

OFFRE DE FORMATION MASTER

ACADEMIQUE

Etablissement	Faculté / Institut	Département
USTHB	Faculté d'Electronique et Informatique	Informatique

Domaine : Mathématique Informatique

Filière : Informatique

Spécialité : Bioinformatique

Année universitaire : 2017/2018

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

عرض تكوين ماستر

أكاديمي

المؤسسة	الكلية/ المعهد	القسم
جامعة العلوم والتكنولوجيا هواري بومدين	كلية الالكترونيات والاعلام الالي	المعلوماتية الأحيائية

الميدان : الاعلام الالي والرياضيات

الشعبة : الـ ب يوم علم تيات

التخصص : الاعلام الالي

السنة الجامعية: 2018/2017

SOMMAIRE

I - Fiche d'identité du Master	-----
1 - Localisation de la formation	-----
2 - Partenaires de la formation	-----
3 - Contexte et objectifs de la formation	-----
A - Conditions d'accès	-----
B - Objectifs de la formation	-----
C - Profils et compétences visées	-----
D - Potentialités régionales et nationales d'employabilité	-----
E - Passerelles vers les autres spécialités	-----
F - Indicateurs de suivi de la formation	-----
G - Capacités d'encadrement	-----
4 - Moyens humains disponibles	-----
A - Enseignants intervenant dans la spécialité	-----
B - Encadrement Externe	-----
5 - Moyens matériels spécifiques disponibles	-----
A - Laboratoires Pédagogiques et Equipements	-----
B- Terrains de stage et formations en entreprise	-----
C - Laboratoires de recherche de soutien au master	-----
D - Projets de recherche de soutien au master	-----
E - Espaces de travaux personnels et TIC	-----
II - Fiche d'organisation semestrielle des enseignement	-----
1- Semestre 1	-----
2- Semestre 2	-----
3- Semestre 3	-----
4- Semestre 4	-----
5- Récapitulatif global de la formation	-----
III - Programme détaillé par matière	-----
IV – Accords / conventions	-----

I – Fiche d'identité du Master
(Tous les champs doivent être obligatoirement remplis)

1 - Localisation de la formation :

Faculté (ou Institut) : Faculté Electronique et Informatique
Département : Informatique

2- Partenaires de la formation *:

- autres établissements partenaires :
 - CERIST
- entreprises et autres partenaires socio-économiques :
- Partenaires internationaux :
 - Université d'Evry Val d'Essonne, France

3 – Contexte et objectifs de la formation

A–Conditions d'accès (*indiquer les spécialités de licence qui peuvent donner accès au Master*)

Le candidat doit être titulaire d'une licence en informatique ou tout diplôme équivalent.
L'accès au master se fait sur étude de dossier.

B - Objectifs de la formation(*compétences visées, connaissances pédagogiques acquises à l'issue de la formation- maximum 20 lignes*)

A l'issue de cette formation, à l'interface de la biologie, de l'informatique et des mathématiques, les diplômés auront acquis des connaissances en:

- Informatique/bioinformatique : maîtrise de l'algorithmique, de la programmation, des systèmes de gestion de bases de données et nouvelles technologies web; conception et développement de nouveaux logiciels de bioinformatique
- Mathématiques/biostatistiques: maîtrise des outils et méthodes pour l'analyse des séquences et données biologiques; modélisation des systèmes.
- Analyses bioinformatiques : maîtrise des principaux outils, programmes et ressources spécifiques en bioinformatique pour le développement de chaînes de traitement automatique des données,

- Biologie fondamentale: concepts fondamentaux en génétique, biologie cellulaire et biochimie et évolution, connaissance des nouvelles technologies en sciences-omiques et biologie structurale à l'origine des données.

C – Profils et compétences métiers visés(en matière d'insertion professionnelle - maximum 20 lignes) :

Cette formation assure aux étudiants une double compétence :

- D'abord une compétence en informatique générale avec un contenu commun aux Mastersexistantsleur permettant un accès à des études de doctorat informatique. Nous citerons à titre d'exemples : Algorithmique Avancé et Complexité et Bases de Données.
- En second lieu, une compétence particulière en biologie computationnelle afin derelever les défis du Big Data dans tous les domaines de la biologie,dont le traitement et l'analyse des séquences et données massives en biologie, issues des nouvelles approches expérimentales à très grande échelle (séquençage des génomes et génomique, autres sciences -omiques).

Les diplômés peuvent accéder à des postes en Recherche et Développement, par exemple :

- Concepteur et développeur de Bases de Données et de sites web en biologie, santé, agronomie ou environnement
- Concepteur et développeur d'algorithmes et de logiciels de bioinformatique
- Analyste de données biomédicales
- Gestionnaire de plates-formes en bioinformatique

D- Potentialités régionales et nationales d'employabilité des diplômés

Le parcours Master en Bioinformatique permet aux diplômés une insertion professionnelle des étudiants, tant dans le monde académique (universités et organismes de recherche) que dans le secteur public et privé (hôpitaux, entreprises). Les diplômés pourront en outre intégrer et participer au développement d'une industrie algérienne naissante en biotechnologie très prometteuse.

E – Passerelles vers d'autres spécialités

Les passerelles peuvent se faire avec d'autres masters informatiques (Ingénierie du Logiciel, Réseaux et Systèmes Distribués, Systèmes Informatiques Intelligents, Sécurité des Systèmes Informatiques, Architectures Parallèles et Calcul Intensif, Informatique Visuelle), du fait que le

Master BioInformatique est doté de crédits fondamentaux communs avec les autres masters en informatique.

F – Indicateurs de suivi de la formation

- Comités pédagogiques,
- Réunions-bilans périodiques,
- Suivi du placement des étudiants dans le secteur économique

G – Capacité d’encadrement (donner le nombre d’étudiants qu’il est possible de prendre en charge) : 30 étudiants.

4 – Moyens humains disponibles

A : Enseignants de l'établissement intervenant dans la spécialité :

Nom, prénom	Diplôme	Grade	Laboratoire de recherche de rattachement	Type d'intervention	Emargement
Mourad DAOUDI	Doctorat	MCA	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Aicha MOKHTARI	Doctorat d'état	Pr	RIIMA	Cours, TD, TP encadrement mémoire	
Faiza KHELLAF	Doctorat	Pr	RIIMA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Zaia ALIMAZIGHI	Doctorat d'état	Pr	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Malika IOUALALEN	Doctorat d'état	Pr	MOVEP	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Slimane LARABI	Doctorat d'état	Pr	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Yacine DJOUADI	Doctorat d'état	Pr	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Mohamed AHMED-NACER	Doctorat d'état	Pr	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Amar AISSANI	Doctorat d'état	Pr	RIIMA	Cours, TD, TP encadrement mémoire	
Abdelkader BELKHIR	Doctorat d'état	Pr	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Habiba DRIAS	Doctorat d'état	Pr	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Mahfoud BENCHAIBA	Doctorat d'état	Pr	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Abdelmadjid BOUKRA	Doctorat d'état	Pr	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Ahmed GUESSOUM	Doctorat d'état	Pr	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Djamal BEHLOUI	Doctorat	Pr	math	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Nawal GHARBI	Doctorat	Pr	MOVEP	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Samira MOUSSAOUI	Doctorat d'état	Pr	RIIMA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Youcef AKLOUF	Doctorat d'état	Pr	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
A.Ryad BABAALI	Doctorat	Pr		Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Abdelkrim ABDELLI	Doctorat	Pr	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Dalila BOUGHACI	Doctorat	Pr	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Samir KECHID	Doctorat	Pr	LRIA	Encadrement mémoire	

