

Partager



Email destinataire :

Vous devez renseigner un email valide

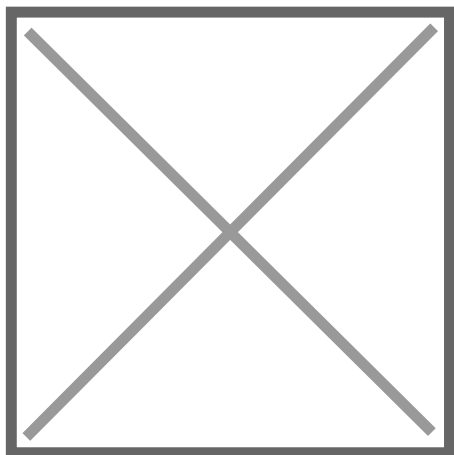
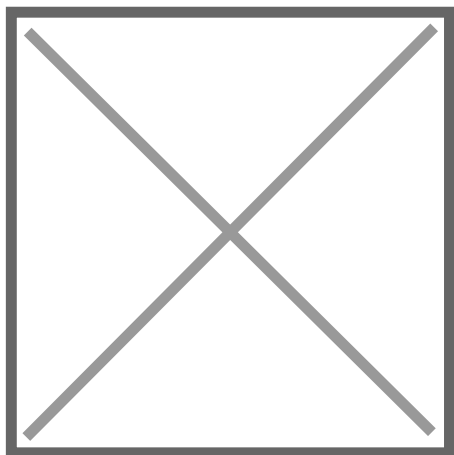
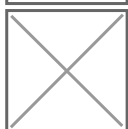
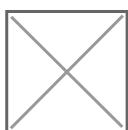
Envoyer

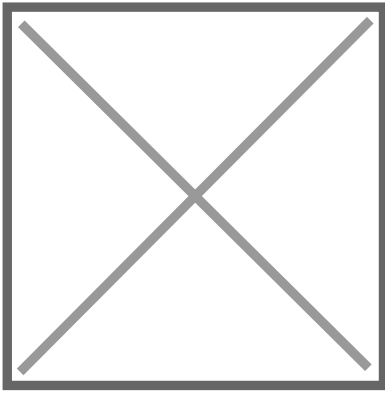
Une erreur est survenue. Merci de réessayer ultérieurement

Le mail de partage a bien été envoyé.

Ajouter au comparateur

M1 Bioinformatique, Biostatistiques et applications de l'intelligence artificielle (BIBS-IA)





