

## Curriculum vitæ

Mél athenais.vaginay@unicaen.fr  
 Site nanis.fr  
 Adresse recherche S3-349  
 GREYC, Caen  
 6 Boulevard du Maréchal Juin  
 Bat. Sciences 3, CS 14032  
 14032 CAEN cedex 5 - France  
 Adresse enseignement IUT Ifs, Campus 3  
 Dep. informatique  
 rue Anton Tchekhov  
 14123 Ifs

**Athénaïs VAGINAY**  
*née le 13 décembre 1993*  
*à Bagnolet (93)*

## Parcours professionnel

---

### Sep 2024 – ... Maîtresse de Conférences

Université de Caen Normandie  
 Groupe de recherche en informatique, image et instrumentation de Caen (GREYC)

### Avr 2024 – Août 2024 Post-doctorante

Université de Bordeaux  
 Laboratoire bordelais de recherche en informatique (LaBRI)

### Jan 2023 – Mar 2023 Ingénieure contractuelle

Centre national de recherche scientifique (CNRS)  
 Laboratoire lorrain de recherche en informatique et ses applications (Loria)

### Sep 2022 – Dec 2022 Chercheuse contractuelle (contrat « relais thèse »)

Université de Lorraine  
 Laboratoire lorrain de recherche en informatique et ses applications (Loria)

### Oct 2021 – Août 2022 Attachée Temporaire d'Enseignement et de Recherche (ATER)

mi-temps enseignement (96h) : Institut du Digital, Management, Cognition (IDMC)  
 recherche : Laboratoire lorrain de recherche en informatique et ses applications (Loria)

### Oct 2018 – Sep 2021 Doctorante contractuelle (monitrice en 2019, IUT Génie Biologique)

Laboratoire lorrain de recherche en informatique et ses applications (Loria)  
 Centre de recherche en automatique de Nancy (Cran)

### Dec 2017 – Juillet 2018 Ingénieure d'études contractuelle

Université de Lille  
 Centre de recherche en informatique, signal et automatique de Lille (CRISTAL)

## Formation initiale

---

### 2018-2023 Doctorat Informatique, Université de Lorraine

Laboratoire lorrain de recherche en informatique et ses applications (Loria)  
 Centre de recherche en automatique de Nancy (Cran)  
 « Synthesis of Boolean networks from the structure and dynamics of reaction networks »  
 Thèse présentée le **7 Juillet 2023**, devant le jury suivant :

Directeur	Taha BOUKHOBZA	Professeur, Université de Lorraine
Co-Directrice	Malika SMAÏL-TABBONE	Maître de Conférences HDR, Université de Lorraine
Président	Thierry BASTOGNE	Professeur, Université de Lorraine
Rapporteurs	François FAGES	Directeur de Recherche, Inria Saclay
	Loïc PAULEVÉ	Chargé de Recherche CNRS, Labri
Examinatrice	Anna NIARAKIS	Maître de Conférences HDR, Université d'Evry Val d'Essonne

**2015–2017 Master Bioinformatique**, Université Paris Diderot

Stage M2 : Annotation automatique d’images de frottis sanguins pour l’aide au diagnostic du paludisme

Encadré par Pierre POULAIN, Institut Jaques Monod, Paris

Stage M1 : Validation d’une méthode multi-tâche et guidée par un graphe pour la sélection de caractéristiques

Encadré par Chloé-Agathe AZENCOTT, École des Mines, Paris

**2012–2015 Licence Biologie, Biomolécules, Bioinformatique**, Université Paris Diderot

**2011–2012 Première Année Commune aux Études de Santé (PACES)**, Université Paris Diderot

## Compétences

---

**Programmation** : Python, C, R, Java, programmation web (HTML/CSS, framework flask)

**Base de données relationnelles** : PostgreSQL

**Optimisation combinatoire** : Programmation par ensemble réponse (clingo), SAT (pySAT)

**Mathématiques** : **Mathematics** : logique propositionnelle, logique du premier ordre, résolution et analyse d’équations différentielles, statistiques et apprentissage automatique (régressions, arbres de décision)

**Autre** : git, intégration continue, Docker, L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X

## Co-encadrement

---

**2020, projet long de 3 mois** Nicolas Thorrr, M2 Mathématiques appliquées Université de Lorraine

**2021, stage de 6 mois** Nolwenn Lebourdais, M2 Biostatistique Agrocampus Ouest (co-autrice de J1).

Ces deux personnes ont travaillé sur un projet en collaboration avec des biologistes du CRAN visant à mieux comprendre l’impact de l’expression des gènes sur la survie de patients atteint de glioblastome. Il s’agit principalement de la mise en place d’un pipeline pour l’analyse différentielle de gènes (données transcriptomiques de grandes dimensions) dans plusieurs conditions, ainsi qu’un pipeline de machine learning pour la sélection de features pour faire de la classification, et des analyses de survie.