Saliha AOUAT	Doctorat	Pr	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
M.Charif BOUKALA	Doctorat d'état	MCA	MOVEP	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Hamid AZZOUNE	Doctorat	MCA	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Kamal BOUKHALFA	Doctorat	MCA	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Nacera BENSAOU	Doctorat	MCA	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Nadia BAHA	Doctorat d'état	MCA	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Chafika BENZAID	Doctorat	MCA	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Mohamed FEREDJ	Doctorat	MCA	RIIMA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Hamid KHEMISSA	Doctorat	MCB	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Malika MEHDI	Doctorat	MCB		Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Mohamed GUERROUMI	Doctorat	MCB	RIIMA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Sadjia BABAALI	Doctorat	MCB	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Hamid NECIR	Doctorat	MCB	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Samia BOULKRINAT	Doctorat	MCB	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
ZouinaDoukha	Doctorat	MCB	RIIMA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Khaled ZERAOULIA	Doctorat	MCB	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Hadia MOSTEGHANEMI	Magister	MAA	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Chahrazed IGHILAZA	Magister	MAA	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
M. Saddek AYACHE	Magister	MAA	RIIMA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Zakia BENBAZIZ	Magister	MAA		Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Amel OURAHMOUNE	Magister	MAA	LRIA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Wassila GUEBLI	Magister	MAA	LSI	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
Kenza MEKLICHE	Magister	MAA	RIIMA	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	

*** = Cours, TD, TP, Encadrement de stage, Encadrement de mémoire, autre (à préciser)**

B : Encadrement Externe :

Nom, prénom	Diplôme	Etablissement de rattachement	Type d'intervention	Emargement
LOUMIOurida	Doctorat d'état - Pr	FSI-BPO-USTHB	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
BACHARI	Doctorat d'état-Pr	FSI-BPO-USTHB	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
MESSACI	Doctorat - MCA	F Mathématiques- USTHB	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
TAHI Fariza	Doctorat-HDR	UEVE (France)	Cours, Conférence, Encadrement	
GUERBI Rachid	Doctorat - Pr	Université Orsay	Cours, Conférence, Encadrement	
BATOUCE Mohamed	Doctorat d'état-Pr	Université Constantine	Cours, Conférence, Encadrement	
EL-NEGGAR	Magister	U.Boumerdes	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	
BOUTORH	Doctorat	U Alger 1	Cours, TD, TP, encadrement mémoire	

*** = Cours, TD, TP, Encadrement de stage, Encadrement de mémoire, autre (à préciser)**

5 – Moyens matériels spécifiques disponibles

A-Laboratoires Pédagogiques et Equipements : Fiche des équipements pédagogiques existants pour les TP de la formation envisagée(1 fiche par laboratoire)

Intitulé du laboratoire :

N°	Intitulé de l'équipement	Nombre	observations
	Micro-ordinateurs	144	Répartis sur 8 salles TP (12 PC/salle) et 2 salles réseaux (24 PC /salle)
	30 routeurs + 28switchs + 12 PC		Salle Réseaux au département Informatique
	Logiciels disponibles		
	Systèmes d'exploitation Linux Environnement de programmation parallèles et distribués		Windows XP Pack3 Linux Fedora12
	Logiciels open source		

B- Terrains de stage et formation en entreprise :

01 semestre

Lieu du stage	Nombre d'étudiants	Durée du stage
<i>USTHB</i>	10	01 semestre
<i>CERIST</i>	4	01 semestre
<i>Autres entreprises</i>	4	01 semestre

C- Laboratoire(s) de recherche de soutien au master :

LABORATOIRE LSI

Chef du laboratoire
N° Agrément du laboratoire
 Date : Avis du chef de laboratoire :

LABORATOIRE LRIA

Chef du laboratoire
N° Agrément du laboratoire
 Date : Avis du chef de laboratoire:

LABORATOIRE LRIA

Chef du laboratoire :

N° Agrément du laboratoire :

Date :

Avis du chef de laboratoire:

LABORATOIRE RIMA

Chef du laboratoire :
N° Agrément du laboratoire :
Date :
Avis du chef de laboratoire:

D- Projet(s) de recherche de soutien au master :

Intitulé du projet :	Développement de technique et algorithmes Intelligents pour le traitement d'informations Et web services.
Code projet :	B*00220120057

Intitulé du projet :	Mise en œuvre d'un système de vision temps réel pour la reconstruction et la reconnaissance de scènes 3D
Code projet :	B*00220110054

Intitulé du projet :	Des outils et des applications autour du web.
Code projet :	B*00220100040

Intitulé du projet :	Développement de techniques nouvelles pour les machines et un web intelligents.
Code projet :	B*00220100049

Intitulé du projet :	Approches de résolution de problèmes difficiles par les métaheuristiques
Code projet :	B*00220130043

E- Espaces de travaux personnels et TIC :

- Bibliothèque du département informatique
- Cyber Espace de l'USTHB
- Bibliothèque Centrale de l'USTHB

II – Fiche d'organisation semestrielle des enseignements

(Prière de présenter les fiches des 4 semestres)

1- Semestre 1 :

Unité d'Enseignement	VHS	V.H hebdomadaire				Coeff	Crédits	Mode d'évaluation	
	14 sem	C	TD	TP	Autres			Continu	Examen
UE fondamentales							18		
UEF1.1	105h	3h00	1h30	3h00		5	9		
BIOGEN : Bioinformatique et Génomique	63h	1h30	1h30	1h30		3	5	0.40	0.60
AAC : Algorithmique Avancée et Complexité	42h	1h30		1h30		2	4	0.40	0.60
UEF1.2	105h	3h00	3h00	1h30		5	9		
BIOSTAT : Biostatistique	63h	1h30	1h30	1h30		3	5	0.40	0.60
BIOMATH : Biomathématique	42h	1h30	1h30			2	4	0.40	0.60
UE méthodologie									
UEM1.1	105h	3h00	1h30	3h00		5	9		
SPS : Système et Programmation de Scripts	63h	1h30	1h30	1h30		3	5	0.40	0.60
GPR :Gestion de Projet	42h	1h30		1h30		2	4	0.40	0.60
UE découverte									
UED1.1	42h			1h30		2	3		
ANG1 : Anglais	21h			1h30		1	2	0.40	0.60
Gestion des entreprises et Entrepreneuriat	21h	1h30				1	1	0.40	0.60
Total Semestre 1	357h	10h30	6h00	9h00		17	30		

2- Semestre 2 :