Master

Mention Bio-informatique

Régime(s) d'inscription

Formation initiale Formation continue

Langue(s) d'enseignement

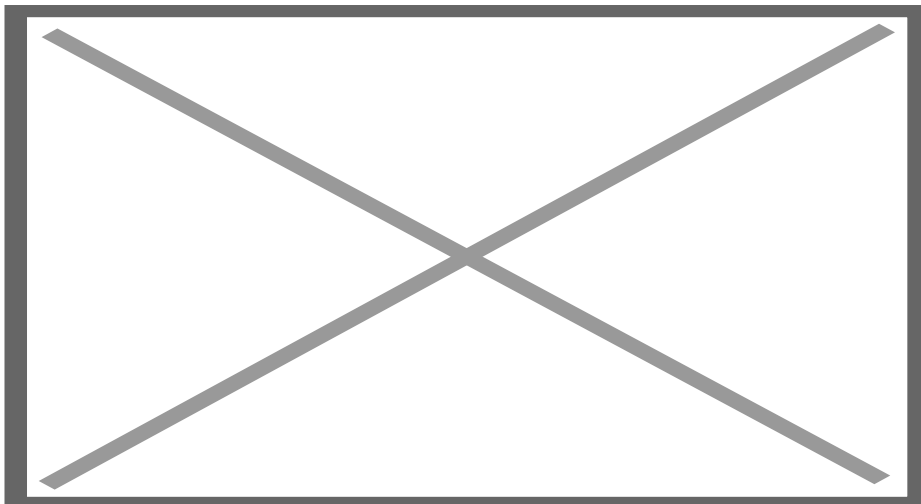
Français

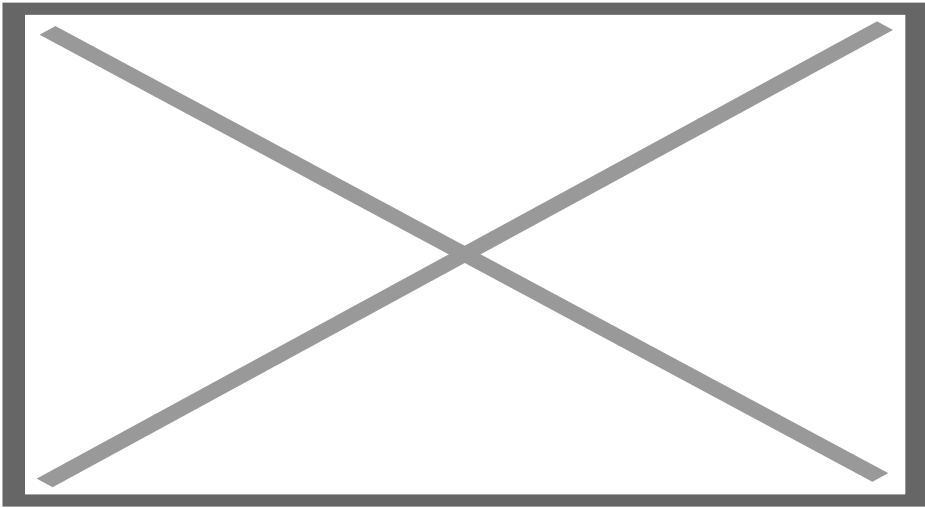
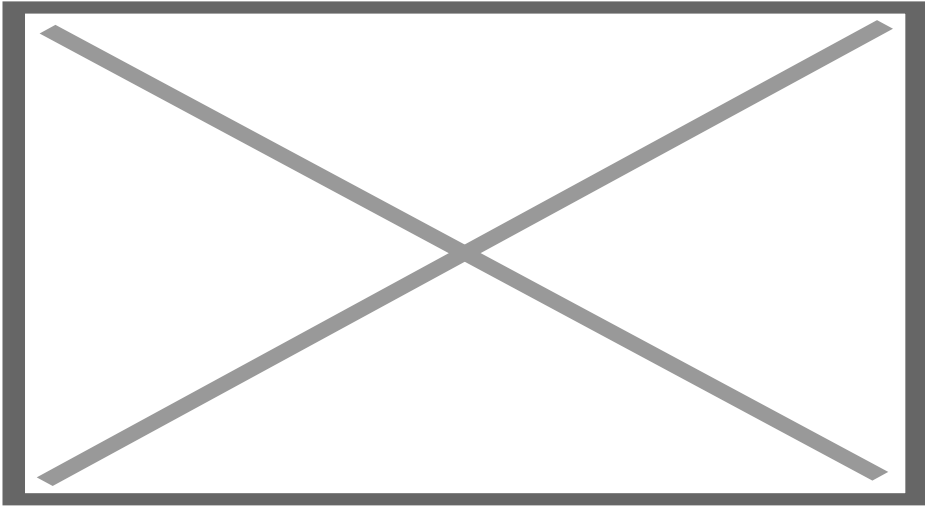
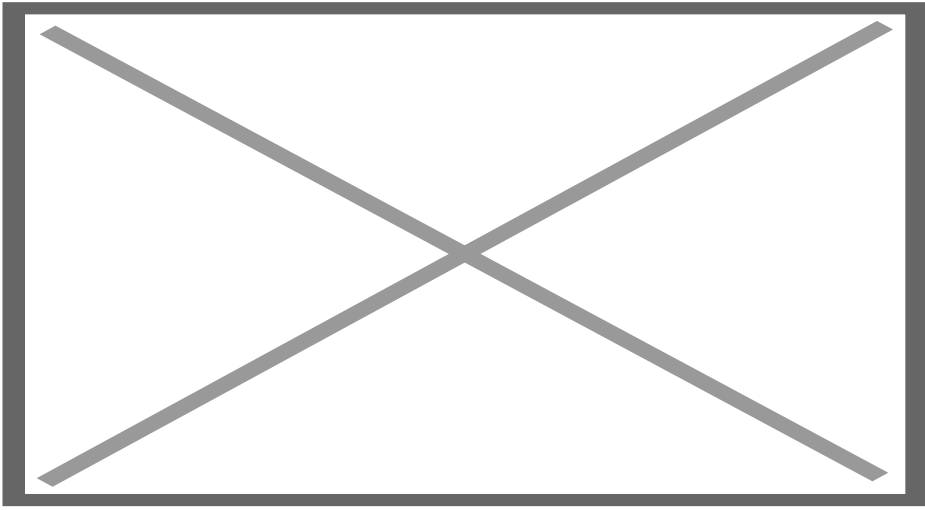
Le parcours M1 BIBS-IA est axé sur les besoins en recherche et développement de haut niveau des entreprises et des organismes de recherche en bioinformatique et biostatistiques. Cette formation pluridisciplinaire répond à cette demande en formant des spécialistes à l'interface de trois disciplines : Biologie, Informatique et Mathématiques.