**2024, stage de 3 mois** Maxime Zielinger, M1 Université de Bordeaux, co-encadré avec Loïc Paulevé. **Calcul de trap spaces de réseaux booléens grâce à un encodage basé sur la forme DNF**

## Responsabilités collectives

---

**Comité de programme 2025** : ICLP

**Review 2024** : conférence CMSB ; 2023 : Computational and Biotechnology Journal (Elsevier).

**Bureau des doctorants du Loria (2019-23)** De 2019 à 2023, je me suis impliquée dans plusieurs projets visant à améliorer la qualité de vie des doctorants. J’ai notamment participé à la mise en place du système de parrainage entre doctorants (depuis la rentrée 2020), de week-ends conviviaux entre doctorants (en 2019 et 2022) et de rencontres mensuelles informelles (« cafés doctorants », de 2019 à 2023).

**Association des Jeunes Bio-Informaticiens de France – JeBiF (depuis 2014)** Membre (depuis 2014), élue **au conseil d’administration** (de 2016 à 2019), élue au bureau (**secrétaire**) (de 2017 à 2019). Le but de cette association est de structurer et rendre visible la communauté des jeunes acteurs de la bioinformatique en France. De ce fait, nous travaillons en collaboration avec les instances telles que le groupement de recherche de bio-informatique moléculaire (GdR BIM) et la société française de bio-informatique (SFBI). Par le biais de JeBiF, j’ai notamment participé à l’organisation de diverses rencontres scientifiques et informelles, notamment un **workshop** (en 2019 à Nantes en marge de la conférence JOBIM), des « JeBiF Pub » à Paris (de 2016 à 2018), des tables ouvertes (de 2019 à 2021) de table rondes à destinations des masters concernant les métiers et les débouchés en bio-info (en 2018 et 2019), ainsi qu’à la construction et à l’animation d’ateliers de vulgarisation scientifique, détaillés dans la prochaine section.

**JOBIM Nancy (2021)** J’ai organisé la tenue d’une rencontre locale au Loria (petite quinzaine de participants sur 4 jours) à l’occasion des journées ouvertes en biologie, informatique et mathématiques (**JOBIM2021**).

## Médiation scientifique

---

J'ai participé à la mise en place et à l'animation d'activités de médiation scientifique avec divers structures.

**Pint of Science, édition de Nancy (2020)** Membre de l'équipe d'organisation et préparation d'une intervention en binôme avec Hélène Dumond (co-autrice de [J2]). Les événements prévus ont malheureusement dû être annulés du fait du confinement.

**Un scientifique, une classe, chiche (2020)** Ce programme consiste à faire intervenir des professionnels du monde académique et scientifique, pour une heure dans des classes de seconde (pour l'enseignement « Sciences numériques et technologie » (SNT), qui est obligatoire depuis 2019). J'ai suivi la formation pour préparer une intervention<sup>1</sup>, mais n'ai malheureusement pas pu rencontrer de classe du fait de la situation sanitaire.

**Ma thèse en 180 secondes (2021)** La transcription de ma présentation est disponible sur mon [site web](#).

**Fêtes de la science (2017, 2018, 2020, via l'association JeBiF)** Conception et animation d'ateliers. Ils ne sont pas en lien direct avec mon sujet de recherche, mais abordent les principes généraux des modes de raisonnement que l'on utilise en bio-informatique. Ils sont utilisés depuis 2017, notamment à l'occasion des fêtes de la science à la Cité des Sciences et au village des Sciences de l'Université Pierre et Marie Curie. J'ai participé à leur animation en 2017 et 2018. En 2020, lors de la crise sanitaire, j'ai participé à l'adaptation de ces activités pour qu'elle puisse être utilisée en ligne : [https://jebif.fr/apps/vulga/nounours/experts\\_accueil.php](https://jebif.fr/apps/vulga/nounours/experts_accueil.php)

## Publications scientifiques et communications

---

Mes travaux de recherche se situent à l'intersection de l'informatique et de la biologie. Je m'appuie sur les **méthodes formelles** (en particulier, le raisonnement logique et la programmation par contraintes logiques) pour **synthétiser des modèles de processus biologiques**. Je m'intéresse plus particulièrement à la **transformation automatique entre différents formalismes**, en m'attachant à garantir la conservation de certaines propriétés lors de la transformation.

Toutes mes publications (sauf J1) ont un intérêt pour le domaine de l'informatique (appliqué à la biologie / biologie computationnelle) et sont à ce titre référencées sur DBLP.