Unité d'Enseignement	VHS	V.H hebdomadaire				Coeff	Crédits	Mode d'évaluation	
	14 sem	C	TD	TP	Autres			Continu	Examen
UE fondamentales							18		
UEF2.1	105h	3h00	1h30	3h00		5	9		
BDADB:Base de Données Avancées et Données Biologiques	63h	1h30	1h30	1h30		3	5	0.40	0.60
EIDM:Entreposage et Intégration de Données Massives	42h	1h30		1h30		2	4	0.40	0.60
UEF2.2	105h	3h00	1h30	3h00		5	9		
BIOALGO:Bio-Algorithmique	63h	1h30	1h30	1h30		3	5	0.40	0.60
FD1: Fouille de Données 1	42h	1h30		1h30		2	4	0.40	0.60
UE méthodologie									
UEM2.1	84h	3h00	1h30	1h30		5	9		
TAI:Traitement et Analyse d'images	42h	1h30		1h30		2	4	0.40	0.60
EOC: Eléments d'Optimisation Combinatoire	42h	1h30	1h30			3	5	0.40	0.60
UE découverte									
UED2.1	42h			1h30		2	3		
ANG2 : Anglais	21h			1h30		1	2	0.40	0.60
Techniques de Rédaction et Recherche Documentaire	21h	1h30				1	1	0.40	0.60
Total Semestre 2	336h	10h30	4h30	9h00		17	30		

3- Semestre 3 :

Unité d'Enseignement	VHS	V.H hebdomadaire				Coeff	Crédits	Mode d'évaluation	
	14 sem	C	TD	TP	Autres			Continu	Examen
UE fondamentales									
UEF3.1	126h	3h	3h	3h		6	10		
FD2 : Fouille de Données 2	63h	1h30	1h30	1h30		3	5	0.40	0.60
ACP : Architecture et Calcul Parallèle	63h	1h30	1h30	1h30		3	5	0.40	0.60
UEF3.2	105h	3h	1h30	3h		5	9		
SE : Systèmes Embarqués	63h	1h30	1h30	1h30		3	5	0.40	0.60
VDRA : Visualisation de Données et Réalité Augmentée	42h	1h30		1h30		2	4	0.40	0.60
UE méthodologie									
UEM3.1	84h	3h	1h30	1h30		5	9		
BSD : Biométrie et Sécurisation de Données	42h	1h30		1h30		2	4	0.40	0.60
MCA : Méthodes Conceptuelles d'Analyse	42h	1h30	1h30			3	5	0.40	0.60
UE découverte									
UED3.1	21h			1h30		1	2		
ANG3 : Anglais	21h			1h30		1	2	0.40	0.60
Total Semestre 3	336h	9h00	6h00	9h00		17	30		

Semestre 4 :

Domaine : MI
Filière : Informatique
Spécialité : Bioinformatique

Stage en entreprise sanctionné par un mémoire et une soutenance.

	VHS	Coeff	Crédits
Travail Personnel	30h	30	30
Stage en entreprise	/	/	/
Séminaires	/	/	/
Autre (préciser)	/	/	/
Total Semestre 4	420	30	30

5- Récapitulatif global de la formation :(indiquer le VH global séparé en cours, TD, pour les 04 semestres d'enseignement, pour les différents types d'UE)

VH \ UE	UEF	UEM	UED	UET	Total
Cours	18h	9h	3h	/	420h
TD	12h00	4h30		/	231h
TP	16h30	6h00	4h30	/	378h
Travail personnel	45h	24h	6h		1050h
Autre (préciser)	/	/	/	/	
Total	1281h	609h	189h	/	2079h
Crédits	55	27	8	/	120
% en crédits pour chaque UE	61.11	30.00	8.89		100%

III - Programme détaillé par matière (1 fiche détaillée par matière)

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S1

Intitulé de l'UE : UEF1.1

Intitulé de la matière : Bioinformatique et Génomique

Crédits : 5

Coefficients : 4

Objectifs de l'enseignement :

Présenter les concepts fondamentaux en : - génétique- biologie cellulaire- biochimie.
Donner les bases de la biologie moléculaire: protéines, ADN, ARN, transcription, traduction ainsi que des notions sur les réseaux biologiques.

Connaissances préalables recommandées

- *Aucun pré requis.*

Contenu de la matière :

- A. Les supports de la bio-information
 - L'ADN
 - L'ARN
 - Les protéines
- B. Projets d'études génomiques
 - a. Structure des génomes procaryotes et eucaryotes
 - b. Cartographie des génomes
- C. Séquençage des génomes
 - a. Annotation des gènes procaryotes
 - b. Annotation des gènes eucaryotes
 - e. Prédiction de fonction des gènes
 - f. Comparaison de séquences (alignement, recherche des similarités)
- D. Méthodes globales d'analyse du génome
- E. Portails et bases de données.

Mode d'évaluation : *Continu & Examen de TP*

Références

- Développement et applications de la génomique. Rapport de l'Académie des Sciences.
Coordonnateur: F. Gros. Editions Technique et Documentation.1999.

-Génomes T. A. Brown Publisher: Wiley-Liss, 2002

-Principles of Genome Analysis by Richard M. Twyman, Sandy B. Primrose Publisher: Blackwell Publishers, 2002 A Primer of Genome Sciences Greg Gibson, Spencer V. Muse Publisher: Sinauer Associates Inc, 2002

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S1

Intitulé de l'UE : UEF1.1

Intitulé de la matière : Algorithmique Avancée et Complexité

Crédits : 5

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

Ce module permet d'acquérir les notions nécessaires pour construire les solutions à un problème et évaluer leurs complexités, analyser et classer les problèmes de différents domaines.

Connaissances préalables recommandées

- *Aucun pré requis.*

Contenu de la matière :

- Notions de base en complexité
- Outils mathématiques pour l'étude de la complexité
- Algorithmes de tri
- Récursivité
- Structures de données avancées
 - Arbre et graphe
 - Dictionnaire, index et technique de hachage
- Résolution de problèmes
- Algorithmes du texte

Mode d'évaluation : *Continu & Examen de TP*

Références

1- "Algorithms and Theory of Computation Handbook", Second Edition, Volume 2: Special Topics and Techniques, Chapman & Hall/CRC Applied Algorithms and Data Structures series, Mikhail J. Atallah, Marina Blanton, Édition 2, Éditeur CRC Press, 2009, ISBN 1584888210, 9781584888215

2-Advances in Computational Complexity Theory
Volume 13 de Center for Discrete Mathematics and Theoretical Computer Science
New Brunswick, NJ: DIMACS series in discrete mathematics and theoretical computer science, Numéro 13 de DIMACS series in discrete mathematics and theoretical computer science, Rédacteur Jin-yi Cai
Éditeur American Mathematical Soc., 1993

3-Computability and Complexity Theory, Texts in Computer Science

Auteurs Steven Homer, Alan L. Selman, Édition 2, illustrée
Éditeur Springer Science & Business Media, 2011.

4-Computational complexity. C.H. Papadimitriou, Addison Wesley, 1994.

5-Algorithms and theory of computation M. Atallah .handbook, edited by, CRC Press,Purdue University, 1999.

6-Introduction to algorithms. T. Cormen, C. Leiserson, R. Rivest. MIT Press, 2nd edition 2000.

7-Structures de données et algorithmes, Aho (Alfred V.), J.E. Hopcroft J. Ullman. InterEditions, 1987.

8-Mathématiques pour l'informatique, A. Arnold et I Guessarian Masson, troisième édition 1997.

9-Algorithms, Data Structures and Problem Solving withC++. A. Weiss Addison-Wesley, 1996.

10-Graph Algorithms and NP-Completeness, K. Mehlhorn Springer-Verlag, volume 2 of Data Structures and Algorithms 1984.