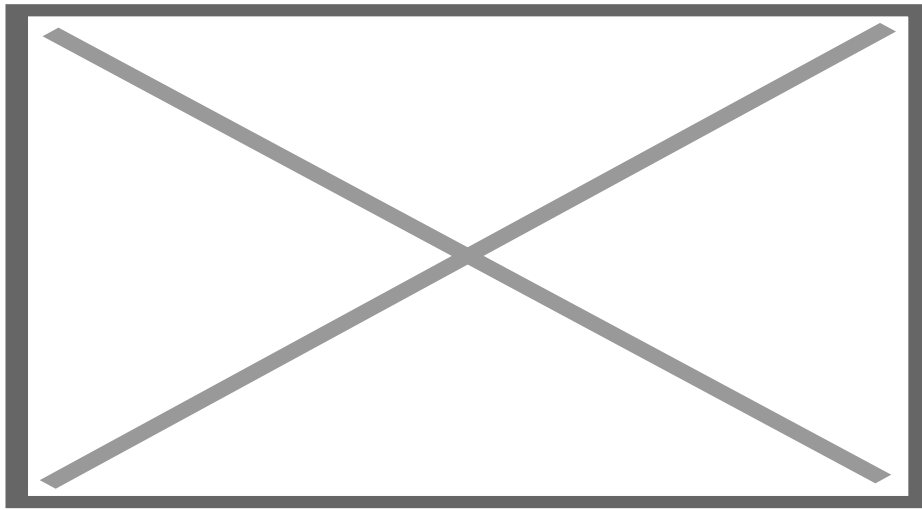
Le parcours de M1 BIBS-IA est structuré autour de plusieurs blocs de connaissances et compétences (Mise à niveau, BioInformatique et Biostatistiques, Algorithmique et programmation, Professionnalisation). Cette première année de master se concentre d'abord sur des mises à niveau différenciées en informatique, mathématiques et biologie, adaptées au parcours initial de chaque étudiant. Elle permet ensuite d'acquérir bases théoriques et pratiques nécessaires pour appréhender les différentes problématiques de la bioinformatique. L'année se conclut par un stage de recherche obligatoire de 2 mois en laboratoire de recherche ou en entreprise.

[Télécharger la fiche détaillée](#)

[Je candidate](#)







Informations

- [Présentation](#)
- [Admission](#)
- [Programme](#)

Présentation

Compétences

A l'issue de l'année du M1 BIBS-IA les étudiants sont capables d'être autonomes dans la mise en œuvre de méthodes informatiques et mathématiques innovantes pour réaliser une analyse de données ou une modélisation simple. Ils seront également en mesure de comprendre, de modifier et/ou de concevoir un workflow bioinformatique, d'en extraire les résultats les plus pertinents et de les présenter de manière claire.

Objectifs pédagogiques de la formation

L'objectif principal est de doter les étudiants des outils nécessaires pour l'analyse et la modélisation des données massives (Big Data) en biologie. Pour cela, les étudiants vont progressivement acquérir la maîtrise de plusieurs langages de programmation ainsi qu'un certain nombre de méthodes d'algorithmique, de bases de données, d'intelligence artificielle, de statistiques et de mathématiques. Ils vont par ailleurs approfondir les différents domaines clés de la bioinformatique tels que la biologie des systèmes, la biologie structurale, la génomique fonctionnelle, etc.

Admission

Voie d'accès

Informatique
Mathématiques
Sciences de la vie

Capacité d'accueil

Places

24

Public visé et prérequis

S'agissant d'une formation pluridisciplinaire en Biologie, Informatique et Mathématiques, les étudiants titulaires d'une Licence de Biologie, Licence de Mathématiques, Licence d'Informatique, d'une licence bi-disciplinaire (Info+Math, Info+Bio, Math+Bio), et tout diplôme jugé équivalent peuvent candidater à l'entrée dans la formation. Bien qu'elles ne soient pas exclues, les candidatures d'étudiants déjà titulaires d'un master ou d'un diplôme jugé équivalent seront considérées comme non prioritaires.

Période(s) de candidature

Plateforme Inception

Du 15/01/2026 au 16/03/2026

Plateforme MonMaster

Du 17 février au 16 mars 2026

Pour connaître la plateforme sur laquelle vous devez candidater, vous trouverez plus de renseignements sur la page [Candidater à nos masters](#). Vous trouverez ci-dessous la liste des pièces justificatives demandées sur la plateforme Inception.

Pièces justificatives

Obligatoires

Lettre de motivation.

Tous les relevés de notes des années/semestres validés depuis le BAC à la date de la candidature.

Curriculum Vitae.

Facultatives

Attestation de français (obligatoire pour les non francophones).

Dossier VAPP (obligatoire pour toutes les personnes demandant une validation des acquis pour accéder à la formation) <https://www.universite-paris-saclay.fr/formation/formation-continue/validation-des-acquis-de-lexpérience>.

Document justificatif des candidats exilés ayant un statut de réfugié, protection subsidiaire ou protection temporaire en France ou à l'étranger (facultatif mais recommandé, un seul document à fournir) :

- Carte de séjour mention réfugié du pays du premier asile
- OU récépissé mention réfugié du pays du premier asile
- OU document du Haut Commissariat des Nations unies pour les réfugiés reconnaissant le statut de réfugié
- OU récépissé mention réfugié délivré en France
- OU carte de séjour avec mention réfugié délivré en France
- OU document faisant état du statut de bénéficiaire de la protection subsidiaire en France ou à l'étranger.

