.biotoul.fr)

Téléphone : 05 61 33 58 26

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

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

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Concepts et Méthodes en Phylogénie Moléculaire (2010). Guy Perrière et Céline Brochier-Armanet. Collection IRIS, Springer

Computational Molecular Evolution. Ziheng Yang. Oxford University Press.

### MOTS-CLÉS

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

<b>UE</b>	<b>INTRODUCTION À LA MODÉLISATION MOLÉCULAIRE</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>2<sup>nd</sup> semestre</b>
<b>EMBIA2FM</b>	TD : 20h , TP DE : 4h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

CZAPLICKI Georges  
 Email : [cgeorge@ipbs.fr](mailto:cgeorge@ipbs.fr)

Téléphone : 05 61 17 54 04

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

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

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

Molecular Modelling : Principles and Applications, A. Leach, Prentice Hall, 2001  
 Molecular Modelling for Beginners, A. Hinchliffe, John Wiley & Sons Ltd, 2003  
 Molecular Modeling and Simulation, T. Schlick, Springer-Verlag New York Inc., 2010

### MOTS-CLÉS

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

<b>UE</b>	<b>ANALYSE DES DONNÉES MULTIVARIÉES</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>2<sup>nd</sup> semestre</b>
<b>EMBIA2GM</b>	Cours : 10h , TP : 20h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

GRENOUILLET Gael

Email : [gael.grenouillet@univ-tlse3.fr](mailto:gael.grenouillet@univ-tlse3.fr)

Téléphone : 05.61.55.69.11

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Cet enseignement propose une présentation des principales méthodes d'analyse adaptées aux données multidimensionnelles. Les méthodes abordées seront illustrées à partir d'exemples réels provenant d'études écologiques. L'enseignement cherchera à montrer plus particulièrement en quoi (1) la nature complexe des systèmes biologiques conduit souvent à la nécessité de prendre en compte un grand nombre de descripteurs, et (2) l'écologie est un champ d'application privilégié des diverses méthodes abordées.

Les aspects théoriques indispensables à la compréhension et à la bonne utilisation de ces méthodes seront traités au cours des CM. Les TP, en salle informatique, permettront aux étudiants de mettre en pratique ces méthodes et donner une place importante à l'interprétation écologique des résultats statistiques. Enfin, un projet réalisé en fin d'UE par binôme permettra aux étudiants d'être confrontés à un problème biologique concret. Ce projet portera sur l'analyse d'un jeu de données collecté dans le cadre d'une étude écologique et aboutira à la rédaction d'un rapport et une présentation orale du travail effectué.

### PRÉ-REQUIS

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

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

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

### MOTS-CLÉS

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

<b>UE</b>	<b>MODÈLE LINÉAIRE AVANCÉ</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>2<sup>nd</sup> semestre</b>
<b>EMBIA2HM</b>	Cours : 12h , TP : 16h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

ANDALO Christophe

Email : [christophe.andalo@univ-tlse3.fr](mailto:christophe.andalo@univ-tlse3.fr)

FERDY Jean-Baptiste

Email : [Jean-Baptiste.Ferdy@univ-tlse3.fr](mailto:Jean-Baptiste.Ferdy@univ-tlse3.fr)

Téléphone : 05 61 55 67 59

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

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

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

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

L'enseignement sera illustré en travaux pratiques par l'analyse détaillée de jeux de données tirés de travaux en écologie, biologie comportementale et biologie évolutive.

### PRÉ-REQUIS

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

### RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

The R Book, 2nd Edition. M.J. Crawley 2012. Wiley

### MOTS-CLÉS

Statistique, Modèle linéaire, Modèle linéaire généralisé

<b>UE</b>	<b>ANGLAIS</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>2<sup>nd</sup> semestre</b>
<b>EMBIA2VM</b>	TD : 24h		

**ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE**

BONNET Corinne

Email : [corinne.bonnet@univ-tlse3.fr](mailto:corinne.bonnet@univ-tlse3.fr)

MURILLO Philippe

Email : [philippe.murillo@univ-tlse3.fr](mailto:philippe.murillo@univ-tlse3.fr)

Téléphone : 0561557495/8102/6934

NOAILLES Marie-Christine

Email : [junuriel@wanadoo.fr](mailto:junuriel@wanadoo.fr)