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S1

Intitulé de l'UE : UEF1.2

Intitulé de la matière : BIOSTATISTIQUE

Crédits : 5

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

Consolidation des connaissances de base sur les probabilités et statistique mathématique. vues en Licence, et présentation théorique et appliquée des principales méthodes et des modèles utilisés pour l'analyse linéaire des données , avec une initiation au Langage R.

Connaissances préalables recommandées

- *Modules de Probabilités et Statistiques de Licence*

Contenu de la matière :

Ch.1 Rappels : Variables aléatoires et lois de probabilité - .Statistiques descriptives, estimation et intervalles de confiance

Ch.2. Notions de tests

Ch.3 ANOVA

Ch.4 Analyse bivariable et corrélations

Ch.5 Modèle linéaire et test de linéarité

Ch.6 Techniques statistiques multivariées de visualisation (Analyse en Composantes Principales, Analyses factorielles, Analyse Factorielle des Correspondances)

Mode d'évaluation : Continu & Examen de TP

Références

- J.P. Lecoutre : Statistique et probabilités - 5e édition Broché– 30 mai 2012
- N. Bouleau. Probabilités de l'ingénieur. Variables aléatoires et simulation. Hermann, 1986.
- J.-F. Delmas. Introduction au calcul des probabilités et à la statistique. Polycopié ENSTA, 2008.
- Lebart L., Morineau A, Piron M, « Statistique exploratoire multidimensionnelle », Dunod, 3^{ème} édition, 2000.
- Benzécri, J.P, Coll, « L'analyse des données, Tome 2 : l'analyse des correspondances », Dunod, 1980.
- Escofier B, Pagès J, « Analyses factorielles simples et multiples- objectifs, méthodes et interprétations », Dunod, 1990.
- Escofier B., Pagès J., « Analyses factorielles simples et multiples », Dunod, 2008.
- Tenenhaus M., « Statistique : Méthodes pour décrire, expliquer et prévoir », Dunod, 2006.

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S1

Intitulé de l'UE : UEF1.2

Intitulé de la matière : BIOMATHEMATIQUE

Crédits : 4

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

Acquisition des notions et outils de base de l'analyse matricielle dans le cadre de la modélisation mathématique et informatique, initiation à la programmation sur MATLAB

Connaissances préalables recommandées

- *Connaissances de base en Analyse et Algèbre vues en Licence*

Contenu de la matière :

1. Approximation polynomiale
 - 1.1 Interpolation de Lagrange.
 - 1.1.1 Existence et unicité du polynôme d'interpolation.
 - 1.1.2 Erreur d'approximation.
 - 1.1.3 Stabilité du polynôme d'approximation.
 - 1.2 Approximation L2 et polynômes orthogonaux.
 - 1.2.1 Généralités sur l'approximation polynomiale.
 - 1.2.2 Polynôme de meilleure approximation L2 .
 - 1.2.3 Polynômes orthogonaux.
2. Calcul approché d'intégrales : méthodes de quadrature
 - 2.1 Méthodes de Newton-Cotes.
 - 2.1.1 Formules de quadrature simple.
 - 2.1.2 Formules de quadrature composée.
 - 2.2 Méthode de Gauss.
3. Résolution numérique des équations différentielles
 - 3.1 Quelques aspects théoriques.
 - 3.2 Le schéma d'Euler.
 - 3.3 Méthodes à un pas.
 - 3.3.1 Définition et exemples.
 - 3.3.2 Consistance, stabilité et convergence d'un schéma.
 - 3.3.3 Critères de consistance et stabilité.
 - 3.3.4 Ordre d'un schéma
 - 3.4 Méthodes de Runge-Kutta .
 - 3.4.1 Présentation des méthodes.
 - 3.4.2 La méthode RK2.

Mode d'évaluation : *Contrôle continu*

Références :

-Joël Chaskalovic, Méthodes mathématiques et numériques pour les équations aux dérivées partielles, Applications aux sciences de l'ingénieur Editeur(s) : Tec et Doc - Lavoisier, 2013.

- Bouchaïb Radi , Abdelkhalak El Hami, Mathématiques numériques pour l'ingénieur, Utilisation de l'outil MATLAB - Cours, exercices et problèmes de synthèse corrigés, Editeur(s) : Ellipses, 2010

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S1

Intitulé de l'UE : UEM1.1

Intitulé de la matière : Système et Programmation de Scripts

Crédits : 5

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

Le cours permet à l'étudiant d'acquérir des compétences en administration de base du système d'exploitation Linux et en programmation de scripts à l'aide du langage Python. La partie Linux initie l'étudiant aux commandes de base, à la configuration de Shell, la manipulation de processus et packages, ainsi qu'à la communication réseau. La partie programmation de script initie l'étudiant aux fondements du langage de script Python, son utilisation pour la manipulation de fichiers, filtrage de motif, analyse de données, et résolution de problèmes de bio-informatique.

Connaissances préalables recommandées

- *Connaissances en Algorithmique vues en Licence*

Contenu de la matière :

Partie I : Linux

- Commandes de base
- Configuration de Shell
- Contrôle de processus
- Tubes
- Réseaux
- SSH, Shell Sécurisé
- Packages

Partie II : Programmation de Scripts

- Langage de script Python
- Types de données et variables
- Tests conditionnels
- Boucles
- Fichiers
- Fonctions
- Filtrage par motif et expressions régulières
- Collections : Listes, Dictionnaires
- Modules de Python: os, csv, sys, glob, math, urllib2, pickle, ...
- Classes et programmation orientée objet
- Calcul distant et génération de pages Web
- Gestion de données et bases de données relationnelles

- Analyse de données avec Python
 - Images vectorielles avec Inkscape
- Modules d'intérêt en bio-informatique : NumPy, Matplotlib, Biopython, rpy, ...

Mode d'évaluation : *Continu et Examen de TP*

Références

- Christine Bresnahan, Richard Blum. Linux Command Line and Shell Scripting Bible. 3rd Edition, John Wiley & Sons, ISBN: 978-1-118-98384-3, 816 pages, Jan. 2015.
- Mark Summerfield. Programming in Python 3: A Complete Introduction to the Python Language. 2nd Edition, Addison-Wesley Professional, ISBN: 978-0-321-68056-3, 648 pages, Nov. 2009.
- Wes McKinney. Python for Data Analysis. 1st Edition, O'Reilly Media, Inc., ISBN: 978-1-4493-1979-3, 466 pages, Oct. 2012.
- Martin Jones. Python for Biologists: A Programming Course for Complete Beginners. 2013.
- Mitchell L. Model. Bioinformatics Programming Using Python. 1st Edition, O'Reilly, ISBN: 978-0-596-15450-9, Dec. 2009.

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S1

Intitulé de l'UE : UEM1.1

Intitulé de la matière : Gestion de projets

Crédits : 4

Coefficients : 2

Objectifs de l'enseignement :

L'objectif de ce cours est de fournir les techniques de gestion de projet allant de l'idée vers la concrétisation passant par plusieurs cycles de vie

Connaissances préalables recommandées

- *Aucun pré requis.*

Contenu de la matière :

Chapitre 1. Définitions & concepts

- Introduction
- Définition de logiciel et génie logiciel
- Objectifs et préoccupations
- Facteurs de qualité de logiciel
- Mythes de l'utilisateur, du développeur et du gestionnaire
- Projet informatique
- Acteurs d'un projet
- Conduite et gestion de projet
- Cycle de développement d'un projet

Chapitre 2. Modèles et tâches de développement d'un projet

- Modèle en cascade
- Modèle en V
- Modèle en spirale
- Processus unifiés
- Tâches de développement : De la spécification à la livraison et maintenance.

