

# Licence 1

## Semestre 1

### HAI101I Algorithmique 1

Dans ce module nous présentons les concepts de base en algorithmes (notion de problème, instance de problème, taille de l'instance, notion de complexité, terminaison, preuve de la validité). Les algorithmes présentés porteront sur des problèmes liés aux tris, piles, files, tableaux...

Contenu:

- algorithmes, traitement itératif
- preuve : validité, terminaison, complexité
- structures : tableaux, listes chaînée, piles, files
- exemples de fonctions récursives: recherche dichotomique
- tris: insertion, sélection, tri fusion, autres exemples de tri

### HAI102I Programmation Fonctionnelle

Ce cours se propose d'introduire le paradigme de programmation fonctionnelle. Dans un premier temps, nous parlerons du lambda-calcul, qui est le modèle de calcul sur lequel repose les langages fonctionnels. Puis, nous enchaînerons avec l'enseignement d'un vrai langage de programmation fonctionnelle, à savoir OCaml. La présentation d'OCaml suivra principalement le plan suivant :

1. Types de base, définitions.
2. Déclarations de fonctions.
3. Structures de données de base (tuples, listes).
4. Structures de données avancées (types sommes, enregistrements).
5. Exceptions.
6. Fonctions d'ordre supérieur, itérateurs sur les listes.

Si le temps le permet, nous verrons également le système de modules d'OCaml, dont l'une des principales motivations est de regrouper des définitions connexes, mais qui permet également d'introduire de la réutilisabilité par le système de modules paramétrés (foncteurs).

### HAI103I Utilisation de systèmes informatiques

Introduction des principales notions des systèmes informatiques :

- session, fichier (différents types), répertoire, droits d'accès
- programme, processus
- commande et langage de commandes
- démarrage d'un système (boot et multi-boot)
- mode d'exécution console vs. graphique
- Initiation aux concepts réseaux
- client/serveur, protocole, identification, internet
- Introduction de la notion de langage formel

- expressions régulières
- Maitrise pratique de l'environnement informatique de la FdS et du système linux :
- connaissance des principales commandes linux
- familiarisation avec le bash, écriture de quelques scripts
- compréhension d'une page du man
- configuration des applications réseaux
- connaissance d'outils d'analyse d'activité et de diagnostic (time, ping, ...)
- installation d'un système linux et configuration réseau

### **HAI104I Jouons aux automates déterministes**

La théorie des langages et des automates appartient à la branche fondamentale de l'informatique. Nous étudierons dans cette unité d'enseignement les langages et leur représentation, en particulier les langages rationnels et leur représentation par automates d'états finis.

Plus précisément nous évoquerons les langages, les automates d'états finis, le langage reconnu par un automate, les opérations sur les automates et langages, les automates non déterministes, leur déterminisation, les expressions régulières, les langages réguliers et l'équivalence avec les langages rationnels. Nous terminerons par la minimisation d'automate déterministe.

### **HAI105X Mathématiques pour l'informatique**

Notions de bases en mathématiques pour l'informatique avec :

- combinatoire et dénombrement
- logique,
- suites et récurrences,
- peut-être d'autres petites notions requises pour les UEs suivantes

### **HAL101L Anglais S1**

### **Mineure Bio-Info**

#### **HAI109H BioInfo**

Le but de ce module est de fournir des compétences pour l'analyse de séquences d'ADN issues de données génomiques, allant de l'extraction des séquences de banque de données publiques jusqu'à la manipulation de ces séquences afin d'en extraire des informations pertinentes, et cela de manière automatique via l'utilisation d'une librairie Python dédiée : BioPython. Le programme est le suivant : Rappels de biologie, Présentation des données en biologie format, Banque/bases de données, Programmation BioPython : Seq + SeqRecord, Manipulation/analyse/comparaison de séquences via des scripts Python, Récupération de seq dans les banques de données et analyse de séquences simple (chaines de caractères) via Biopython. Les étudiants pourront appliquer les compétences acquises à travers un projet encadré pour le développement d'un script pour automatiser l'analyse de séquences. Ce projet sera initié durant les séances TP.

### **HAE102E Electronique**

## **Mineure Remise à niveau**

### **HAI108I2 Remise à niveau Python**

Cette unité d'enseignement est destinée aux étudiants n'ayant pas acquis de bases de programmation impérative en Python au lycée ou dans des études antérieures.

Les étudiants verront les bases de la syntaxe, variables, types, affectation, structures conditionnelles et itératives, listes, chaînes de caractères, récursivité à travers des mini-projets pour illustrer toutes les notions.

