

Master Sciences du Vivant Biologie structurale intégrative et bio-informatique

Réunion de Rentrée 2021-2022

Préambule
Objectifs et Vision Scientifique
Contenu de la formation
Les cours 2021-2022
Documentation

Les sites de références

Documents administratifs



<http://sciencesvie.unistra.fr/>

Documents pédagogiques



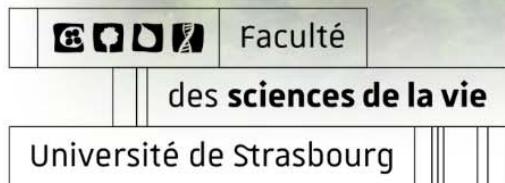
<https://moodle.unistra.fr/>

Emploi du temps



<https://ent.unistra.fr/>

Master de Biologie Structurale Intégrative et Bioinformatique



<http://bsib.unistra.fr/>



Accueil Faculté des SdV UdS Ernest ENT Moodle Alumni RéNaFoBis FRISBI INSTRUCT Actu

Événement(s)

Réunion de rentrée Master BSIB 2021-2022

Une réunion de rentrée est organisée le mercredi 1er septembre pour les étudiants du master "Biologie Structurale Intégrée et Bioinformatique" (BSIB) en salle R21 à l'institut de botanique :

- les M1 de 11h00-12h30
- les M2 de 9h30-11h00

MOOC Voyage au cœur du vivant avec les rayons X : la cristallographie

Une session du MOOC « Voyage au cœur du vivant avec les rayons X : la cristallographie » ouvre chaque année fin octobre / début novembre sur la plateforme France Université Numérique. Il y a déjà eu 3 sessions : 2017/18, 2018/19, 2019/20, ... Le lien ci-dessus vous mènera sur la session 01. Rechercher le dernier cours!!!

[Read more ...](#)

L'actualité

- SARS-CoV-2 : Beyond Structural Biology
- Prêt pour l'emploi
- Les cours FUN MOOC à partir de septembre
- MOOC Bioinformatique : génomes et algorithmes / Bioinformatics:

Bienvenu sur le site du Master BSIB

Vous trouverez sur ce site web toutes les informations concernant le master "Biologie Structurale Intégrative et Bioinformatique" (master BSIB, 2018-2022). Une description de ce parcours vous est proposé sous la rubrique "La Formation".

Des "informations pratiques" concernant ce parcours sont disponibles à quelques clics de souris sur le menu du site à votre droite. Vous sont également proposés des informations pratiques concernant les salles de cours, les bâtiments et instituts où se déroulent les cours.

De plus une rubrique sur "les stages" et "la vie quotidienne" est aussi disponible.

Soyez à l'écoute et explorez ce site régulièrement pour les annonces sur l'actualité (Les News) et les offres de stage et d'emploi.

Bonne visite.

Si vous êtes "équipe d'accueil" et souhaitez proposer un stage, vous pouvez saisir tous les éléments sur la page "Déposer un sujet de stage". Contactez le responsable de master pour obtenir les identifiants de connexion.

You are here: Home

Menu du site

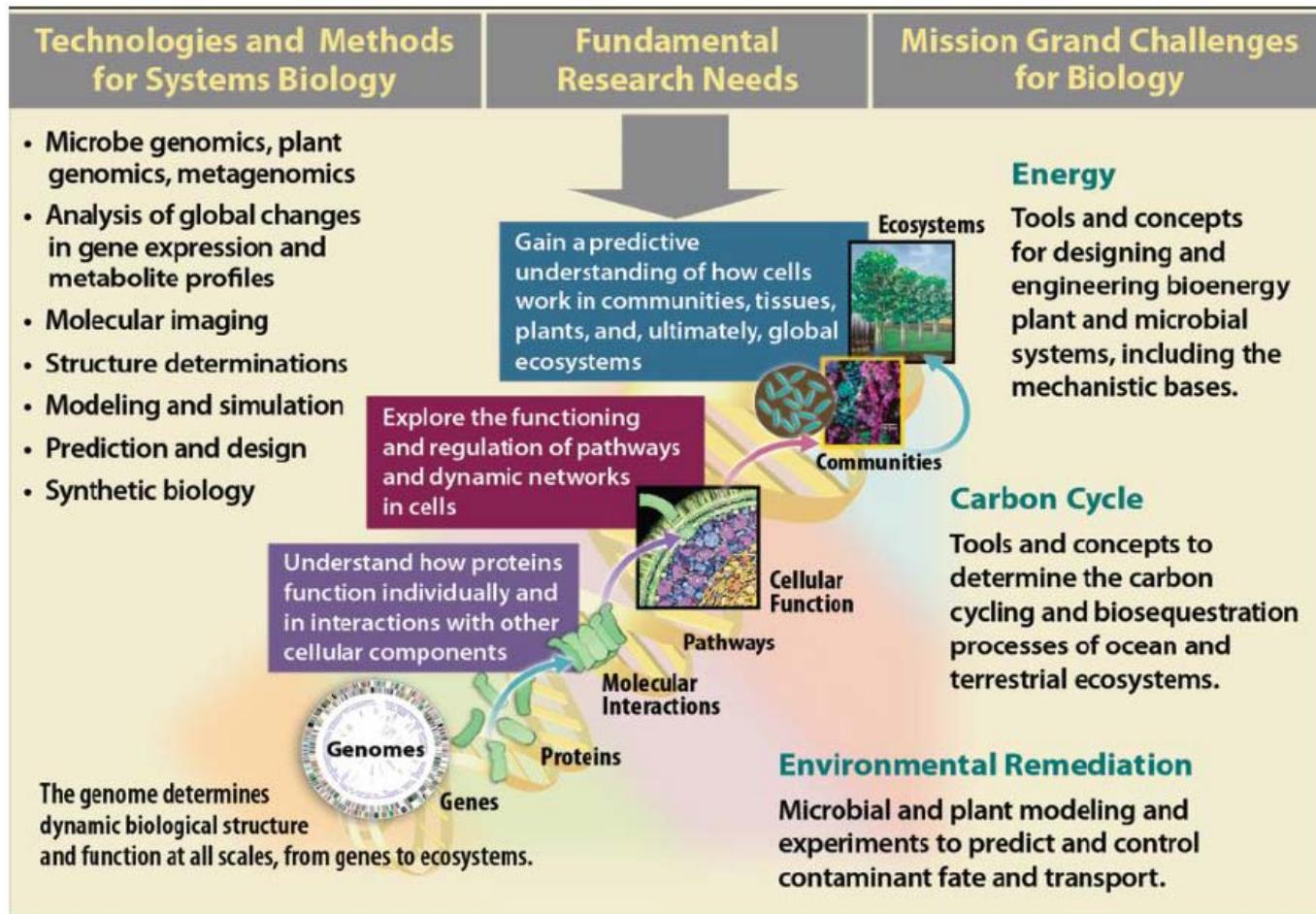
- Accueil
- La formation
- Année universitaire 2021-2022
- Déposer un dossier de candidature pour 2021-22
- Devenir des étudiants : enquête(s)
- Les stages : offres et dépôts
- Emplois - Thèses
- Infos pratiques
- Les news
- Contacts
- Equipe pédagogique