Programme

Mises à niveau

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Bases de Données et Génie Logiciel	3	Semestre 1	12	6	6						

Bases de Données et Génie Logiciel

ECTS : 3

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 12

Travaux pratiques : 6

Travaux dirigés : 6

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Aucun

Programme / plan / contenus

Conception et implémentation d'une base de données relationnelle

- Conception d'une base de données : à partir d'un cahier des charges simple, modélisation d'une base de données en UML (diagramme de classe) ;
- Modèle relationnel : concepts de base (par exemple, table, attribut, n-uplet...), contraintes (par exemple, les clés).
- Passage d'un diagramme des classes UML à une Base de Données Relationnelles ;
- Implémentation de la base en SQL : création/modification/destruction de tables et de contraintes; remplissage de la base et suppression de son contenu
- Interrogation d'une base de données en SQL : opérateurs SELECT-FROM-WHERE-GROUP BY-HAVING; requêtes imbriquées
- Introduction à l'algèbre relationnel et lien entre algèbre relationnel et SQL; pouvoir expressif de l'algèbre et de SQL.

Objectifs d'apprentissage

Savoir concevoir, implémenter et interroger une base de données relationnelle; Savoir écrire une requête en algèbre relationnelle et la traduire en SQL; Connaitre les limites de l'expressivité de l'algèbre et de SQL.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Concepts fondamentaux et enjeux sociétaux en biologie	6.5	Semestre 1	45								
■											

Concepts fondamentaux et enjeux sociétaux en biologie

ECTS : 6.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 45

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

aucun

Programme / plan / contenus

Les notions suivantes seront développées au cours des cours et des TD : le vivant : de la cellule à l'organisme; unité du monde vivant : Réplication, transcription et traduction; génome et séquençage; La dynamique du génome et l'origine des gènes; Régulation de l'expression génétique; Evolution en biologie; le métabolisme et sa régulation; Les cellules souches; Génie Biologique et OGM; Population et génétique des populations; Eléments de biodiversité;

Objectifs d'apprentissage

Acquérir les connaissances de base en biologie, permettant aux étudiants non biologistes (Licence de Maths et d'Informatique) de comprendre les problématiques biologiques actuelles ainsi que la nature des données auxquelles ils seront confrontés dans le cadre de la formation.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[Anglais 1](#) 2 Semestre 1 24

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

Anglais 1

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Travaux dirigés : 24

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

idéalement un niveau B1 en anglais

Programme / plan / contenus

Après une introduction aux techniques de présentation plusieurs sujets liés aux études et au monde professionnel futur des étudiants sont abordés (per ex. CRISPR Cas9 et ses applications, Travailler en co-working, l'Intelligence artificielle, etc.

Sous forme de texte, audio ou vidéos authentiques en anglais. La structure des réunions professionnelles, les expressions idiomatiques typiques, la langue diplomatique et formelle sont abordées.

Les étudiants mettent en scène des réunions sur des thématiques professionnelles qu'ils auront choisies et présentées au préalable.

La préparation spécifique à la certification Linguaskill se fait sur le plateforme WIMS via des exercices virtuelles créées à cet effet.

Après avoir étudié des CV et lettres de motivation authentiques en anglais, les étudiants préparent leurs propre CV et lettre puis mettent en scène un entretien d'embauche.

Objectifs d'apprentissage

Etre capable de tenir une réunion sur des sujets professionnels en anglais.

Etre capable de faire une présentation professionnelle en anglais.

Préparation à une certification en anglais (Linguaskill de Cambridge University).

Rédiger un CV et lettre de motivation en anglais.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
TER de Bioinformatique à 4.5 ECTS	4.5	Semestre 1									
■											

TER de Bioinformatique à 4.5 ECTS

ECTS : 4.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Projet tutoré 42

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Avoir déjà validé des enseignements jugés équivalents à une partie des enseignements des UE de mise à niveau.

Objectifs d'apprentissage

Permettre aux étudiants de suivre et de participer à un projet de bioinformatique dans un laboratoire.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[Outils](#)

[Mathématiques](#)

4	Semestre 1	20	10	0
---	------------	----	----	---



Outils Mathématiques

ECTS : 4

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 20

Travaux pratiques : 0

Travaux dirigés : 10

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Savoir manipuler, dériver et intégrer les fonctions usuelles : fonction affine, fonction polynomiale, fonction exponentielle, fonction logarithme, fonction puissance.

Programme / plan / contenus

Rappels d'analyse (dérivabilité, intégration). Recherche d'extrémum d'une fonction à une variable (dérivée, dérivée seconde)

Loi d'une variable aléatoire, densité, fonction de répartition, quantiles, espérance, variance. Indépendance entre variables aléatoires. Lois de probabilités usuelles (Loi de Bernoulli, Loi binomiale, Loi de Poisson, loi normale, loi exponentielle).