Chapitre 3. Avant-projet

- Planification
 - Définition
 - Planification structurelle
 - Planification opérationnelle
- Estimations

Chapitre 4. Suivi de projet

- Définitions

- Maîtrise des ressources
- Contrôle
- Avancement

Chapitre 5. Clôture de projet

- Définitions
- Evaluation

Chapitre 6. Post- projet

- Gestions des versions et des évolutions
- Documentation

Mode d'évaluation : Continu & Examen de TP

Références

- O. Englender et S. Fernandes. Manager un projet informatique. Eyrolles, 2007.
- T. Hougron. La Conduite de projets les 81 règles pour piloter vos projets avec succès, Dunod - 2003
- AFNOR (a). Le management de projet: principes et pratique. Association Française de Normalisation, 2000.
- AFNOR (b). Les projets de normes ISO 9000. Association Française de Normalisation, 2000.
- AFNOR (c). Dictionnaire du management de projet. Association Française de Normalisation, 2001.

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S1

Intitulé de l'UE : UED1.1

Intitulé de la matière : Gestion des entreprises et Entrepreneuriats

Crédits : 1

Coefficients : 1

Objectifs de l'enseignement :

L'objectif de ce cours est de fournir des notions de gestion d'entreprises, ainsi que des outils d'aide à la création d'entreprise.

Connaissances préalables recommandées

- *Aucun pré requis.*

Contenu de la matière :

Partie 1. Entrepreneuriat

1. L'entreprise : définition, finalités et classification
2. L'entreprise et son environnement
3. L'entrepreneur
4. L'étude de marché
5. L'élaboration d'une stratégie marketing
6. Le marketing mix
7. L'estimation du chiffre d'affaire et l'étude technique
8. l'étude financière
9. L'étude juridique

Annexe : Guide des formalités administratives de création d'entreprises

Partie 2. Gestion d'entreprise

1. L'organisation interne de l'entreprise
2. Principes d'organisation
3. L'organisation formelle
4. Les différents types de structure
 - a- La structure hiérarchique
 - b- La structure fonctionnelle
5. Les différentes fonctions de l'entreprise

- a- La fonction technique
- b- La fonction financière et comptable
- c- La fonction personnelle
- d- La fonction administrative
- e- La fonction approvisionnement
- f- La fonction informatique
- g- La fonction recherche
- h- La fonction planification

Mode d'évaluation : *Continu*

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S2

Intitulé de l'UE : UEF2.1

Intitulé de la matière : Bases de données avancées et données biologiques

Crédits : 5

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

- Acquérir les compétences pour le stockage des données biologiques dans des bases de données relationnelles ou de nouvelle génération (NoSQL).
- Comprendre les éléments de base pour l'administration des bases de données relationnelles et NoSQL
- Connaître et manipuler les principales bases (banques) de données biologiques existantes.

Connaissances préalables recommandées

- *Notions de bases de données.*

Contenu de la matière :

- **Ch 1.** Architecture et Administration d'une Base de données relationnelle
 - a. Rappels sur les bases de données relationnelles
 - b. Architecture
 - b. Contraintes d'intégrité
 - c. Méta-Base
- **Ch 2.** Bases de données de nouvelle génération : BD NoSQL
 - a. Définitions et historique
 - b. Modèles de données NoSQL
 - c. Principaux SGBD NoSQL
 - d. Etude détaillée d'une BD NoSQL : MangoDB
- **Ch3.** Représentation et Bases de données biologiques
 - a. Définitions
 - b. Format de données
 - c. Contenu
 - d. Accès

Mode d'évaluation : Continu & Examen de TP

Références

- J. Date. Introduction aux bases de données. Thomsonpublishing. 1998
- C. Delobel et M. Adiba : bases de données et systèmes relationnels. Dunod 1982

- T. Connolly et CarolynBegg. Systèmes de bases de données : approche pratique de conception de l'implémentation et de l'administration. Eyrolles 2005

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S2

Intitulé de l'UE : UEF2.1

Intitulé de la matière : Entreposage et Intégration de Données

Crédits : 4

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

Donner les notions de base sur les entrepôts de données, l'intégration de données, les ontologies, ainsi que des notions sur comment traiter et analyser un important volume de données (HADOOP - MAP REDUCE – CLOUD)

Connaissances préalables recommandées

- *Notions de Base de données*

Contenu de la matière :

- A. Intégration de données biologiques
 - 1. Entreposage de données
 - 2. Ontologies
- B. Big Data et architecture Hadoop pour les données biologiques
 - 1. Big Data
 - 2. Map-Reduce
 - 3. Hadoop
 - 4. Hive
- C. Les données biologiques dans le Cloud.
 - 1. Cloud computing : définition, typologie, virtualisation, BD as a service
 - 2. Cloudisation des données biologiques
 - 3. Etude d'un Cloud de données biologiques : IFB Cloud

Mode d'évaluation : Continu & Examen de TP

Références

1. Alain Venot, Anita Burgun et Catherine Quantin, Informatique Médicale, e-Santé – Fondements et applications, Springer Science & Business, 18 janvier 2013 .
2. Isabelle Comyn-Wattiau, Jacky Akoka (2003), *Les bases de données*, PUF, Que sais-je?, 978-2130533139, chap. IX Les bases de données décisionnelles
3. Thomas R. Gruber, *Towards Principles for the Design of Ontologies Used for Knowledge Sharing* in Formal Ontology in Conceptual Analysis and Knowledge Representation, Kluwer Academic Publishers, 1993,

4. Tom Gruber, article « Ontology » dans l'*Encyclopedia of Database Systems*, Springer-Verlag, 2009, Henri Briand, Fabien Gandon et Fabien Picarougne, Atelier « Modélisation des connaissances », conférence Extraction et Gestion des Connaissances, 8^es Journées Francophones, Sophia Antipolis, 29 janvier 2008.
5. <https://azure.microsoft.com/en-us/solutions/hadoop/> [\[archive\]](#)
6. <http://www-03.ibm.com/software/products/en/ibm-biginsights-on-cloud> [\[archive\]](#)

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S2

Intitulé de l'UE : UEF2.2

Intitulé de la matière : BIO-ALGORITHMIQUE

Crédits : 5

Coefficients : 4

Objectifs de l'enseignement :

Acquérir des notions de base permettant aux étudiants de mieux appréhender le domaine de la bioinformatique génomique. On abordera les principaux paradigmes algorithmiques. Les objets manipulés dans ce cours seront des caractères, des chaînes de caractères (ou séquences), des graphes, des matrices (de distance). Applications : Recherche de motifs communs à deux séquences, Isomorphismes d'arbres, Arbres et matrices de distance. Approximation. Phylogénie. Calculs de distances d'édition.

Connaissances préalables recommandées

- Pré requis : Algorithmique Avancée et Complexité.