Login Form

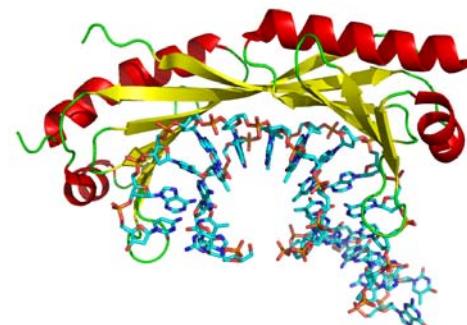
Username

Password

Remember Me



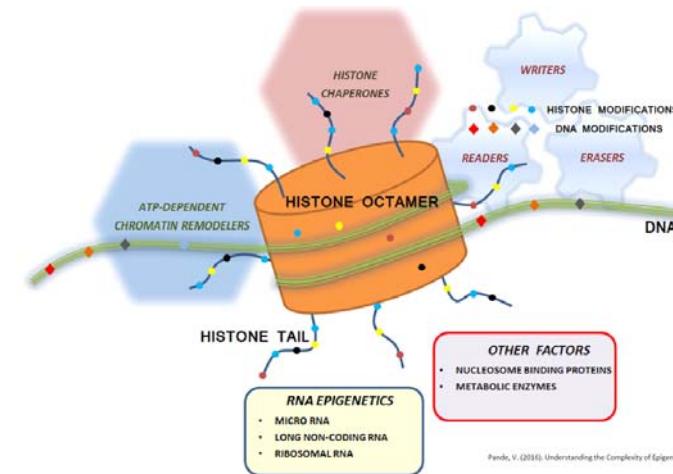
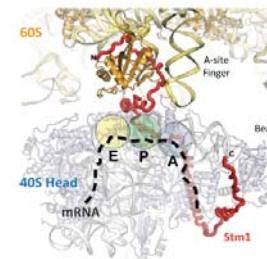
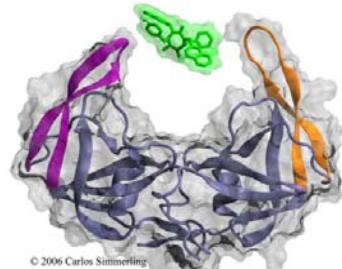
Objectives of Integrated Structural Biology



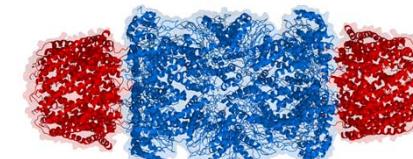
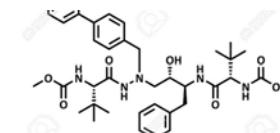
Explore the integration of biological functions in complex molecular and cellular systems.

Decipher pathways that lead to pathology

New routes for Drug discovery and Drug design



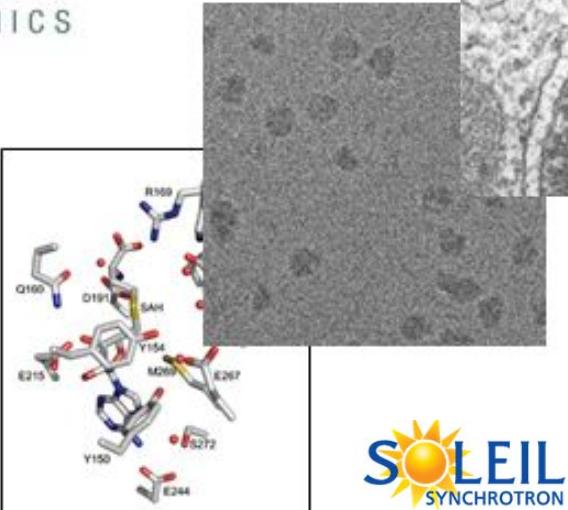
Pande, V. (2016). Understanding the Complexity of Epigenetic Target Space. *J. Med Chem.* 59, 1299–1307.





Biologie structurale cellulaire

Défis technologiques, méthodologiques et humain

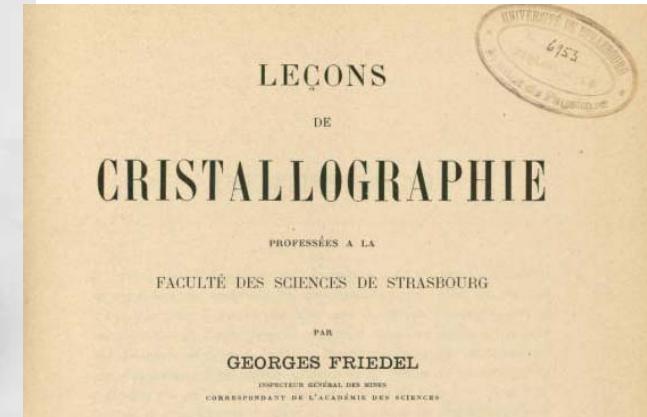
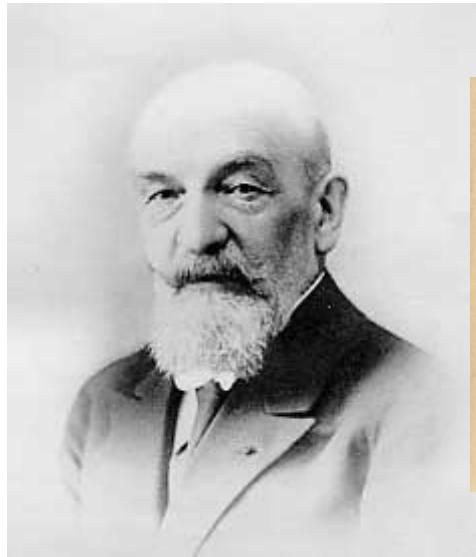


Comprendre le fonctionnement cellulaire au niveau des interactions moléculaires dans les cellules saines et pathologiques pour obtenir de nouvelles pistes pour des agents thérapeutiques

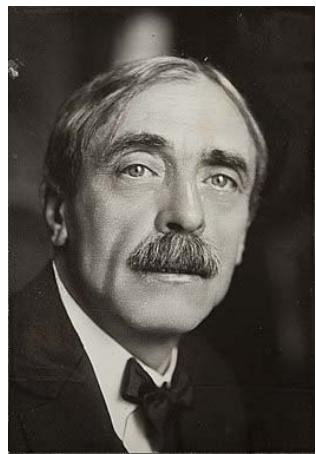




Naissance	19 juillet 1865 Mulhouse (France)
Décès	11 décembre 1933 (à 68 ans) Strasbourg (France)
Nationalité	français
Domaines	Minéralogie
Institutions	École nationale supérieure des mines de Saint-Étienne Université de Strasbourg
Diplôme	École polytechnique (1885)
Renommé pour	Étude des cristaux liquides



« le but de l'enseignement, et surtout celui de l'enseignement supérieur, doit être moins d'**instruire** que d'**éduquer** et de faire **réfléchir** ; moins d'entasser des connaissances que d'apprendre à en digérer quelques-unes ; moins de glisser sur **les difficultés** que de les **mettre en lumière** ; moins de laisser croire à l'infalibilité des méthodes en usage et à la certitude des résultats que d'en montrer les points faibles et de **cultiver** ainsi l'**esprit de critique** et de **libre examen**, base nécessaire de l'esprit de recherche »



Paul Valéry

Naissance	30 octobre 1871 Sète (Cette), France
Décès	20 juillet 1945 (à 73 ans) Paris, France
Sépulture	Cimetière marin de Sète
Nom de naissance	Ambroise Paul Toussaint Jules Valéry
Nationalité	Français
Formation	Lycée Condorcet
Activité	Écrivain Poète Philosophe

« Le bilan de l'intelligence »

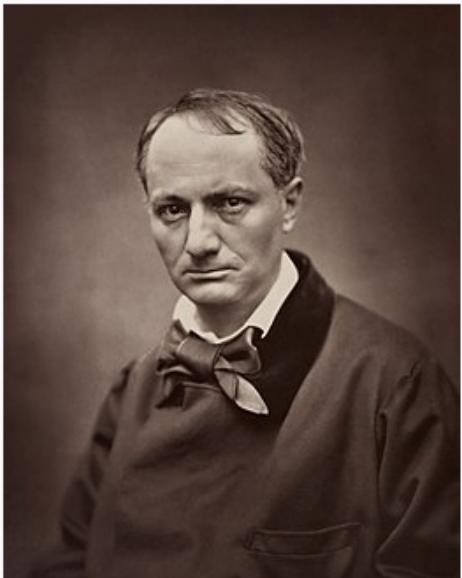
conférence prononcée le 16 janvier 1935

Je n'hésite jamais à le déclarer, le diplôme est l'ennemi mortel de la culture. Plus les diplômes ont pris d'importance dans la vie (et cette importance n'a fait que croître à cause des circonstances économiques), plus le rendement de l'enseignement a été faible. Plus le contrôle s'est exercé, s'est multiplié, plus les résultats ont été mauvais.