**Publications, sur HAL :** [https://hal.science/search/index/q\\*/authIdHal\\_s/nanis](https://hal.science/search/index/q*/authIdHal_s/nanis)

**Publications, sur dblp :** <https://dblp.org/pid/299/8499.html> ([J1] n'y est pas référencée)

**Communications orales, sur mon site web :** [nanis.fr](http://nanis.fr)

### Thèse de doctorat

**A. VAGINAY**, « Synthesis of Boolean networks from the structure and dynamics of reaction networks », 2023, 191 pages. <https://www.theses.fr/2023LORR0135>

### Articles en journaux internationaux avec comité de lecture

- J2 **A. VAGINAY**, T. BOUKHOBZA, M. SMAÏL-TABBONE « From quantitative SBML models to Boolean networks » *Applied Network Science*, Springer, Special Issue of the 10th International Conference on Complex Networks and their Applications, 2022, 23 pages. [10.1007/s41109-022-00505-8](https://doi.org/10.1007/s41109-022-00505-8)
- J1 A. HIRTZ, N. LEBOURDAIS, F. RECH, Y. BAILLY, **A. VAGINAY**, M. SMAÏL-TABBONE, H. DUBOIS-POT-SCHNEIDER, H. DUMOND « GPER Agonist G-1 Disrupts Tubulin Dynamics and Potentiates Temozolomide to Impair Glioblastoma Cell Proliferation » *Cells*, MDPI, 2021, 16 pages. [10.3390/cells10123438](https://doi.org/10.3390/cells10123438)

---

1. [https://www.fondation-inria.fr/action\\_inria/chiche/](https://www.fondation-inria.fr/action_inria/chiche/)

## Articles en conférences internationales avec comité de lecture

- C5 S. CHEVALIE, D. BOYENVAL, G. MAGAÑA-LÓPEZ, T. RONCALLI, **A. VAGINAY**, L. PAULEVÉ « BoNesis : a Python-based declarative environment for the verification, reprogramming, and synthesis of Most Permissive Boolean networks. » *International conference on Computational Methods in Systems Biology (CMSB)*, 2024
- C4 J. NIEHREN, C. LHOSSAINE, **A. VAGINAY** « Core SBML and Its Formal Semantics » *International conference on Computational Methods in Systems Biology (CMSB)*, Lecture Notes in Computer Science. Springer, 2023, pp. 124–143 [10.1007/978-3-031-42697-1\\_9](https://doi.org/10.1007/978-3-031-42697-1_9)
- C3 J. NIEHREN, **A. VAGINAY**, C. VERSARI « Abstract Simulation of Reaction Networks via Boolean Networks » *International conference on Computational Methods in Systems Biology (CMSB)*, Lecture Notes in Computer Science. Springer, 2022, pp. 21–40. [10.1007/978-3-031-15034-0\\_2](https://doi.org/10.1007/978-3-031-15034-0_2)
- C2 **A. VAGINAY**, T. BOUKHOBZA, M. SMAÏL-TABBONE « From Quantitative SBML Models to Boolean Networks » *International Conference on Complex Networks and their Applications (CNA)*, Studies in Computational Intelligence. Springer, 2021, pp. 676–687. [10.1007/978-3-030-93413-2\\_56](https://doi.org/10.1007/978-3-030-93413-2_56)
- C1 **A. VAGINAY**, T. BOUKHOBZA, M. SMAÏL-TABBONE « Automatic Synthesis of Boolean Networks from Biological Knowledge and Data » *International Conference in Optimization and Learning (OLA)*, Communications in Computer and Information Science. Springer 2021, pp. 156–170. [10.1007/978-3-030-85672-4\\_12](https://doi.org/10.1007/978-3-030-85672-4_12)

## Posters

- P4 **A. VAGINAY**, T. BOUKHOBZA, M. SMAÏL-TABBONE « SBML2BN : an Integrative Pipeline for the Synthesis of Boolean Networks from SBML Models » *International conference on Computational Methods in Systems Biology (CMSB)* 2021, Bordeaux, France
- P3 **A. VAGINAY**, M. SMAÏL-TABBONE, T. BOUKHOBZA « From Chemical Reaction Networks to Boolean Networks » *Journées Nationales du GDR IM (JNIM)* 2022, Lille, France
- P2 **A. VAGINAY**, M. SMAÏL-TABBONE, T. BOUKHOBZA « Towards an automatic conversion from SBML core to SBML qual » *Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM)* 2019, Nantes, France
- P1 **A. VAGINAY**, M. SMAÏL-TABBONE, T. BOUKHOBZA « Towards an automatic conversion from SBML core to SBML qual » *École thématique Modélisation Formelle de Réseaux de Régulation Biologique (bioregul)* 2019, Porquerolles, France

## Communications orales

Les diapos des présentations sont disponibles sur ma [page personnelle](#). À la liste donnée ci-dessous s'ajoutent sept présentations que j'ai données au séminaire de l'équipe Capsid du Loria dans laquelle j'ai fait ma thèse. Il s'agit principalement de répétitions de présentations pour des conférences, et des présentations faisant état de mon avancement.