Contenu de la matière :

1. Recherche de motifs
 - a. Algorithme naïf
 - b. Automates de recherche de motifs exacts
 - c. Automates de suffixes
2. Recherche de répétitions
 - a. Algorithme naïf : utilisation de matrice
 - b. Arbres de suffixes
3. Programmation dynamique
 - a. Recherche de plus longue sous-séquence commune
 - b. Recherche de motifs avec k-erreurs
 - c. Alignement de séquences

Mode d'évaluation : Continu & Examen de TP

Références

Introduction to Computational Molecular Biology par Setubal et Meidanis, PWS Publishing Company, 1997.

Introduction to Algorithms, par T. Cormen, C.E. Leiserson et R. Rivest, The MIT Press, 1992.

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S2

Intitulé de l'UE : UEF2.2

Intitulé de la matière : Fouille de Données 1

Crédits : 5

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

L'objectif de ce cours est d'acquérir des notions de fouille de données et plus particulièrement le clustering ainsi que les techniques d'analyse de données afin d'extraire des paramètres aidant à leur interprétation et classification.

Connaissances préalables recommandées

Notions de statistiques

Contenu de la matière :

1. Introduction Générale sur la fouille de données
2. Introduction aux Taches de Data Mining
3. Introduction au Clustering de Données
4. Définitions
5. Les structures de données utilisées
 - 5.1 matrice de données
 - 5.2 matrice de similarité
 - 5.3 types de variables
 - 5.3.1 Intervalles
 - 5.3.2 Continues
 - 5.3.3 Binaires
 - 5.4 matrice de contingence
 - 5.5 mesures de distances : matching
 - 5.6 variables nominales
 - 5.7 variables catégoriques
 - 5.8 variables ordinales
6. Notions de similarité
 - 6.1 Distance de Minkowski
 - 6.2 Distance de Manhattan
 - 6.3 Distance euclidienne
7. Les Techniques de clustering
 - 7.1 Par partitionnement
 - 7.1.1 L'algorithme K-Means ou K-moyennes
 - 7.1.2 L'algorithme K-mode
 - 7.1.3 L'algorithme K-medoids (PAM)
 - 7.2 Par les méthodes hiérarchiques

- 7.2.1 Méthodes hiérarchiques ascendantes (ou agglomératives)
 - 7.2.2 Méthodes hiérarchiques descendantes (ou divisives)
 - 7.2.3 Mesures de similarité
- 7.3 DBSCAN : un autre type d'algorithme de clustering
 - 7.3.1 L'algorithme Density-Based DBSCAN
 - 7.3.2 Ses avantages
 - 7.3.3 Son seul inconvénient
- 8. Performances du clustering
 - 8.1 Centre de Gravité
 - 8.2 Inertie Intraclasse
 - 8.3 Inertie Interclasse
 - 8.4 Le coefficient SILHOUETTE
- 9. Conclusions
- 10. Perspectives
 - 10.1 Par les métaheuristiques
 - 10.2 Parallélisme de données

Mode d'évaluation : *Continu & Examen de TP*

Références

- Cornuéjols ; A et Miclet, L. Apprentissage Artificiel, concepts et algorithmes. Ed. Eyrolles, 2003
- Han, J., Kamber, M et Pei, J. Data Mining Concepts and Techniques. Ed. Morgan Kaufmann, 2011
- Jambu, M. Introduction Au Data Mining - Analyse Intelligente Des Données. Ed. Eyrolles, 1998
- Lebart, L, Piron, M et Morineau, A. Statistiques exploratoire multidimensionnelle : Visualisations et inférences en fouille de données. Ed. Dunond. 2006
- Lefébure, R et Venturi, G. Data Mining, Gestion de la relation client, Personnalisation de Site Web. Ed. Eyrolles, 2001
- Parr Rud, O. Data Mining Cookbook. Ed. Wiley, 2001
- Tuffery, S. Data Mining et statistique décisionnelle. Ed. Technip, 2007

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S2

Intitulé de l'UE : UEM2.1

Intitulé de la matière : Traitement et Analyse d'Images

Crédits : 4

Coefficients : 3

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S2

Enseignant responsable de l'UEM2 .1 :

Intitulé de la matière : Traitement et Analyse d'Images

Enseignant responsable de la matière :

Objectifs de l'enseignement :

Donner une formation de base dans le domaine de l'analyse d'images biologiques et les mettre en pratique grâce aux connaissances en informatique des étudiants. Les méthodes classiques comme modification de l'histogramme, filtrage linéaire, morphologie mathématique, etc. seront abordées.

Connaissances préalables recommandées

Contenu de la matière :

1. Notion de base de la vision et de l'imagerie numérique. Modèles de couleurs.
2. Introduction aux méthodes principales d'Analyse et de Traitement d'Image Numérique
 - Histogrammes des niveaux de gris. Transformations linéaires.
 - Rehaussement d'Image, Filtrage, "débruitage", Convolution,
 - Segmentation
 - Détection des contours, des objets,
 - Reconnaissance des formes.
3. Les notions de base des séquences des images
 - Frames, Animation / Vidéo, Détection de mouvement
 - Exemples d'imagerie en biologie TD/TP
 - application des notions sur des images de puces à ADN et /ou sur les images de levure.
 - programmation des opérateurs les plus classiques en Java et/ou en C++.

Mode d'évaluation : Continu & Examen de TP

Références

- Foley, van Dam, Feiner, Hughes: Computer Graphics: Principles and Practice, Addison-Wesley, 1995
- Shirley, Ashikhmin, Gleicher, Marschner, Reinhard, Sung, Thompson, Willemssen: Fundamentals of Computer Graphics, A K Peters, 2005
- Farin: Curves and Surfaces for CAGD: A Practical Guide, Morgan Kaufman, 2001
- Pharr, Humphreys: Physically Based Rendering: From Theory to Implementation, Morgan Kaufmann, 2010

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S2

Intitulé de l'UE : UEM2.1

Intitulé de la matière : Eléments d'Optimisation Combinatoire

Crédits : 5

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

-Approfondir les connaissances acquises en théorie des graphes pour les appliquer à des problèmes spécifiques en bioinformatique Algorithmes de graphes : Arbres, arbres recouvrant de poids minimum (algorithmes gloutons, notions d'échanges) dans un graphe non orienté valué. Principaux algorithmes de calcul de plus courts chemins dans un graphe orienté valué. Algorithmes pour les calculs de fermeture et réduction transitive d'un graphe orienté sans circuit....