Mauvais par ses effets sur l'esprit public et sur l'esprit tout court. Mauvais parce qu'il crée des espoirs, des illusions de droits acquis. Mauvais par tous les stratagèmes et les subterfuges qu'il suggère ; les recommandations, les préparations stratégiques, et, en somme, l'emploi de tous expédients pour franchir le seuil redoutable. C'est là, il faut l'avouer, une étrange et détestable initiation à la vie intellectuelle et civique.

Le diplôme focalise l'attention des étudiants au détriment du plaisir d'apprendre

Charles Baudelaire

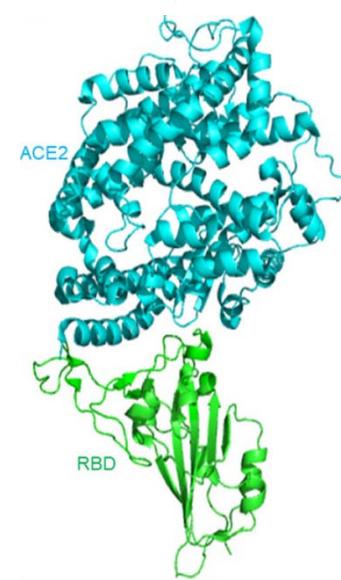


Naissance	9 avril 1821 Paris, France
Décès	31 août 1867 (à 46 ans) Paris, France
Sépulture	Cimetière du Montparnasse
Nom de naissance	Charles Pierre Baudelaire
Nationalité	Français
Domicile	Rue d'Amsterdam (1864)
Formation	Lycée Louis-le-Grand
Activité	Poète, critique d'art, essayiste, traducteur

<<



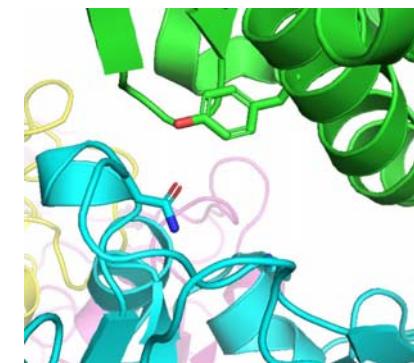
WIKIPÉDIA
L'encyclopédie libre

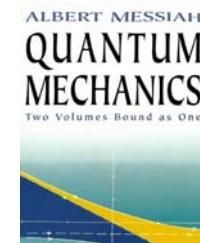
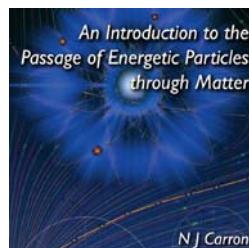
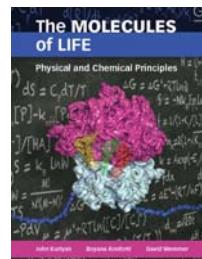
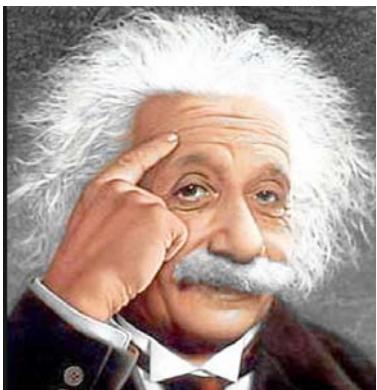


Pour l'enfant, amoureux de cartes et d'estampes,
L'univers est égal à son vaste appétit.

Ah ! que le monde est grand à la clarté des lampes !
Aux yeux du souvenir que le monde est petit !

Plonger au fond du gouffre, Enfer ou Ciel, qu'importe ?
Au fond de l'Inconnu pour trouver du nouveau !





Quarterly Review of Biophysics 28, 2 (1995), pp. 171–193
Printed in Great Britain

171

The potential and limitations of neutrons,
electrons and X-rays for atomic resolution
microscopy of unstained biological molecules

RICHARD HENDERSON
MRC Laboratory of Molecular Biology, Hills Road, Cambridge CB2 2QH, UK



There's Plenty of Room at the Bottom

An Invitation to Enter a New Field of Physics



by [Richard P. Feynman](#)

Nobel Prize in Physics 1965

Lecture on December 29th 1959

What are the most central and fundamental problems of biology today? They are questions like: What is the sequence of bases in the DNA? What happens when you have a mutation? How is the base order in the DNA connected to the order of amino acids in the protein? What is the structure of the RNA; is it single-chain or double-chain, and how is it related in its order of bases to the DNA? What is the organization of the microsomes? How are proteins synthesized? Where does the RNA go? How does it sit? Where do the proteins sit? Where do the aminoacids go in? In photosynthesis, where is the chlorophyll; how is it arranged; where are the carotenoids involved in this thing? What is the system of the conversion of light into chemical energy?

It is very easy to answer many of these fundamental biological questions



You just *look at the thing!*



Make the microscope one hundred times more powerful, and many problems of biology would be made very much easier.

You know the reason you fellows are making so little progress : " You should use more mathematics"



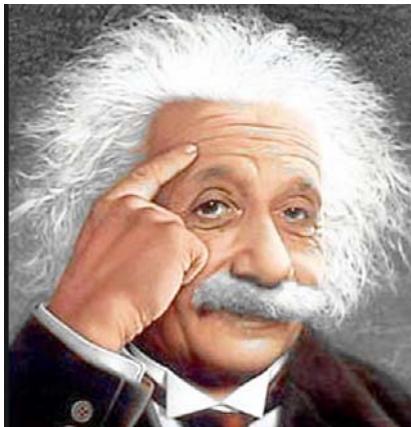
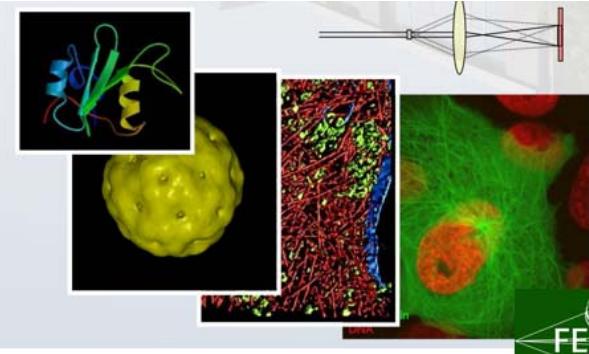


by Richard P. Feynman

It is very easy to answer many of these fundamental biological questions;

