

## FICHE DE MISSION EN ALTERNANCE – 17 MOIS

Version éditable sur demande – janv 2025

<b>Formation</b>	<b>M2 Bioinformatique</b> <b>Parcours Bioinformatique, Modélisation et Statistique en Biologie et Santé (BIMS)</b>
<b>Contact : responsable mention et mission alternance M2</b>	Hélène Dauchel UFR Sciences et Techniques -LITIS UR 4108 Équipe TIBS Université de Rouen Normandie F 76821 Mont Saint Aignan CEDEX Tél : (33).2.35.14.63.89 - Mail <a href="mailto:master.bioinfo@univ-rouen.fr">master.bioinfo@univ-rouen.fr</a> <a href="http://masterbioinfo.univ-rouen.fr">http://masterbioinfo.univ-rouen.fr</a>
<b>Certification professionnelle</b>	Accréditation selon la fiche active nationale du répertoire national de la certification professionnelle (RNCP) : <a href="#">RNCP38964 - MASTER - Bio-informatique</a> . Référence au JO / BO : arrêté du : 27/06/2022 Université de Rouen (n° Siret : 19761904200017)
<b>Durée/période</b>	✓ <b>Durée</b> : 17 mois (équivalent ~13 mois de mission + 4 mois en enseignement) ✓ <b>Période</b> : du 1er septembre de la 1ère année au 30 janvier de la 2ème année. (Possibilité d'anticipation et/ou de prolongement)
<b>Type de contrat</b>	<input type="checkbox"/> <b>Contrat d'apprentissage</b> <input type="checkbox"/> Contrat de professionnalisation
<b>Évaluation</b>	Total : 15 ECTS non compensables et non compensatoires ✓ M2.1 - 2 CE début septembre n+1 : communication poster & orale + grille d'évaluation par l'encadrant ✓ M2.2 - 13 CE mi -janvier n+2 : Rapport écrit & soutenance + grille d'évaluation par l'encadrant (Document de cadrage fourni et présenté à l'alternant.e)
<b>Alternant.e (si connu.e)</b> <b>Nom et prénom :</b>	
<b>Travail à distance</b>	En cas de restriction de déplacement et/ou d'accueil en présentiel impossible, l'alternant.e pourra-t-il (-elle) bénéficier de modalités à distance lui permettant d'effectuer sa mission depuis son domicile ? par exemple VPN, visioconférence avec son encadrant. Si cette modalité s'inscrit dans un cadre habituel pour la structure, merci de préciser la fréquence ( <b>1 jour par semaine maximum</b> , exceptionnellement 2) :  <input type="checkbox"/> <b>OUI</b> (précision) : <input type="checkbox"/> <b>NON</b>
<b>Confidentialité</b>	Cette mission est-elle susceptible de faire l'objet d'un accord de confidentialité ?  <input type="checkbox"/> <b>OUI</b> (nous vous proposerons notre modèle NDA) <input type="checkbox"/> <b>NON</b>

## Structure d'accueil

Nom de l'entreprise et du laboratoire d'accueil/équipe	
Nom employeur/statut privé ou public	
Site Internet :	

## Adresse du lieu de travail - activité distancielle

Rue	Ville	Code postal
Préciser le cas échéant une autre adresse dans le cas de déplacement collaboratif :		

## Personne(s) à contacter (administratif, gestionnaire)

Nom	Fonction	N° tel	Email

## Encadrement scientifique de l'alternant.e (dont maître d'apprentissage)

Nom	Domaine d'expertise* (*Biostatistique/bioinformatique/informatique/biologie/autre)	Statut/Fonction dans la structure	N° tel	Email

## Activité générale de l'entreprise et du laboratoire d'accueil (Description de l'employeur)

--

## Description de la proposition

### Nature de la (ou des) mission(s) à effectuer par l'alternant.e

**Intitulé bioinformatique du travail :**

**Contexte scientifique :**

**Mission (s) de l'apprenti.e ingénieur.e M2 dans ce contexte :**

**Mots clés de la mission bioinformatique de l'apprenti.e :**

**Description résumée par compétences de la mission proposée :**

Pour chaque bloc de compétences\* ci-dessous, merci d'apporter des précisions pour les cases que vous cochez, nous pourront mieux identifier les compétences futures liées à votre proposition. **Obligatoire** : la mission doit comprendre les items **pré-cochés**  et les **précisions associées**. \*RNCP38964 - MASTER - Bio-informatique