Introduction aux matrices: Transposée, inverse, trace, déterminant, vecteurs propres, valeurs propres, diagonalisation.

Introduction aux vecteurs aléatoires et gaussiens.

Recherche d'extrémum d'une fonction de deux variables

Objectifs d'apprentissage

Connaitre et savoir utiliser les fondements mathématiques nécessaires pour la suite de la formation;

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[TER de](#)

[Bioinformatique à](#)

5.5

Semestre 1

[5.5 ECTS](#)

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

TER de Bioinformatique à 5.5 ECTS

ECTS : 5.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Projet tutoré 66

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Avoir déjà validé des enseignements jugés équivalents à une partie des enseignements des UE de mise à niveau.

Objectifs d'apprentissage

Permettre aux étudiants de suivre et de participer à un projet de bioinformatique dans un laboratoire.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[TER de](#)

[Bioinformatique à](#)

[4 ECTS](#)

4

Semestre 1

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

TER de Bioinformatique à 4 ECTS

ECTS : 4

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Projet tutoré 30

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Avoir déjà validé des enseignements jugés équivalents à une partie des enseignements des UE de mise à niveau.

Objectifs d'apprentissage

Permettre aux étudiants de suivre et de participer à un projet de bioinformatique dans un laboratoire.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[TER de](#)

[Bioinformatique à 2](#) Semestre 1

[2 ECTS](#)

■

TER de Bioinformatique à 2 ECTS

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Projet tutoré 5

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Avoir déjà validé des enseignements jugés équivalents à une partie des enseignements des UE de mise à niveau.

Objectifs d'apprentissage

Permettre aux étudiants de suivre et de participer à un projet de bioinformatique dans un laboratoire.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
TER de Bioinformatique à 3 ECTS	3	Semestre 1									
■											

TER de Bioinformatique à 3 ECTS

ECTS : 3

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Projet tutoré 24

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Avoir déjà validé des enseignements jugés équivalents à une partie des enseignements des UE de mise à niveau.

Objectifs d'apprentissage

Permettre aux étudiants de suivre et de participer à un projet de bioinformatique dans un laboratoire.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[Algorithmique et](#)

[Programmation](#)

[impérative](#)

5.5

Semestre 1

30

15

21

0



Algorithmique et Programmation impérative

ECTS : 5.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 30

Travaux pratiques : 21

Travaux dirigés : 15

Projet tutoré 0

Projet : 0

Apprentissage autonome : 0

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Aucun

Programme / plan / contenus

Les thèmes suivants sont abordés : introduction à l'algorithmique; instructions élémentaires; bases du langage C; introduction à UNIX et à la commande make; fonctions et procédures; tableaux; sémantique; algorithmes de tris (e.g. bulle, rapide, fusion); notion de complexité; récursivité; types abstraits (pré-objet)

Objectifs d'apprentissage

Acquérir les compétences de base en algorithmique et programmation impérative à travers l'apprentissage du langage C.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[TER en Biologie](#) 2 Semestre 1 5

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

TER en Biologie

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Travaux dirigés : 5

Projet tutoré 0

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Avoir suivi les enseignements de l'UE Concepts fondamentaux et enjeux sociétaux en biologie.

Objectifs d'apprentissage

Approfondir un question en biologie et rédiger une notice bibliographique sur cette question.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[Bases de
l'inférence
statistique](#)

4.5

Semestre 1 12

12

18

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

Bases de l'inférence statistique

ECTS : 4.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 12

Travaux pratiques : 18

Travaux dirigés : 12

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Avoir suivi l'UE "outils mathématiques"

Savoir manipuler des variables aléatoires, des vecteurs aléatoires et des vecteurs gaussiens.

Connaitre les lois de probabilités usuelles.

Programme / plan / contenus

Principe des tests.

Introduction à la régression linéaire.

Estimation ponctuelle de paramètre. Risque quadratique.
Estimation par maximum de vraisemblance.

Convergence de suites de variables aléatoires, théorème de la limite centrale.

Lois des estimateurs, intervalles de confiance.

Objectifs d'apprentissage

Acquérir les bases de l'inférence statistique nécessaires pour suivre les cours de modélisation et de statistiques du master.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[TER de](#)

[Bioinformatique à](#)

[6.5 ECTS](#)

6.5

Semestre 1

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

TER de Bioinformatique à 6.5 ECTS

ECTS : 6.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Projet tutoré 45

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Avoir déjà validé des enseignements jugés équivalents à une partie des enseignements des UE de mise à niveau.