You just *look at the thing!*

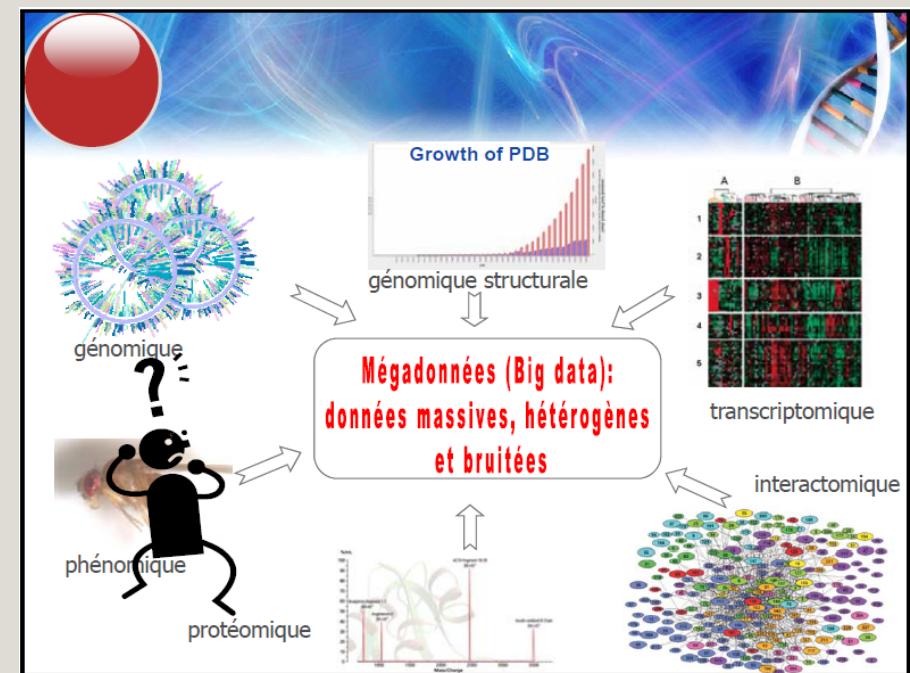
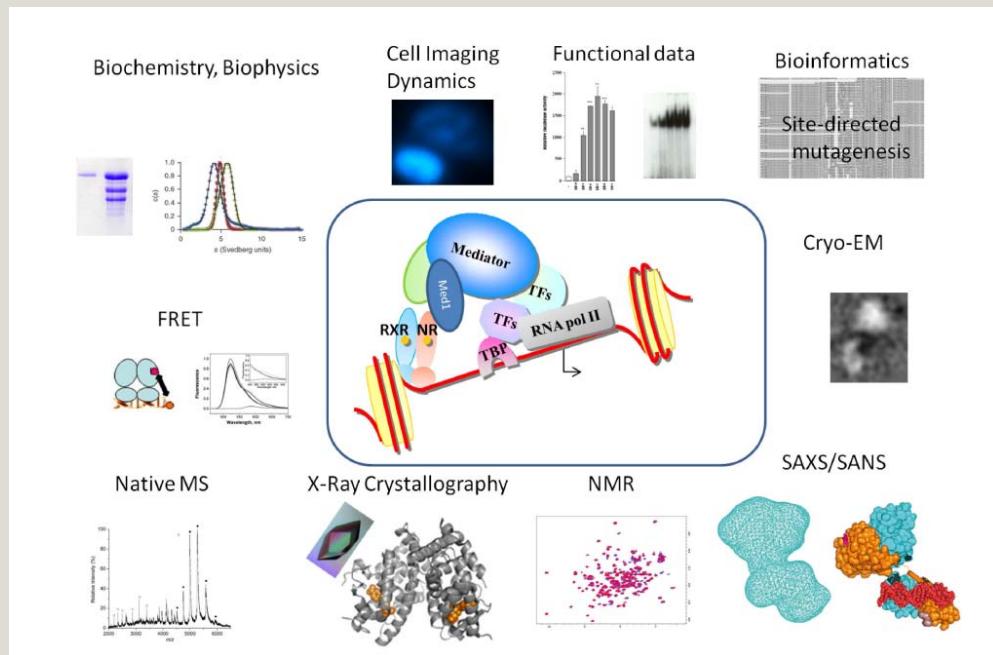
Make the microscope one hundred times more powerful, and many problems of biology would be made very much easier. (1959)



- Understand, Explain what you see, Predict
 - All field of Life Sciences. A new way of thinking in biology
 - Cutting-edges Technologies and Methods to see more and more
 - Dynamic molecular machines (Space and Time)



Master de Biologie Structurale Intégrative et Bioinformatique



Formation et débouchés professionnels :

- futurs chercheurs (sortie niveau BAC +8 après un doctorat)
- "techniciens" de haut niveau (sortie niveau BAC +5)

capables de s'insérer dans un processus de biologie structurale intégrative ou de "bio-informatique moderne" (Big Data, IA,...) dans le domaine de la recherche publique et dans le monde industriel.

La formation par et pour la recherche a vocation à développer deux aspects de la biologie structurale intégrative :

- la compréhension des fonctions à partir des données structurales, de l'échelle atomique à la vision cellulaire
 - structures et dynamiques (espace, temps, tissus, organismes) des complexes/machines macromoléculaires
 - visualisation des molécules à l'état isolé et dans leur environnement cellulaire
- la "biologie in silico".
 - analyse, l'exploitation et valorisation des données biologique (structurales, génomiques, protéomiques,...), "Big data", IA pour la biologie/médecine, biologie des systèmes)
 - modélisation moléculaire et simulations des systèmes biologiques

Quatre compétences possibles à développer et à construire par l'étudiant :

- **bio-structure** : expertise des méthodes et des techniques de la biologie structurale et de l'analyse fonctionnelle des structures 3D
- **bio-analyse** : expertise des méthodes et des outils de la "biologie in silico"
- **bio-modélisation** : expertise en modélisation des systèmes biologiques
- **génie bio-informatique** : développements et gestions d'outils et de bases de données spécifiques pour la biologie

un socle de connaissances commun unifiant les 4 compétences :

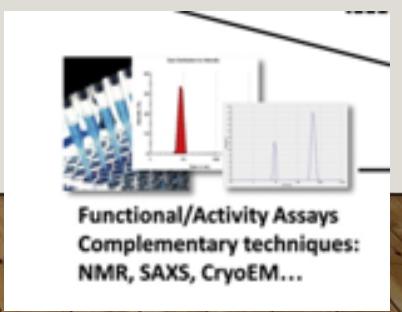
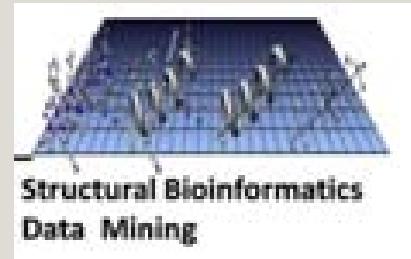
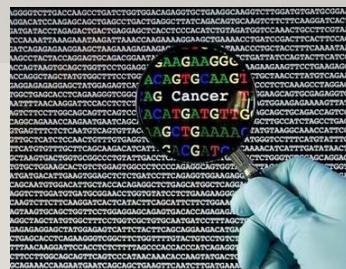
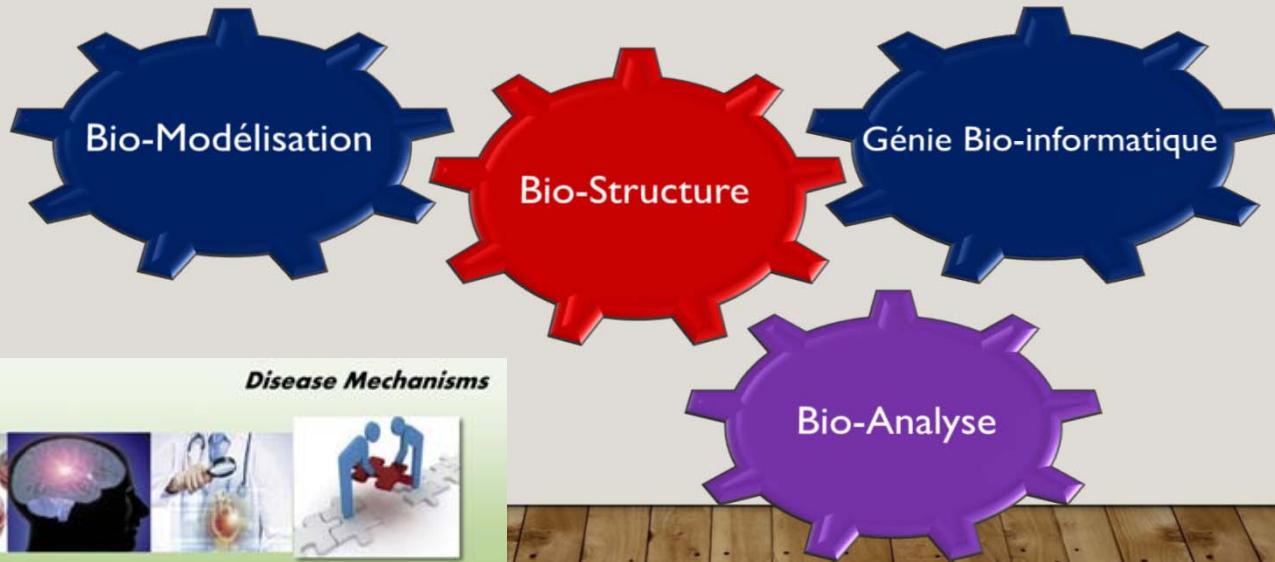
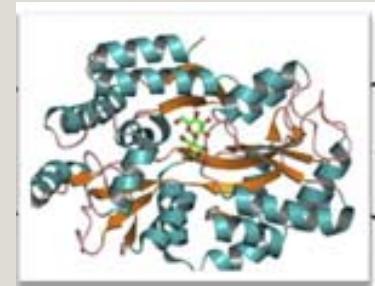
- l'étudiant choisit, développe et approfondit (en particulier en M2) l'un de ces aspects par un choix judicieux de modules d'enseignements optionnels