<p><b>Sciences de la vie et Masse de Données</b> : Comprendre l'origine (plan d'expérience, échantillonnage, technologies d'acquisition) et la nature de diverses sources de données biologiques, complexes, massives et hétérogènes et les enjeux des divers questionnements et domaines d'applications.</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> <b>Précisez le domaine d'application</b> : .....</p> <p><input type="checkbox"/> Omiques :</p> <p><input type="checkbox"/> Images :</p>	<p><input type="checkbox"/> Structures (3D) :</p> <p><input type="checkbox"/> Annotations :</p> <p><input type="checkbox"/> Systèmes et interactions :</p> <p><input type="checkbox"/> Cytométrie :</p> <p><input type="checkbox"/> Sémantiques/ontologies (autre que gène) :</p> <p><input type="checkbox"/> Autres (phénotypes, cliniques etc.) :</p>
<p><b>Programmation pour la bioinformatique</b> : Identifier et mettre en œuvre des stratégies de résolution automatisables via l'outil informatique. Choisir, installer, tester, paramétrer et utiliser des programmes bioinformatiques existant individuellement et dans des chaînes de traitements adaptées à la résolution d'une problématique biologique.</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> <b>Précisez les langage(s) de programmation</b> :</p> <p><input type="checkbox"/> Benchmarking d'outils :</p> <p><input type="checkbox"/> Développement et adaptation de pipelines</p>	<p><b>Infrastructure de calcul</b> : Utiliser des infrastructures de calcul intensif, se connecter à des clusters de calculs distants de manière sécurisée</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> <b>Précisez le type de ressources en calcul/stockage</b> (PC personnel, serveur, cluster HPC, etc.) :</p> <p>.....</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> <b>Précisez le type de connexions et procédures</b> (vpn, ssh, slurm etc.) : .....</p>
<p><b>Modélisation statistique et mathématiques</b> : Comprendre, choisir et mettre en œuvre des tests, des modèles et des analyses mathématiques et statistiques appropriés aux traitements de grands jeux de données, dans le but de décrire, structurer et résumer une grande quantité d'informations soit pour aider à la prise de décision, soit pour proposer ou vérifier des hypothèses.</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> <b>Précisez le langage statistique</b> : .....</p> <p><input type="checkbox"/> Modèles et méthodes d'analyses statistiques :</p>	<p><b>Web services et SGBD</b> : Utiliser des services web distants pour accéder de façon programmatique et sécurisé à des ressources de données. Collecter, intégrer et savoir structurer diverses sources de données biologiques hétérogènes et massives au sein d'une base de données en vue de leur exploitation.</p> <p><input type="checkbox"/> Technologies Web :</p> <p><input type="checkbox"/> Système de gestion de base de données</p>
<p><b>Visualisation et représentation de la bioinformatique</b> : Utiliser, concevoir et développer des techniques de visualisation et de représentation des données biologiques, des connaissances, et des résultats d'analyse, ceci afin de faciliter la lecture synthétique, la diffusion de l'information et l'interprétation de données du domaine de la bioinformatique.</p> <p><input type="checkbox"/> Graphes et autres représentations :</p> <p><input type="checkbox"/> Genome Browsers :</p>	<p><b>Solution logicielle innovante</b> : Concevoir et développer des solutions logicielles nouvelles permettant de faciliter l'accès à des traitements de données et mode de représentations des résultats en vue de leur interprétation biologique.</p> <p><input type="checkbox"/> Solution en R Shiny :</p> <p><input type="checkbox"/> Autre solution :</p>
<p><b>Sciences des données, apprentissage et IA</b> : Intégrer différentes sources de données et résultats d'analyses informatiques, bioinformatiques, mathématiques et statistiques variés pour les explorer et établir des associations entre les différents types de données et permettre d'extraire de la connaissance en vue d'interpréter en termes biologiques les processus et systèmes biologiques</p> <p><input type="checkbox"/> Approche(s) d'apprentissage :</p> <p><input type="checkbox"/> Intégration multi-données :</p>	<p><b>Algorithmique et modélisation</b> : Formaliser des problèmes biologiques et concevoir des nouveaux modèles et algorithmes adaptés à leur résolution.</p> <p><input type="checkbox"/> Précisions :</p>
<p><b>Bonnes pratiques</b></p> <p><input checked="" type="checkbox"/> <b>Précisez les principes FAIR de reproductibilité</b></p> <p><input type="checkbox"/> Versionnage, partage, archivage (ex : git) :</p> <p><input type="checkbox"/> Environnement virtualisation (ex : conda, docker, apptainer) :</p> <p><input type="checkbox"/> Gestionnaire de pipelines et de jobs (ex : snakemake, nextflow, slurm) :</p> <p><input type="checkbox"/> Portabilité de l'exploration, traçabilité et partage des résultats (ex: jupyter, markdown, quarto) :</p>	<p><input checked="" type="checkbox"/> <b>Autres bonnes pratiques</b></p> <p><input type="checkbox"/> FAIR-data : plan de gestion des données, cadres légaux :</p> <p><input type="checkbox"/> Outil de veille et gestionnaire bibliographique :</p> <p><input type="checkbox"/> Outil de gestion de projet :</p> <p><input type="checkbox"/> <b>RSDD</b> : votre structure est-elle engagée en faveur du Développement Durable et de la Responsabilité sociétale (ex : <a href="#">labo1point5</a>) ou de la <a href="#">Bioinformatique verte</a>.</p>