Objectifs d'apprentissage

Permettre aux étudiants de suivre et de participer à un projet de bioinformatique dans un laboratoire.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Analyse de données bioinformatique et biostatistiques

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
NGS	3	Semestre 2	10		11						

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

NGS

ECTS : 3

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 10

Travaux pratiques : 11

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Connaissance de base du shell Unix. Bonnes notions de biologie moléculaire (ADN, structure des gènes, transcription, épissage)

Programme / plan / contenus

Le cours présente les technologies NGS, leurs grandes déclinaisons (RNA-seq, DNA-seq, ChIP-seq, etc.), et leurs applications en biologie humaine, particulièrement dans le domaine de la médecine génomique. Le principe des pipelines Unix est ensuite présenté, ainsi que les principales briques communément utilisées dans les protocoles NGS: contrôle qualité et alignement sur un génome de référence. Les étudiants appliquent ensuite ces connaissances à la réalisation de 2 pipelines sous forme de scripts shell Unix, qui sont exécutés sur le cloud de l'Institut Français de Bioinformatique. Les pipelines ont pour objet: (1) l'analyse de transcriptome (RNA-seq) et (2) l'analyse de variants somatiques dans le cancer (whole-exome-seq). Un accent particulier est mis la capacité de l'étudiant à interpréter les résultats et à comprendre l'intérêt biologique de chaque étape. La qualité du code et sa reproductibilité sont également évalués.

Objectifs d'apprentissage

Comprendre les méthodes d'analyse de données de séquences de nouvelle génération (NGS)

Implementer un protocole Unix d'analyse NGS sur le cloud

Interpréter les résultats de protocoles RNA-seq et whole exome-sequencing

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Biostatistiques : modèles de regression linéaire	3	Semestre 2	10		11						
■											

Biostatistiques : modèles de regression linéaire

ECTS : 3

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 10

Travaux pratiques : 11

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Bases de l'inférence statistique (estimation, intervalles de confiance, tests), du calcul matriciel (inverse, déterminant, valeurs propres d'une matrice) et du calcul différentiel (dérivées, dérivées partielles d'ordre 2. Bases de la programmation avec R.

Programme / plan / contenus

Méthodologie et pratique des modèles linéaires

(régression multiple, analyse de la variance);

Méthodes de sélection de variables;

Introduction à la grande dimension: tests multiples, régression LASSO;

Les analyses de données se font avec le logiciel R.

Objectifs d'apprentissage

Apprendre à modéliser des données de biologie et des données omiques en utilisant les méthodes statistiques des modèles linéaires.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[Statistiques :](#)

[Méthodes de
vraisemblance](#)

3

Semestre 2 10

11

Statistiques : Méthodes de vraisemblance

ECTS : 3

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 10

Travaux pratiques : 11

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Bases de l'inférence statistique (estimation, intervalles de confiance, tests), du calcul matriciel (inverse, déterminant, valeurs propres d'une matrice), du calcul différentiel (dérivées, dérivées partielles d'ordre 2).
Bases de la programmation avec R.

Programme / plan / contenus

Optimisation numérique du critère de vraisemblance

Loi de l'estimateur du maximum de vraisemblance

Tests de rapport de vraisemblance

Régression linéaire et non-linéaire

Régression logistique

Pratique des modèles et analyse de données avec R

Objectifs d'apprentissage

Acquérir les bases de la théorie du maximum de vraisemblance et des procédures de tests associées.
Pratiquer la méthodologie dans les modèles de régression logistique et modèles de régression non-linéaires.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Bioinformatique structurale 2	3	Semestre 2	10	11
---	---	------------	----	----

Bioinformatique structurale 2

ECTS : 3

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 10

Travaux pratiques : 11

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

- bases de la biologie structurale (structure 2D et 3D des protéines)
- bases de la bioinformatique structurale (en termes de méthodes/outils : prédiction de structure secondaire, utilisation de pymol, blast, alignements multiples de séquences, en termes

Programme / plan / contenus

Dans cette UE nous verrons les approches de bioinformatique structurale et de modélisation moléculaire pour la modélisation des structures 3D des protéines et de leurs assemblages. Nous présenterons les méthodes de modélisation par homologie, de docking moléculaire (template-based et ab initio) puis quelques applications du docking moléculaire en biologie. Une partie théorique (CM) présentera les concepts et les méthodes et une partie pratique (TP) permettra aux étudiants de s'approprier les outils existants, analyser les résultats avec leurs propres outils (développés dans l'UE de programmation python) puis les interpréter. Nous aborderons en fin de programme, comment s'articulent les échelles atomiques et systémiques sur un exemple concret : étude des contraintes exercées par la concentration cellulaire sur les propriétés de surface du protéome.

Objectifs d'apprentissage

Savoir construire un modèle 3D de protéine par homologie.

Réaliser un docking protéine-protéine et analyser les résultats.

Savoir manipuler et analyser les propriétés des interfaces et surfaces protéiques en utilisant ses propres outils et en identifiant les autres outils disponibles.

Connaître les déterminants moléculaires de la spécificité des interactions protéine-protéine et protéine-acide nucléique.