acquisition d'un savoir-faire technologique permettant une insertion dans le monde du travail dès la fin du master

un socle de connaissances commun

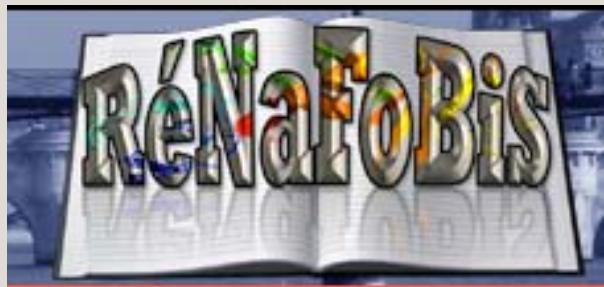
- Compréhension des mécanismes généraux du vivant
- Connaissance de la physico-chimie des molécules du vivant
- Formation scientifique appropriée en mathématiques et statistiques
- Maîtrise de l'outil informatique

Construction d'un profil : choix approprié, guidé mais libre de modules spécifiques



Les problématiques scientifiques :

- des thématiques de recherches fortement implantées et développées au niveau régional
- une demande de formation vitale au niveau national et international
 - études des réactions "complexes" à l'origine des mécanismes du vivant.
 - biologie structurale intégrative : rôle intégrateur et fédérateur de la biologie structurale dans le processus complexe et pluridisciplinaire allant de la tumeur au médicament
 - domaines de recherche :
 - de la génomique intégrative aux méthodes de simulations en biologie



Article

Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold

<https://doi.org/10.1126/science.abb8754>

Received: 11 May 2021

Accepted: 12 July 2021

Published online: 15 July 2021

John Jumper^{1,4,5}, Richard Evans^{1*}, Alexander Pritzel^{1,4}, Tim Green^{1,4}, Michael Figurnov^{1,4}, Olaf Ronneberger^{1,4}, Kathryn Tuyasuvunakool^{1,4}, Russ Bates^{1,4}, Augustin Zidek^{1,4}, Anna Potapenko^{1,4}, Alex Bridgland^{1,4}, Clemens Meyer^{1,4}, Simon A. A. Kohl^{1,4}, Andrew J. Ballard^{1,4}, Andrew Cowie^{1,4}, Bernardino Romera-Paredes^{1,4}, Stanislav Nikolov^{1,4}, Rishabh Jain^{1,4}, Jonas Adler¹, Trevor Back¹, Stig Petersen¹, David Reiman¹, Ellen Clancy¹, Michal Zelinski¹, Martin Stelzegger^{1,3}, Michalina Pacholska¹, Tamas Berghammer¹, Sebastian Bodenstein¹, David Silver¹, Oriol Vinyals¹, Andrew W. Senior¹, Koray Kavukcuoglu¹, Pushmeet Kohli¹ & Demis Hassabis^{1,4,5}

Proteins are essential to life, and understanding their structure can facilitate a mechanistic understanding of their function. Through an enormous experimental effort^{1–4}, the structures of around 100,000 unique proteins have been determined⁵, but this represents a small fraction of the billions of known protein sequences^{6,7}. Structural coverage is bottlenecked by the months to years of painstaking effort required to determine a single protein structure. Accurate computational approaches are needed to address this gap and to enable large-scale structural bioinformatics. Predicting the 3-D structure that a protein will adopt based solely on its amino acid sequence, the structure prediction component of the ‘protein folding problem’⁸, has been an important open research problem for more than 50 years⁹. Despite recent progress^{10–14}, existing methods fall far short of atomic accuracy, especially when no homologous structure is available. Here we provide the first computational method that can regularly predict protein structures with atomic accuracy even where no similar structure is known. We validated an entirely redesigned version of our neural network-based model, AlphaFold, in the challenging 14th Critical Assessment of Protein Structure Prediction (CASP14)¹⁵, demonstrating accuracy competitive with experiment in a majority of cases and greatly outperforming other methods. Underpinning the latest version of AlphaFold is a novel machine learning approach that incorporates physical and biological knowledge about protein structure, leveraging multi-sequence alignments, into the design of the deep learning algorithm.

The development of computational methods to predict 3-D protein structure from protein sequence has proceeded along two complementary paths that focus on either physical interactions or evolutionary history, respectively. The physical interaction programme heavily integrates our understanding of molecular driving forces into either thermodynamic or kinetic simulation of protein physics¹⁶ or statistical approximations thereof¹⁷. While theoretically very appealing, this approach has proven highly challenging for even moderate-sized proteins due to the computational intractability of molecular simulation, the context-dependence of protein stability, and the difficulty of producing sufficiently accurate models of protein physics. The evolutionary programme has provided an alternative. In recent years, where constraints on protein structure are derived from bioinformatic analysis of protein evolutionary history, homology to solved structures^{18,19}, and pairwise evolutionary correlations^{20–24}. This bioinformatic approach has benefited greatly from the steady growth of experimental protein structures deposited in the Protein Data Bank (PDB)²⁵, the explosion of genomic sequencing, and rapid development of deep learning techniques to interpret these correlations. Despite these advances, contemporary physical and evolutionary history-based approaches produce predictions that are far short of experimental accuracy in the majority of cases where a close homologue has not been solved experimentally and this has limited their utility for many biological applications.

In this work, we develop the first computational approach capable of predicting protein structures to near experimental accuracy in a majority of cases. The neural network AlphaFold that we developed was entered into the CASP14 assessment (May–July 2020), entered under the team name ‘AlphaFold2’ and a completely different model from our CASP13 AlphaFold system¹⁵. The CASP assessment is carried out biennially using recently solved structures that have not been deposited in PDB or publicly disclosed so that it is blind test for the participating methods, and has long served as the gold-standard assessment for the accuracy of structure prediction^{25,26}.

*DeepMind, London, UK. ¹School of Biological Sciences, Seoul National University, Seoul, South Korea. ²Artificial Intelligence Institute, Seoul National University, Seoul, South Korea. ³These authors contributed equally. John Jumper, Richard Evans, Alexander Pritzel, Tim Green, Michael Figurnov, Olaf Ronneberger, Kathryn Tuyasuvunakool, Russ Bates, Augustin Zidek, Anna Potapenko, Alex Bridgland, Clemens Meyer, Simon A. A. Kohl, Andrew J. Ballard, Andrew Cowie, Bernardino Romera-Paredes, Stanislav Nikolov, Rishabh Jain, Demis Hassabis. ⁴E-mail: jumper@deepmind.com; dhcontact@deepmind.com

Science

RESEARCH ARTICLES

Cite as: M. Baek *et al.*, *Science* 10.1126/science.abb8754 (2021).