-Acquérir des méthodes de résolution de problèmes d'optimisation combinatoire rencontrés en bioinformatique

Connaissances préalables recommandées

- *Introduction à la théorie des graphes*

Contenu de la matière :

A. Optimisation par les graphes

- Introduction (rappels sur les graphes)
- Etude de la connexité
- Parcours eulériens et hamiltoniens
- Méthodes de recherche de chemins
- Arbres et arborescences
- Réseaux, flots dans un réseau
- Couplages, affectations
- Ordonnancements
- Coloration

B. Méthodes de résolution de problèmes d'OC en Bioinformatique

- Introduction aux Problèmes d'Optimisation Combinatoire
- Problèmes combinatoires difficiles en bioinformatique: nature et caractérisation. Approches de résolution par les métaheuristiques

Mode d'évaluation : Continu

Références

1. Michel Sakarovitch : Optimisation Combinatoire, PROGRAMMATION DISCRETE . Hermann, Editeurs des sciences et des arts

- 2.PH. Chretienne et R. Faure ; Processus stochastiques, leurs graphes, leurs usages, Recherche Opérationnelle Appliquée, Gauthier-Villars éditeurs.
- 3.F.Droesbeke, M.Hallin, Cl.Lefevre : Les graphes par l'exemple, ellipse
- 4.D.Quagliarella, J.Periaux, C.Polony, G.Winter : Genetic Algorithms and Evolution Strategy in Computer Science, John Wiley & Sons

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S2

Intitulé de l'UE : UED2.1

Intitulé de la matière : Techniques de Rédaction et Recherche Documentaire

Crédits : 5

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

Le but de cet enseignement est d'apprendre aux étudiants la communication orale et écrite, en milieu universitaire scientifique et aussi en milieu social hors de l'université, notamment lors de la recherche d'un premier travail et en entreprise, après le recrutement. Si l'étudiant poursuit une carrière universitaire d'enseignant chercheur, il aura acquis dans ce module les connaissances de base de rédaction d'articles de recherches, de réalisation d'une bibliographie, de rapports scientifiques, voire d'ouvrages pédagogiques et de présentation orale de travaux, de communication entre chercheurs etc. Si l'étudiant poursuit une carrière en entreprise, ce module lui aura permis d'apprendre comment se présenter à un concours de recrutement, comment rédiger un curriculum vitae et une lettre de motivation pour le poste recherché, comment réussir un entretien d'embauche etc. et aussi une fois recruté, comment collaborer au travail collectif, comment organiser une équipe de travail, et comment produire les documents internes de l'entreprise (rapports internes, PV de réunion, etc.).

Connaissances préalables recommandées

Cet enseignement est en premier lieu basé sur la connaissance, au moins partielle, de l'anglais. Les étudiants doivent maîtriser certains outils de bureautique pour la rédaction de documents.

Contenu de la matière :

1. Outils et techniques de communication scientifique écrite
2. Présentation de méthodes de rédaction de documents différents :

- article de recherche - bibliographie - ouvrage ou chapitre dans un ouvrage - rapport interne de recherche - PV de réunion - Une demande de recrutement - Une lettre de motivation - Curriculum vitæ, etc.

3. Techniques de communication orale

Cette partie devra se faire sous forme d'exercices pratiques où l'étudiant doit communiquer oralement dans les situations (simulées) suivantes:

- Présenter un exposé sur un travail donné, - se présenter à un groupe de personnes en vue d'un recrutement, - simuler une réunion de travail, etc.

4. Recherche documentaire

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S3

Intitulé de l'UE : UEF3.1

Intitulé de la matière : Fouille de Données 2

Crédits : 5

Coefficients : 4

Objectifs de l'enseignement :

L'accent sera mis sur le détail des méthodes et des algorithmes tels que les algorithmes génétiques, les modèles de Markov cachés (HMM), les machines à vecteurs de support (SVM), classification automatique (hiérarchique, k-means....)

Connaissances préalables recommandées

Fouille de Données 1

Contenu de la matière :

1. Les modèles de Markov cachés
2. Méthodes de classification:
 - K-means, K-plus proches voisins,
 - Méthodes du noyau (e.g., support vector machines),
 - Réseaux de neurones.
 - Algorithmes génétiques
3. Réduction de la dimensionnalité

Mode d'évaluation : Continu & Examen de TP

Références

- Stuart Russel, Peter Norvig, Artificial Intelligence : A Modern Approach. Second Edition, Prentice Hall
- Cornuéjols ; A et Miclet, L. Apprentissage Artificiel, concepts et algorithmes. Ed. Eyrolles, 2003
- Han, J., Kamber, M et Pei, J. Data Mining Concepts and Techniques. Ed. Morgan Kaufmann, 2011
- Jambu, M. Introduction Au Data Mining - Analyse Intelligente Des Données. Ed. Eyrolles, 1998
- Lebart, L, Piron, M et Morineau, A. Statistiques exploratoire multidimensionnelle : Visualisations et inférences en fouille de données. Ed. Dunond. 2006
- Lefébure, R et Venturi, G. Data Mining, Gestion de la relation client, Personnalisation de Site Web. Ed. Eyrolles, 2001
- Parr Rud, O. Data Mining Cookbook. Ed. Wiley, 2001
- Tuffery, S. Data Mining et statistique décisionnelle. Ed. Technip, 2007

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S3

Intitulé de l'UE : UEF3.1

Intitulé de la matière : Architecture et calcul parallèle

Crédits : 5

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

Les besoins des applications en puissance de calcul reconfigure régulièrement l'architecture des ordinateurs. L'analyse et l'exploitation des données génomiques en est un exemple de ce type d'application "big data". De nouveaux concepts architecturaux avancés sont constamment introduits pour atteindre de meilleures performances. L'objectif de ce cours est d'initier l'étudiant bio-informaticien aux concepts mis en œuvre dans l'organisation et le fonctionnement des architectures parallèles modernes, au paradigme des coprocesseurs graphiques GPU (GraphicProcessing Unit) de plus en plus utilisés dans le calcul intensif et dans la simulation. . Tout au long de ce cours, des modèles de programmation parallèles tels que OpenMP, MPI et CUDA seront présentés. Des études de cas tels que l'Implémentation parallèle d'algorithmes d'alignement de séquences (Needleman-Wunsch , Smith-Watermann, ...) seront organisées sous forme de TP et d'exposés.

Connaissances préalables recommandées :

Architectures des ordinateurs, algorithmique et système d'exploitation, C/C++, algorithmes d'alignement de séquences

Contenu de la matière :

- Motivation et Introduction aux architectures parallèles
- Modèles de machines parallèles, classifications de Flynn et Raina,
- Mesure des performances parallèles, présentation des lois d'Amdahl et de Gustafson
- Architectures, hiérarchie et partage des caches
- Réseaux d'interconnexion pour architectures multiprocesseurs
- Coprocesseurs GPU
- Architectures hybrides CPU multicœurs / GPU manycœurs
- Modèles de programmation parallèles (openMP, MPI, CUDA)
- Parallélisation et implémentation d'algorithmes d'alignements de séquences

Mode d'évaluation : *Contrôle continu, Examen TP*

Références :

1. John L. Hennessy and David A. Patterson, ["Computer Architecture: a Quantitative Approach" \(5th Edition\), Morgan Kaufmann \(2012\)](#)
2. P Pacheco " An Introduction to Parallel Programming", Morgan Kaufmann Publishers, 2011
3. Calvin Lin and Lawrence Snyder. Principle of Parallel Programming, 2008.
4. L. Ridgway Scott, Terry Clark, BabakBagheri. Scientific Parallel COmputing, 2005.
5. Sanders, J., and Kandrot, E. CUDA by Example : An Introduction to General–Purpose GPU Programming. Addison–Wesley Professional, 2010.
6. Kirk, D. B., and Hwu, W. W. Programming Massively Parallel Processors : A Hands–on approach. Morgan Kaufmann Publishers, 2010.
7. CUDA Toolkit Documentation (PDF) - v8.0 2016

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S3

Intitulé de l'UE : UEF3.2

Intitulé de la matière : Systèmes Embarqués

Crédits : 5

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

Le but de ce module est de sensibiliser les étudiants à l'importance des systèmes embarqués dans le domaine médical et l'apport de cette technologie à la bio-informatique. L'étudiant devra maîtriser les concepts de bases des systèmes embarqués et développer des applications médicales tout en respectant les contraintes de mémoire, temps, énergie...etc. liées aux systèmes embarqués.