Comprendre les relations/l'articulation entre deux échelles différentes (atomique et systémique) dans l'évolution des

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Programmation Orientée Objet	2	Semestre 2	10		11						



Programmation Orientée Objet

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 10

Travaux pratiques : 11

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Notions de programmation impérative

Programme / plan / contenus

Introduction au paradigme objet

Notions de classes et instances de classes

Heritage, polymorphisme et abstractions

Gestion des erreurs à l'aide d'exceptions

Introduction à la programmation par Design Pattern

Objectifs d'apprentissage

Apprentissage des techniques de programmation orientée objet utilisant pour se faire les langages C++ et Python.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[UE d'un autre
master](#)

2

Semestre 2

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

UE d'un autre master

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 2

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Accord de l'équipe pédagogique.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Algorithmique pour la biologie	2	Semestre 2	10	11
--	---	------------	----	----

Algorithmique pour la biologie

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 10

Travaux dirigés : 11

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Bases de l'algorithmique et de la programmation, selon le programme de l'UE de mise à niveau en algorithmique et programmation de l'EF M1 BIBS.

Objectifs d'apprentissage

Algorithmique pour la Biologie :

Structures de données complexes : listes chaînées, piles, files.

Notions sur la complexité des algorithmes en espace et en temps.

Structures arborescentes : propriétés des arbres binaires et algorithmes récursifs sur les arbres.

Programmation dynamique : quelques exemples.

Les algorithmes sont appliqués à des problèmes issus de la bioinformatique.

Fouille de données :

Notions fondamentales de l'apprentissage automatique.

Algorithmes élémentaires d'apprentissage supervisé et non supervisé : arbres de décision, règles de couverture, K-plus-proches voisins et Bayésien naïf, classification hiérarchique et K-means.

Principales mesures d'évaluation.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[TER stage à 4 ECTS](#)

4

Semestre 2

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

TER stage à 4 ECTS

ECTS : 4

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Projet tutoré 42

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Avoir déjà validé des enseignements jugés équivalents à une partie des enseignements des UE d'informatique du second semestre.

Objectifs d'apprentissage

Permettre aux étudiants de suivre et de participer à un projet de bioinformatique dans un laboratoire.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[TER stage à 2 ECTS](#)

2

Semestre 2

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

TER stage à 2 ECTS

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Projet tutoré 21

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Avoir déjà validé des enseignements jugés équivalents à une partie des enseignements des UE d'informatique du second semestre.

Objectifs d'apprentissage

Permettre aux étudiants de suivre et de participer à un projet de bioinformatique dans un laboratoire.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[Programmation](#)

[Python](#)

2

Semestre 2 10

11

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

Programmation Python

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 10

Travaux pratiques : 11

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Maîtriser les bases d'algorithmique et de programmation impérative.

Programme / plan / contenus

Types de données ; entrées/sorties ; tests et structures de contrôle ; structures de données ; fonctions et modules ; expressions régulières ; gestion des processus ; packaging et structuration minimale du projet ; environnements de travail ; qualité du code et tests unitaires.

Objectifs d'apprentissage

Apprendre Python pour produire des scripts et des workflows reproductibles en analyse biologique, avec une initiation à la structuration des projets et aux bonnes pratiques.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[TER stage à 6 ECTS](#)

6

Semestre 2

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

TER stage à 6 ECTS

ECTS : 6

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Projet tutoré 63

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

Avoir déjà validé des enseignements jugés équivalents à une partie des enseignements des UE d'informatique du second semestre.

Objectifs d'apprentissage

Permettre aux étudiants de suivre et de participer à un projet de bioinformatique dans un laboratoire.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Introduction à la Bioinformatique et aux biostatistiques

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Modélisation des systèmes et réseaux biologiques	2	Semestre 1	7	0	14						

Modélisation des systèmes et réseaux biologiques

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 7

Travaux pratiques : 14

Travaux dirigés : 0

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

aucun

Programme / plan / contenus

Les systèmes biologiques représentent des organisations complexes et dynamiques où l'interaction entre différents composants génère des propriétés émergentes uniques. Cette approche intégrative dépasse la simple compréhension des éléments individuels pour analyser leurs relations et leurs interdépendances.

Objectifs d'apprentissage

Savoir définir la modélisation en biologie et discuter des exemples.

Savoir identifier les paramètres nécessaires à la description d'une régulation transcriptionnelle.

Savoir formaliser une régulation transcriptionnelle sous la forme d'une équation mathématique.

Savoir représenter un réseau de régulations transcriptionnelles en utilisant le logiciel R.

Savoir mettre en application une modélisation de profils temporels d'expression de gènes (exemple de la biogénèse mitochondriale).

Savoir appliquer des méthodes d'inférence de réseaux de régulations sur des données simulées.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[Bioinformatique structurale 1](#)

2

Semestre 1 9

12

Bioinformatique structurale 1

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 9

Travaux pratiques : 12

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

aucun

Objectifs d'apprentissage

Rechercher une information dans les banques de séquences de protéine.

Effectuer une recherche d'homologues par similarité de séquence.

Caractériser une famille de protéines par alignements multiples.

Maîtriser les programmes de prédiction de structures secondaires.