Accurate prediction of protein structures and interactions using a three-track neural network

Minkyung Baek^{1,2}, Frank Dimino^{1,2}, Ivan Antoshchenko^{1,2}, Justas Dauparas^{1,2}, Sergey Ovchinnikov^{1,2}, Gyu Rie Lee^{1,2}, Jue Wang^{1,2}, Qian Cong^{3,6}, Lisa N. Kinch⁷, R. Dustin Schaeffer⁶, Claudia Millán⁸, Hahnbeom Park^{1,2}, Carson Adams^{1,2}, Caleb R. Glassman^{9,10}, Andy DeGiovanni¹², Jose H. Pereira¹², Andria V. Rodrigues¹², Alberdina A. van Dijk¹², Ana C. Ebrecht¹², Diederik J. Opperman¹⁴, Theo Sagmeister¹⁵, Christoph Buhlbacher^{13,16}, Tea Pavkov-Keller^{13,17}, Manoj K. Rathnaswamy¹⁸, Udit Dalwadi¹⁹, Calvin K. Yip¹⁹, John E. Burke¹⁸, K. Christopher Garcia^{6,10,11,20}, Nick V. Grishin^{6,21,7}, Paul D. Adams^{12,22}, Randy J. Read⁸, David Baker^{1,2,23*}

¹Department of Biochemistry, University of Washington, Seattle, WA 98195, USA. ²Institute for Protein Design, University of Washington, Seattle, WA 98195, USA. ³Faculty of Arts and Sciences, Division of Science, Harvard University, Cambridge, MA 02138, USA. ⁴John Harvard Distinguished Science Fellowship Program, Harvard University, Cambridge, MA 02138, USA. ⁵Eugene McDermott Center for Human Growth and Development, University of Texas Southwestern Medical Center, Dallas, TX, USA. ⁶Howard Hughes Medical Institute, University of Texas Southwestern Medical Center, Dallas, TX, USA. ⁷Department of Haematology, Cambridge Institute for Medical Research, University of Cambridge, Cambridge, UK. ⁸Program in Immunology, Stanford University School of Medicine, Stanford, CA 94305, USA. ⁹Department of Molecular and Cellular Physiology, Stanford University School of Medicine, Stanford, CA 94305, USA. ¹⁰Department of Structural Biology, Stanford University School of Medicine, Stanford, CA 94305, USA. ¹¹Department of Bioengineering, University of California, Berkeley, CA 94720, USA. ¹²Howard Hughes Medical Institute, University of Washington, Seattle, WA 98195, USA. ¹³Department of Biochemistry, Focus Area Human Metabolomics, North-West University, 2531 Potchefstroom, South Africa. ¹⁴Department of Biotechnology, University of the Free State, 205 Nelson Mandela Drive, Bloemfontein 9300, South Africa. ¹⁵Institute of Molecular Biosciences, University of Graz, Humboldtstrasse 50, 8010 Graz, Austria. ¹⁶Medical University of Graz, Graz, Austria. ¹⁷BioTechMed-Graz, Graz, Austria. ¹⁸Department of Biochemistry and Microbiology, University of Victoria, Victoria, BC, Canada. ¹⁹Life Sciences Institute, Department of Biochemistry and Molecular Biology, The University of British Columbia, Vancouver, BC, Canada. ²⁰Howard Hughes Medical Institute, Stanford University School of Medicine, Stanford, CA 94305, USA. ²¹Department of Biochemistry, University of Texas Southwestern Medical Center, Dallas, TX, USA. ²²Department of Bioengineering, University of California, Berkeley, CA 94720, USA. ²³Howard Hughes Medical Institute, University of Washington, Seattle, WA 98195, USA.

*Corresponding author. Email: daker@uw.edu

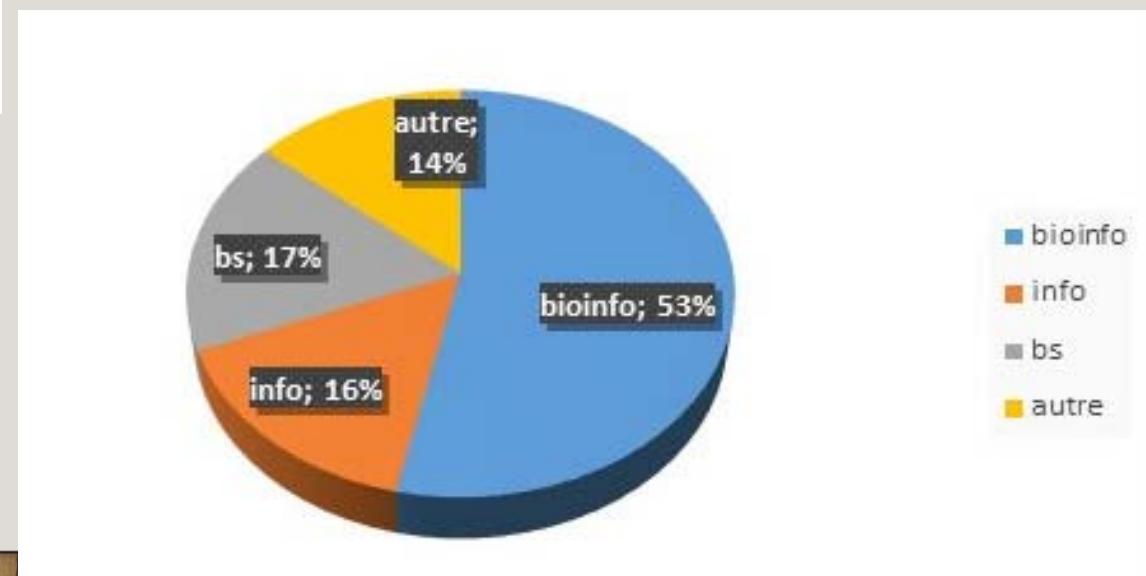
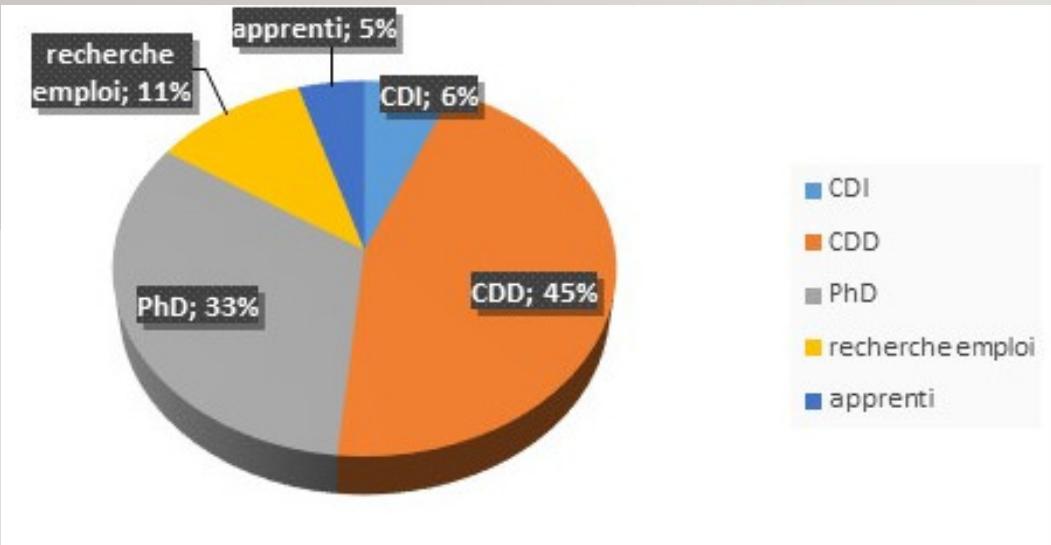
DeepMind presented remarkably accurate predictions at the recent CASP14 protein structure prediction assessment conference. We explored network architectures incorporating related ideas and obtained the best performance with a three-track network in which information at the 1D sequence level, the 2D distance map level, and the 3D coordinate level is successively transformed and integrated. The three-track network produces structure predictions with accuracies approaching those of DeepMind in CASP14, enables the rapid solution of challenging X-ray crystallography and cryo-EM structure modeling problems, and provides insights into the functions of proteins of currently unknown structure. The network also enables rapid generation of accurate protein–protein complex models from sequence information alone, short circuiting traditional approaches which require modeling of individual subunits followed by docking. We make the method available to the scientific community to speed biological research.

The prediction of protein structure from amino acid sequence information alone has been a longstanding challenge. The biannual Critical Assessment of Structure (CASP) meetings have demonstrated that deep learning methods such as AlphaFold (1, 2) and trRosetta (3), that extract information from the large database of known protein structures in the PDB, outperform more traditional approaches that explicitly model the folding process. The outstanding performance of DeepMind’s AlphaFold2 in the recent CASP14 meeting (https://predictioncenter.org/casp14/zscores_final.cgi) left the scientific community eager to learn details beyond the overall framework presented and raised the question of whether such accuracy could be achieved outside of a world-leading deep learning company. As described at the CASP14 conference, the AlphaFold2 methodological advances included 1) starting from multiple sequence alignments (MSAs) rather than from more processed features such as inverse covariance matrices derived from MSAs, 2) replacement of 2D convolution with an attention mechanism that better represents interactions between residues distant along the sequence, 3) use of a two-track network architecture in which information at the 1D sequence level and the 2D distance map level is iteratively transformed and passed back and forth, 4) use of an SE(3)-equivariant Transformer network to directly refine atomic coordinates (rather than 2D distance maps as in previous approaches) generated from the two-track network, and 5) end-to-end learning in which all network parameters are optimized by backpropagation from the final generated 3D coordinates through all network layers back to the input sequence.