Connaissances préalables recommandées : Système d'exploitation

Contenu de la matière :

I. Introduction générale aux systèmes embarqués

- Définition d'un système embarqué.
- Caractéristique d'un système embarqué.
- Domaine d'application des systèmes embarqués.
- Architecture des systèmes embarqués.

II. Systèmes d'exploitation embarqués

- Définition des systèmes d'exploitation embarqués.
- Types de Systèmes d'Exploitation.
- Spécificités des logiciels embarqués.

III. Conception d'un système embarqué

- Les contraintes dans la conception d'un système embarqué.
- Méthodologie de conception.

IV. Systèmes sur puce (SOC)

- Architecture d'un SOC.
- Environnement de développement du système SOC.

V. Systèmes embarqués dans le domaine médical

- Généralités.
- Les biocapteurs pour les applications médicales.

Etude de cas pratique : le stimulateur cardiaque (pacemaker).

Mode d'évaluation : *Continu & Examen de TP*

Références

- M.Arora, « *Embedded System Design: Introduction to SoC System Architecture* », 2016, Learning Bytes Publishing.
- R. J.Narayan « *Medical Biosensors for Point of Care (POC) Applications* », 2016, Woodhead Publishing.

- A.Miasnikov, « *C++ for embedded systems* », 2015, Kindle Edition.
- F.Kordon, J. Hugues, A.Canals, A.Dohet « *Embedded Systems Analysis and Modeling with SysML, UML and AADL* », 2013, Wiley-ISTE.
- E. A. Lee, S. A. Seshia, « *Introduction to Embedded Systems - A Cyber-Physical Systems Approach* », 2011, LeeSeshia.org.
- M.Barr, A. Massa, « *Programming Embedded Systems: With C and GNU Development Tools* » 2006, O'Reilly Media Edition.

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S3

Intitulé de l'UE : UEF3.2

Intitulé de la matière : Visualisation de Données et Réalité Augmentée

Crédits : 4

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement

La Visualisation de Données et la Réalité Augmentée offrent aux biologistes/médecins une simulation immersive, interactive et multimodale qui présente un point de vue global sur les entités biomédicales et permet de les analyser.

Connaissances préalables recommandées :

Prérequis : TAI (Traitement et Analyse d'Images)

Contenu de la matière :

1. Introduction à la visualisation de données
 - L'analyse in vitro.
2. Modélisation 3D en bio-informatique,
 - Cas de modélisation 3D en Biologie Moléculaire
5. Visualisation
 - La restitution visuelle stéréoscopique
3. Techniques d'Interaction 3D
 - Détection et réponse à la collision
7. Introduction à la Réalité Augmentée
 - Systèmes de suivi.
 - Technique de recalage.
6. Réalité Augmentée distribuée, mobile et web.
8. La latence : causes et solutions.

Mode d'évaluation : Continu et Examen TP

Référence :

Philippe FUCHS, Guillaume MOREAU. Le traité de la réalité virtuelle : Volume 4, Les applications de la réalité virtuelle. Presse des mines .2006.

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S3

Intitulé de l'UE : UEM3.1

Intitulé de la matière : Biométrie et Sécurisation de données

Crédits : 4

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

L'objectif du module est pour les étudiants d'appréhender les connaissances relatives à la sécurisation de l'information et de l'accès aux données biologiques ou médicales, ainsi que les technologies de biométrie.

Connaissances préalables recommandées :

Réseaux informatiques

Contenu de la matière :

1. Les principes de la sécurité informatique
2. Biométrie
 - 1 Introduction
 - 2 Qu'est-ce-que la biométrie ?
 - 3 Les systèmes biométriques
 - 4 Performances d'un système biométrique
 - 5 Biométrie d'aujourd'hui
 - 6 Biométrie de demain
 - 7 Modalités biométriques
3. Cryptographie
 1. Le chiffrement symétrique
 2. Le chiffrement asymétrique
 3. L'intégrité
 4. L'identification
 5. Les signatures digitales
 6. Les protocoles d'échange de clés
 7. L'analyse de risques et plan de sécurité

Mode d'évaluation : Continu et Examen TP

Références

1. A. Jain, R. M. Bolle, S. Pankanti, Biometrics: Personal Identification in Networked Society, Kluwer Academic Press, 1998.
2. R.M. Bolle, J.H. Connell, S. Pankanti, N.K. Ratha, A.W. Senior, Guide to Biometrics, Springer-Verlag, New York, 2004
3. D. Maltoni, D. Maio, A.K. Jain, S. Prabhakar, Handbook of Fingerprint Recognition, Springer-Verlag, New York, 2003.
4. [http ://www.cs.columbia.edu/belumeur/biometrics/](http://www.cs.columbia.edu/belumeur/biometrics/) ~
5. [http ://www.biometrie-online.net/](http://www.biometrie-online.net/)
6. [http ://www.biometricsinfo.org](http://www.biometricsinfo.org)
7. [http ://www.europeanbiometrics.info/](http://www.europeanbiometrics.info/)
8. Cryptography, Theory and Practice, Douglas Stinson, Chapman and Hall, 3ème édition, 2002 : existe en traduction (Cryptographie, théorie et pratique).
9. The Handbook of Applied Cryptography, Menezes, van Oorschot, Vanstone, aussi sur le web : <http://www.cacr.math.uwaterloo.ca/hac/>
10. Introduction to cryptography with coding theory, Wade Trappe and Lawrence C. Washington, deuxième édition 2006

Intitulé du Master : Bioinformatique

Semestre : S3

Intitulé de l'UE : UEM3.1

Intitulé de la matière : Méthodes Conceptuelles d'Analyse

Crédits : 5

Coefficients : 3

Objectifs de l'enseignement :

Acquérir des outils de modélisations tels que les chaînes de Markov et les réseaux de Pétri avec application à la modélisation et à la simulation de processus de biologie moléculaire

Connaissances préalables recommandées

- *Probabilités (Variables aléatoires, lois de distributions...).*

Contenu de la matière :

Chp1. Introduction

Chp2. Introduction aux processus stochastiques

1. Chaînes de Markov,

1.1. Chaînes de Markov Discrètes

1.2. Chaînes de Markov Continues

1.3. Processus de Poisson,

1.4. Processus de comptage

1.5. Processus Aléatoires en Epidémiologie Mathématiques

Chp3. Introduction aux Réseaux de Pétri- Application à la modélisation et à la simulation de processus de biologie moléculaire

1. Définitions

2. Réseaux de Pétri stochastiques

3. Réseaux de Pétri colorés

4. Réseaux de Pétri hybrides

Mode d'évaluation : Continu

Références

1. B. Baynat, Théorie des files d'attente, Hermes 2000
2. G. Vidal-Naquet, A. Choquet-Geniet, Réseaux de Petri et Systèmes Parallèles, Armon Colin 1992
3. A. Choquet-Geniet, Les Réseau de Petri, un outil de modelisation Dunod 2006

V- Accords ou conventions

Oui

(Si oui, transmettre les accords et/ou les conventions dans le dossier papier de la formation)