Reconnaître les régions intrinsèquement désordonnées des protéines.

Rechercher une structure 3D dans la Protein Data Bank.

Analyser une structure 3D de protéine, de complexe protéique.

Savoir utiliser un logiciel graphique de représentation moléculaire.

Comparer deux structures par superposition.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[Analyse de séquences](#)

4

Semestre 1 16

8

8

Analyse de séquences

ECTS : 4

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 16

Travaux pratiques : 8

Travaux dirigés : 8

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

aucun

Programme / plan / contenus

Données génomiques: origine et formats des données,
principales bases de données, interrogation des bases

Principes et algorithmes des alignements de séquences
(Programmation dynamique)

Principes de l'alignement multiples de séquences
(Alignement progressif)

Algorithmes de recherche dans les banques de données de
séquences (BLAST)

Méthodes de construction des phylogénies (Parsimonie,
Distances et méthodes probabilistes)

Méthodes de représentation des motifs de séquences
(positionnels et compositionnels)

Annotation fonctionnelle des génomes

Objectifs d'apprentissage

Appliquer les principes de l'évolution moléculaire pour
analyser des séquences nucléiques et protéiques afin de
déterminer leur fonction, leur origine et leur évolution.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[Introduction à la
recherche clinique
et épidémiologique](#)

3

Semestre 1 12

12

Introduction à la recherche clinique et épidémiologique

ECTS : 3

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 12

Travaux dirigés : 12

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

oui

Prérequis

Pas de prérequis

Programme / plan / contenus

Introduction aux méthodologies de base en épidémiologie et recherche clinique : types d'investigation, sources de données, mesures de fréquence et d'association pour l'analyse univariée, principaux biais, évaluation des méthodes diagnostiques, contenu d'un protocole d'essai clinique.

Objectifs d'apprentissage

L'objectif est d'apporter une première initiation aux notions de base de l'épidémiologie et de la recherche clinique (sources de données et type d'échantillonnage, mesures de fréquence et d'association, principaux biais, évaluation des méthodes diagnostiques, conception d'un protocole d'essai clinique).

Organisation générale et modalités pédagogiques

Chaque séance (mardi 18h-21h) correspond à un cours-TD avec des intervenants différents. Travail personnel de 2 heures par semaine. Une journée de révision en fin de semestre pour les étudiants en autonomie

Modalités pédagogiques particulières

Peut être suivie en autonomie ou en présentiel

Bibliographie

La LCA à l'EDN - Méthode de biomédecine quantitative pour réussir l'épreuve de LCA - 2e édition. Université Paris Saclay, La Martingale, 16.09.2025

Nature de l'évaluation

Evaluation Terminale

Mise en situation

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Stage d'été optionnel	0	Semestre 2									
■											

Stage d'été optionnel

ECTS : 0

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Projet tutoré 100

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Prérequis

aucun

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

[Anglais 2](#) 2 Semestre 2

24

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
■											

Anglais 2

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Travaux dirigés : 24

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

idéalement un niveau B1 en anglais

Programme / plan / contenus

Après avoir étudié les caractéristiques de la grammaire, vocabulaire et style de l'anglais scientifique écrit, les étudiants choisissent une thématique de recherche en bioinformatique et biostatistiques et rédigent une bibliographie sur des articles scientifiques choisis. Ces articles serviront de base à un projet fictif de recherche qu'ils auront à élaborer à l'écrit et aussi présenter à l'oral de manière convaincante devant 'un jury' composé de leurs pairs afin d'obtenir un financement (fictif) pour réaliser leur projet de recherche.

Dans le cadre de ce projet ils doivent expliquer et présenter des résultats passés ou attendus, ainsi que leur approche expérimentale. Le jury pose des questions sur les contenus et la légitimité de la recherche proposée.

Objectifs d'apprentissage

Etre capable de rédiger un projet de recherche en anglais scientifique.

Etre capable de décrire des résultats scientifiques sous forme de graphique.

Etre capable de décrire un protocole expérimental en anglais scientifique.

Etre capable d'utiliser des techniques rhétoriques pour convaincre lors d'une présentation orale.

Etre capable de poser des questions et répondre/réagir aux questions du public lors d'une présentation orale professionnelle.

Préparation à une certification en anglais (Linguaskill de Cambridge University).

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Stage	10	Semestre 2									
■											

Stage

ECTS : 10

Semestre calendaire : Semestre 2

Détail du volume horaire

Projet tutoré 100

Langue d'enseignement

Français

Enseignement à distance

non

Objectifs d'apprentissage

Effectuer une mise en situation professionnelle de 8 semaines.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Lieu(x) d'enseignement

ORSAY

Contact(s)

- **Olivier LESPINET**

Liens

[Blog Destination études supérieures : master bio-informatique, devenez experts ...](#)

<http://www.universite-paris-saclay.fr/formation/master/bio-informatique/m1-bioinformatique-biostatistiques-et-applications-de-lintelligence-artificielle-bibs-ia>