First release: 15 July 2021

www.scienmag.org (Page numbers not final at time of first release) 1

Devenir des étudiants à la fin du Master BSIB (6-12 mois après la sortie)



Les enseignements du Semestre 1 : M1S1

Tronc Commun : 30 ECTS (27+ 3 Langues)

- Outils mathématique et Informatique (3 ECTS) [Pr Jean Marie Wurtz](#)
- Fundamental mechanisms in biology : From 3D structures to macromolecular functions (3 ECTS) [Pr Mikhail Eltsov](#)
- Analyse des séquences macromoléculaires (3 ECTS) [Pr Odile Lecompte](#)
- Déterminations des structures 3D-I (3 ECTS) [Pr Jean Cavarelli](#)
- Modélisation moléculaire (3 ECTS) [Pr Annick Dejaegere-Stote](#)

- Introduction à la programmation avec Java (3 ECTS) [Pr Jean Marie Wurtz](#)
- Méthodes d'étude des complexes et assemblages macromoléculaires (3 ECTS)
[Dr Vincent Cura](#)
- Mathématiques et statistiques (3 ECTS) [Pr Jean Marie Wurtz](#)
- Programmation Orientée Objet (3 ECTS) [Pr Jean Marie Wurtz](#)

- Langues : 3 ECTS

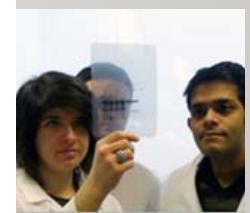
Les enseignements du Semestre 2 : M1S2

- **Tronc Commun : 24 ECTS (21 + 3 Langues)**

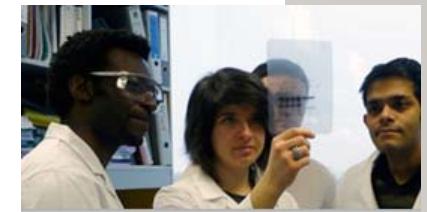
- Déterminations des structures 3D-II (3 ECTS) **Pr Jean Cavarelli**
- Constructions et Manipulation 3D des informations structurales (3 ECTS)
Pr Jean Cavarelli
- Omics : analyse de génomes et épigénomes (3 ECTS) **Pr Odile Lecompte**
- Initiation à la démarche scientifique en biologie structurale intégrative et bio-informatique (9 ECTS) **Pr Jean Marie Wurtz**
- Langues : (3 ECTS)
- Insertion professionnelle (3 ECTS) **Dr Vincent Leclerc**

- **UE obligatoires à choix : 6 ECTS**

- Dynamique Moléculaire et interactions (3 ECTS) **Pr Annick Dejaegere-Stote**
- Les technologies des bases de données (3 ECTS) **Pr Jean Marie Wurtz**
- Modélisation objet avec UML (3 ECTS) **Pr Jean Marie Wurtz**



Les enseignements du Semestre 3 : M2S3



Tronc Commun : 18 ECTS.

- Stage en laboratoire (9 ECTS) Pr Jean Cavarelli
- Transcriptomes et protéomes (3 ECTS) Dr Anne Friedrich
- Structures et dynamiques des macromolécules - Méthodes et concepts (3 ECTS)
Pr Jean Cavarelli
- Imaging Methods in integrated structural biology. Toward structural cell biology
(3 ECTS) Pr Mikhail Eltsov

UE obligatoires à choix : 12 ECTS. A choisir parmi les modules de 3 ECTS suivants :

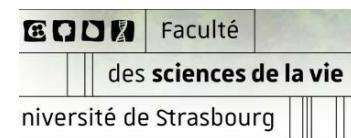
- Structures macromoléculaires et découvertes de médicaments
Pr Esther Kellenberger
- Production-Expression des macromolécules biologiques
Dr Vincent Cura
- Comparative and Medical Genomics
Pr Odile Lecompte
- Introduction to system biology
Pr Annick Dejaegere-Stote
- Algorithmiques et Structure des données
Pr Jean Marie Wurtz
- Les architectures du Big Data
Pr Jean Marie Wurtz
- Mathématiques et Statistiques à l'ère du Big Data
Pr Jean Marie Wurtz

La formation du Semestre 4 : M2S4

Stage de Janvier à Juin, en France ou à l'étranger.

- Stage dans une équipe de recherches d'un laboratoire académique
- Stage dans une équipe de recherches et de développement d'une entreprise

Soutenance de stage fin Juin



The logo consists of four small icons (square, circle, triangle, cross) followed by the text "Faculté des sciences de la vie université de Strasbourg".

[Accueil](#) [Faculté des SdV](#) [UdS](#) [ENT](#) [Moodle](#) [Alumni](#) [ESBS](#) [RéNaFoBis](#) [FRISBI](#) [INSTRUCT](#)

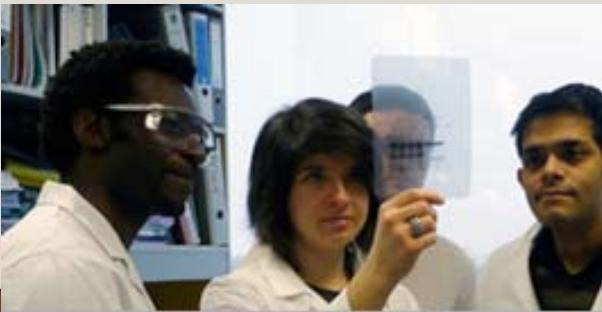
Les stages : offres et dépôts

Cette rubrique est dédiée aux stages du parcours Biologie Structurale Intégrative et Bio-informatique. Elle comporte 2 volets :

- la publication des offres de stage :
 - o d'une part la liste des stages proposés pour l'année universitaire en cours
 - o la liste des stages des années précédentes (en construction)
- le dépôt des propositions de stage par les futurs responsables de stage.

Pour déposer un sujet de stage il faudra être connecté au système, les identifiants vous seront communiqués par le responsable de formation

You are here: [Home](#) ► [Les stages : offres et dépôts](#)



MECCs MI

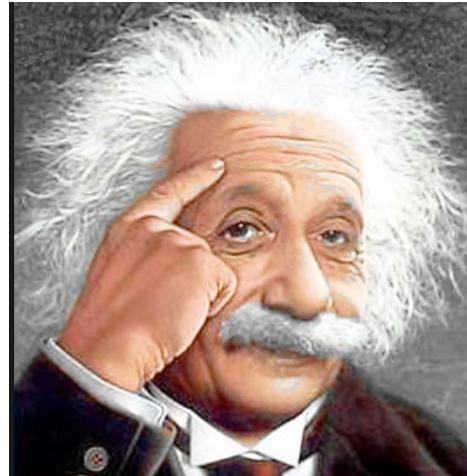
http://sciencesvie.unistra.fr/uploads/media/MECC_MI_BSBI.pdf

MECCs M2

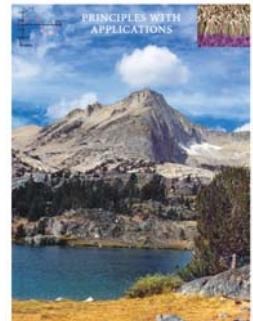
http://sciencesvie.unistra.fr/uploads/media/MECC_M2_BSBI.pdf

Contacts

- Pr. Jean Cavarelli
 - jean.cavarelli@unistra.fr, 03 69 48 52 74, 06 11 88 82 73
- Pr. Jean-Marie Wurtz
 - jeanmarie.wurtz@unistra.fr, 03 69 48 51 04