<b>UE</b>	<b>ALLEMAND</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>2<sup>nd</sup> semestre</b>
<b>EMBIA2WM</b>	TD : 24h		

**PRÉ-REQUIS**

Niveau B2 en anglais

<b>UE</b>	<b>ESPAGNOL</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>2<sup>nd</sup> semestre</b>
<b>EMBIA2XM</b>	TD : 24h		

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Etre capable de travailler en milieu hispanophone ou avec des partenaires hispanophones

### DESCRIPTION SYNTHÉTIQUE DES ENSEIGNEMENTS

Activités langagières permettant la maîtrise de l'espagnol général et de la langue de spécialité

### PRÉ-REQUIS

Niveau B2 en anglais - Pas de pré-requis particulier en espagnolEspagnol professionnel, le cours prend en compte les différents niveaux

### MOTS-CLÉS

Espagnol professionnel

<b>UE</b>	<b>FRANÇAIS GRANDS DÉBUTANTS</b>	<b>3 ECTS</b>	<b>2<sup>nd</sup> semestre</b>
<b>EMBIA2YM</b>	TD : 24h		

### ENSEIGNANT(E) RESPONSABLE

JASANI Isabelle

Email : [leena.jasani@wanadoo.fr](mailto:leena.jasani@wanadoo.fr)

Téléphone : 65.29

### OBJECTIFS D'APPRENTISSAGE

Cette UE est conseillée aux étudiants ayant un niveau très faible en français

### PRÉ-REQUIS

Niveau B2 en anglais

### MOTS-CLÉS

français scientifique

# GLOSSAIRE

---

## TERMES GÉNÉRAUX

### DÉPARTEMENT

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

### UE : UNITÉ D'ENSEIGNEMENT

Unité d'Enseignement. Un semestre est découpé en unités d'enseignement qui peuvent être obligatoire, optionnelle (choix à faire) ou facultative (UE en plus). Une UE représente un ensemble cohérent d'enseignements auquel est associé des ECTS.

### ECTS : EUROPEAN CREDITS TRANSFER SYSTEM

Les ECTS sont destinés à constituer l'unité de mesure commune des formations universitaires de Licence et de Master dans l'espace européen depuis sa création en 1989. Chaque UE obtenue est ainsi affectée d'un certain nombre d'ECTS (en général 30 par semestre d'enseignement). Le nombre d'ECTS est fonction de la charge globale de travail (CM, TD, TP, etc.) y compris le travail personnel. Le système des ECTS vise à faciliter la mobilité et la reconnaissance des diplômes en Europe.

## TERMES ASSOCIÉS AUX DIPLOMES

Les diplômes sont déclinés en domaines, mentions et parcours.

### DOMAINE

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

### MENTION

La mention correspond à un champ disciplinaire. Elle comprend, en général, plusieurs parcours.

### PARCOURS

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

## TERMES ASSOCIÉS AUX ENSEIGNEMENTS

### CM : COURS MAGISTRAL(AUX)

Cours dispensé en général devant un grand nombre d'étudiants (par exemple, une promotion entière), dans de grandes salles ou des amphis. Au-delà de l'importance du nombre d'étudiants, ce qui caractérise le cours magistral, est qu'il est le fait d'un enseignant qui en définit lui-même les structures et les modalités. Même si ses contenus font l'objet de concertations entre l'enseignant, l'équipe pédagogique, chaque cours magistral porte la marque de l'enseignant qui le dispense.

## TD : TRAVAUX DIRIGÉS

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

## TP : TRAVAUX PRATIQUES

Méthode d'enseignement permettant de mettre en pratique les connaissances théoriques acquises durant les CM et les TD. Généralement, cette mise en pratique se réalise au travers d'expérimentations. En règle générale, les groupes de TP sont constitués des 16 à 20 étudiants. Certains travaux pratiques peuvent être partiellement encadrés voire pas du tout. A contrario, certains TP, du fait de leur dangerosité, sont très encadrés (jusqu'à 1 enseignant pour quatre étudiants).

## PROJET OU BUREAU D'ÉTUDE

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

## TERRAIN

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

## STAGE

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

