

# BNF203 - OUTILS MATHÉMATIQUES ET INFORMATIQUES POUR LA GÉNOMIQUE

CNAM Paris - Josselin Noirel

Face aux nouvelles technologies, les compétences du bioinformaticien moderne ont évolué : l'interdisciplinarité est de mise. Si la spécialisation est inévitable, il convient pour le futur bioinformaticien d'acquérir les bases mathématiques et informatiques pour relever collaborativement les défis de la biologie moderne.

- I - Réseaux biologiques
- II - Modèles statistiques en biologie des systèmes
- III - Modèles probabilistes modernes et machine learning
- IV - Simulations et modélisation mathématiques des systèmes moléculaires

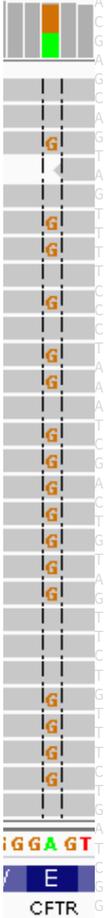
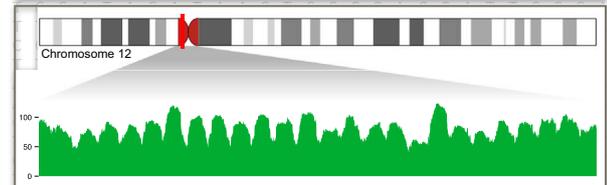
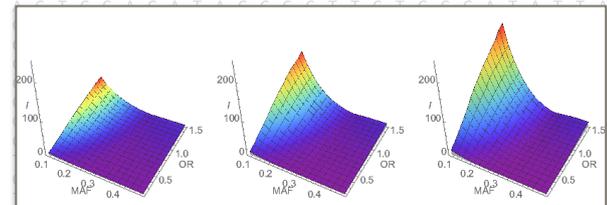
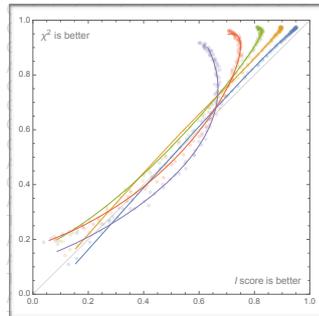
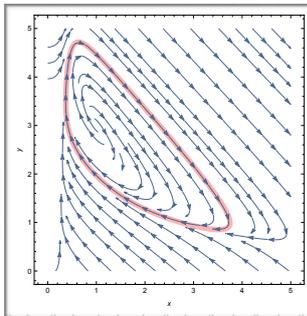
Module BNF203 (niveau master)

Conservatoire national des arts et métiers de Paris

Inscriptions : <https://inscriptions.cnam.fr/>

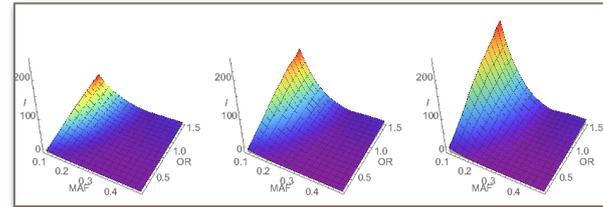
Contact : [josselin.noirel@cnam.fr](mailto:josselin.noirel@cnam.fr)

```
296 ~ ## Default genetic model I
297
298   This is the model used in the paper, except
299
300 ~ {r}
301   gmod_default <- function (n_SNP=6, prevalence
302                             sd_odds_ratios=1,
303                             fraction_active=0.5,
304                             shuffling=0.,
305                             random_activation=0.5,
306 ~   return_only_freq=0) {
307     n_combinations <- 3^n_SNP
```

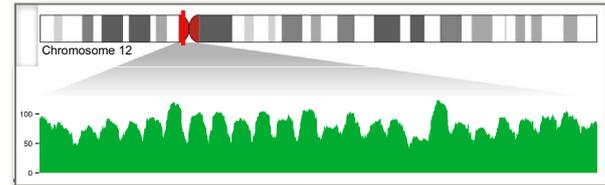


## Travaux pratiques avec RStudio

```
296 # Default genetic model I
297
298 This is the model used in the paper, except
299
300 {r}
301 gmod_default <- function (n_SNP=6, prevalence=0.5,
302                           sd_odds_ratios=0.5,
303                           fraction_active=0.5,
304                           shuffling=0.,
305                           random_activation=0.5,
306                           return_only_freq=FALSE)
307   n_combinations <- 3^n_SNP
```



## Analyse d'articles scientifiques récents



Un enseignement didactique fondé sur la pédagogie et l'interaction

30 séances de cours/EP 18 h 15-20 h 15