### **HAI107I2 Remise à niveau Maths**

Unité d'enseignement destinée à un public n'ayant pas acquis certaines bases mathématiques au lycée.

1. Calcul élémentaire : fractions, puissance, logarithme, sommation diverses
2. Notions de base en logique et raisonnement : négation d'une proposition, connecteurs logiques et, ou, quantificateurs, implication, équivalence, contraposée. Différents types de raisonnement et de démonstrations mathématiques : raisonnement par contraposition, démonstration par récurrence, raisonnement par l'absurde
3. Analyse : limite, dérivation et recherche d'extremum
4. Suites et récurrences
5. Probabilités

## **Mineure EEA**

### **HAI106X Mathématiques pour l'EEA**

Outils mathématiques pour l'EEA :

- dérivation,
- intégration,
- complexes.

### **HAE101E Electronique 1**

## **Semestre 2**

### **HAI201I Algorithmique 2**

Contenu:

- structures de données arborescentes: arbres binaires, tas, ABR, files de priorité
- tri par tas, borne inférieure sur le tri
- structure simple de graphes: représentations (matrices d'adjacence, listes d'arêtes, listes de voisins),  
algos de bases (connexité, parcours profondeurs et largeurs, tri topologique), calcul de

distance (Dijkstra,  
implémentation avec tas)

## **HAI203I Prog. Événementielle et Web**

Initiation à la programmation d'applications Web :

- HTTP, HTML, CSS, bootstrap
- langage PHP
- langage JavaScript

## **HAI202I Programmation C**

- Les bases du langage : variables, constantes, types, opérateurs, expressions, instructions, structures de contrôles, fonctions
- Représentation de l'environnement dans la mémoire, notion d'adresse
- Représentation physique de structures de données abstraites : enregistrement, tableau, pointeur
- Les différents segments de mémoires d'un processus : compteur ordinal, données, pile, tas
- Principes de l'appel de fonctions
- Allocation statique et dynamique
- Mode noyau et appels systèmes : les entrées-sorties et l'accès aux fichiers
- Modularité
- Compilation, édition des liens : utilisation de l'outil make
- Débogueur

## **HA2G00H Culture Générale**

### **HAI204X Mathématiques du choix collectif**

Cette UE s'adresse à un public d'informaticiens et présente les principaux modèles et résultats du choix collectif. Fonder un choix collectif à partir d'opinions individuelles est un problème complexe... qui peut être abordé à l'aide de mathématiques assez simples. Ce cours reprend la formalisation mathématique de ce problème, partant des travaux de Borda et Condorcet (fin du 18e siècle) et allant jusqu'aux développements contemporains. Ces derniers ouvrent des perspectives novatrices d'amélioration de la vie démocratique. Un petit focus sera fait sur le choix computationnel.

### **HAL201L Anglais S2**

## **Mineure Bio-info**

### **HAI208H BioInfo 2**

Le but de ce module est dans la continuité du module HAI109H de fournir des compétences pour l'analyse de séquences d'ADN issues de données génomiques, allant de la lecture des séquences d'ADN jusqu'à l'analyse comparative de ces séquences afin d'en extraire des informations pertinentes, et cela de manière automatique via l'utilisation d'une librairie Python dédiée : *BioPython*. En plus de la présentation de l'algorithme le plus couramment

utilisé en bioinformatique (BLAST), les étudiants se verront présentés des outils de gestion de programmation utilisés en routine dans le domaine comme *git* et *snakemake*.

Le programme est le suivant :

- Présentation des principes de séquençage/assemblage ou comment on génère les données biologiques, Comparaison de séquences (recherche de motifs, alignement, blast),
- Programmation Python/BioPython : objet alignement et blast, Analyse de séquences complexe en BioPython/blast,
- versionning et automatisation de processus en biopython : git & snakemake.

Les étudiants pourront appliquer les compétences acquises à travers un projet encadré pour le développement d'un pipeline pour automatiser la comparaison de séquences. Ce projet sera initié durant les séances TP.

### **HAI207X Bio-Stats**

## **Mineure EEA et Remise à Niveau**

### **HAI205X Probas stats**

### **HAI206E Architecture des ordis et assembleur**

- Introduction: Évolution technologique, Principe de Von Neumann
- Instructions : Format, Codage, Accès mémoire
- Unité de traitement : Briques de construction (Éléments combinatoires, - Éléments séquentiels), Fonctionnement d'une architecture, Améliorations possibles
- Décodage d'instruction : Principe du décodage d'instruction, Microprogrammation
- Systèmes d'interruptions : Principe et conséquences, Vectorisation
- Systèmes d'entrées/sorties : Principe, Circuits d'Interfaces