PHYSICS



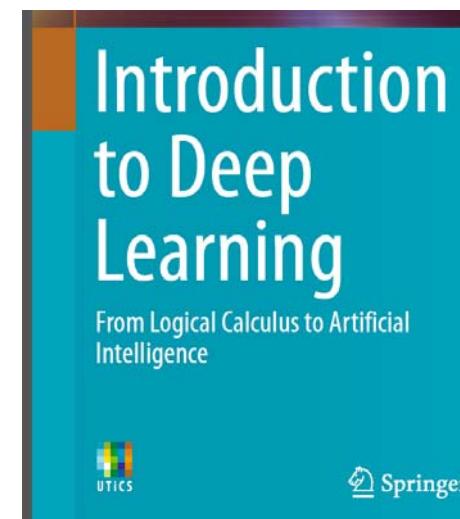
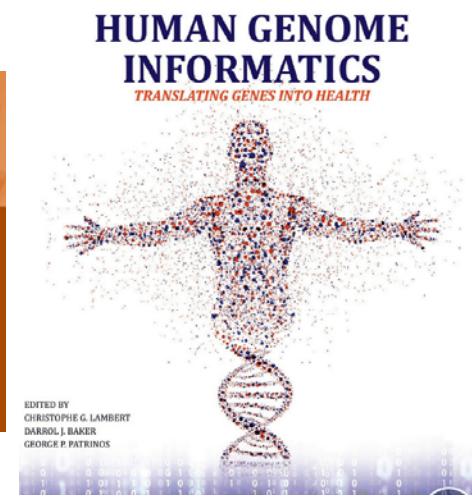
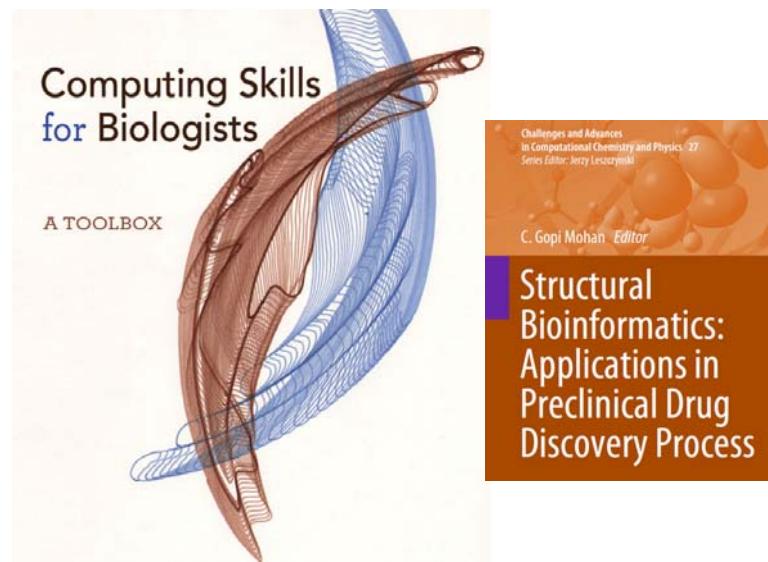
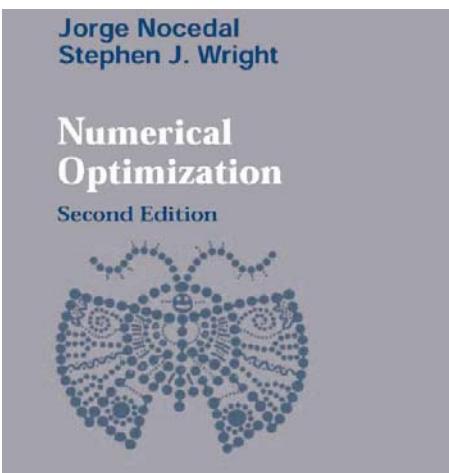
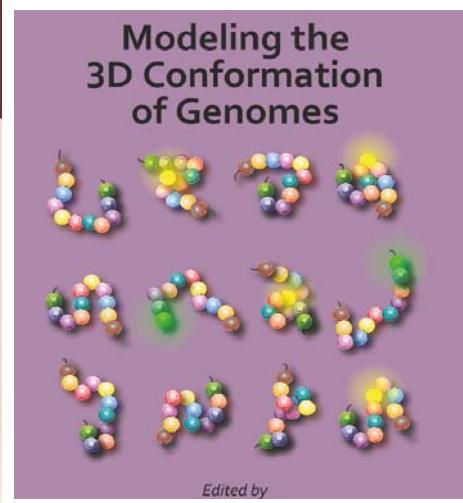
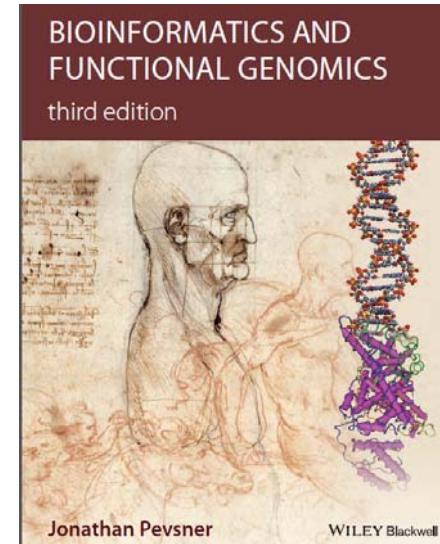
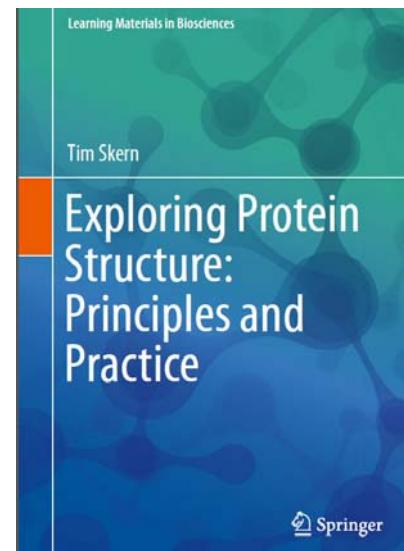
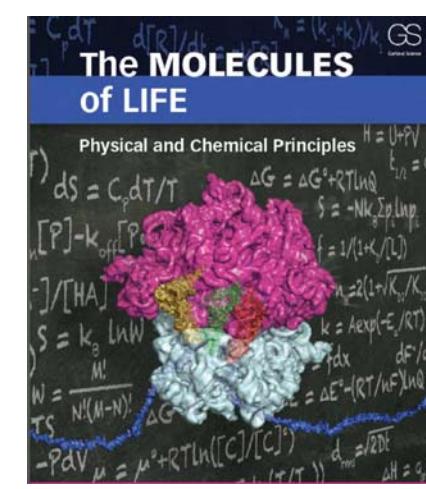
DOUGLAS C.
GIANCOLI

To Students

HOW TO STUDY

1. Read the Chapter. Learn new vocabulary and notation. Try to respond to questions and exercises as they occur.
2. Attend all class meetings. Listen. Take notes, especially about aspects you do not remember seeing in the book. Ask questions (everyone wants to, but maybe you will have the courage). You will get more out of class if you read the Chapter first.
3. Read the Chapter again, paying attention to details. Follow derivations and worked-out Examples. Absorb their logic. Answer Exercises and as many of the end-of-Chapter Questions as you can, and all MisConceptual Questions.
4. Solve at least 10 to 20 end of Chapter Problems, especially those assigned. In doing Problems you find out what you learned and what you didn't. Discuss them with other students. Problem solving is one of the great learning tools. Don't just look for a formula—it might be the wrong one.







FUN : L'excellence de l'enseignement supérieur pour des cours en ligne, gratuits et ouverts à tous



SESSION 10

Fondamentaux pour le Big Data

IMT

UN MOOC
PYTHON ?

IMPAC
SUR CARRIE

900 H DE COURS

UN LIVRE SUR PYTHON

JOUER AVEC PYTHON

SESSION 2

Python 3 : des fondamentaux
concepts avancés du langage

Université Côte d'Azur



Epigenetics

Institut Pasteur

Gènes
sans gène

SESSION 3

Gènes sans gène

Université de Lorraine



Bioinformatics: Genomes and
Algorithms

Inria