- O14 « A Touristic Guide on the Updates of Boolean Networks » ([séminaire](#)) *Séminaire Algorithmique, GREYC, Caen* 10 Dec 2024, Caen, France  
<https://www.greyc.fr/event/seminaire-algorithmique-un-panorama-des-modes-de-mises-a-jour-des-reseaux-dautomates-booleens-athenais-vaginay-greyc/>
- O14 « Synthesis and simulation of formal models of biological systems » ([séminaire](#)) *Sémidoc, LaBRI* 19 Juillet 2024, Bordeaux, France  
<https://afodib.labri.fr/semidoc>
- O13 « Constraint-based abstraction of reaction networks to Boolean networks » ([séminaire](#)) *Computational Logic Center, Université de Iowa* 26 Feb 2024, Iowa City, États-Unis  
<https://cs.uiowa.edu/event/137841/0>
- O12 « Constraint-based abstraction of reaction networks to Boolean networks » ([séminaire](#)) *équipe CODAG, GREYC* 5 Dec 2023, Caen, France  
<https://indico.mathrice.fr/event/532/>
- O11 « From reaction networks to Boolean networks : why and how » ([séminaire](#)) *équipe CANA, LIS* 14 Nov 2023, Marseille, France  
<https://cana.lis-lab.fr/#seminars-link>

- O10 « Synthesis of Boolean Networks from the Structure and Dynamics of Reaction Networks » (présentation invitée) *Thematic workshop on networks and biological models inference* 3 Juillet 2023, Marseille, France  
<https://www.bioss-cnrs.fr/events/cirm2023/>
- O9 « Sélection et analyse de modèles pour les réseaux biologiques » (présentation invitée) *Séminaire de la Fédération Charles Hermitte (FCH)* 13 Dec 2022, Nancy, France
- O8 « ASKeD-BN : Automatic Synthesis of Boolean Networks from Knowledge and Data » (paper highlight) *Workshop on Answer Set Programming and Other Computing Paradigms (ASPOCP@FLoC)* 31 Juillet 2022, Haifa, Israël  
<https://easychair.org/smart-program/FLoC2022/>
- O7 « From Chemical Reaction Networks to Boolean Networks, Automatically » (présentation invitée) *séminaire virtuel du GT Bioss* 3 Dec 2021, en ligne  
<https://www.bioss-cnrs.fr/seminaires/2021-12/>
- O6 « Automatic synthesis of boolean networks from biological knowledge and data » (présentation de papier) *International Conference on Complex Networks and their Applications (CNA)* 1er Dec 2021, Madrid, Espagne  
<https://easychair.org/smart-program/COMPLEXNETWORKS2021/>
- O5 « Modelling Biological Systems with Boolean Networks » (présentation invitée) *Journées scientifiques de la Fédération Charles Hermite « Science des Réseaux »* 18 Nov 2021, Nancy, France  
[https://www.fr-hermite.univ-lorraine.fr/Documents/Journees%20scientifiques/Archives%202021/Journees%20FCH%20Reseaux\\_Complet.pdf](https://www.fr-hermite.univ-lorraine.fr/Documents/Journees%20scientifiques/Archives%202021/Journees%20FCH%20Reseaux_Complet.pdf)
- O4 « SBML2BN : an Integrative Pipeline for the Synthesis of Boolean Networks from SBML Models » (poster flash) *International conference on Computational Methods in Systems Biology (CMSB)* 23 Sep 2021, Bordeaux, France  
<https://cmsb2021.labri.fr/program/index.html>
- O3 « ASKeD-BN : Automatic Synthesis of Boolean Networks from Knowledge and Data » (paper highlight) *Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM)* 7 Juillet 2021, en ligne  
<https://jobim2021.sciencesconf.org/program>
- O2 « ASKeD-BN : Automatic Synthesis of Boolean Networks from Knowledge and Data » (présentation de papier) *International Conference in Optimization and Learning (OLA)* 23 Juin 2021, en ligne  
[https://ola2021.sciencesconf.org/data/pages/Program\\_OLA\\_2027.htm](https://ola2021.sciencesconf.org/data/pages/Program_OLA_2027.htm)
- O1 « Towards an automatic conversion from SBML core to SBML qual » (poster flash) *Workshop des Jeunes Bioinformaticiens de France (JeBiF)* 30 Juillet 2019, Nantes, France  
<https://jebif.fr/evenements/jebif-workshop/2019-nantes/>

## Enseignements

---

Depuis septembre 2024, je suis maîtresse de conférences à l'université de Caen. J'enseigne au département informatique de l'IUT. Avant cela, j'ai effectué 96 HETD en tant que demi-ATER à l'université de Lorraine, ainsi qu'un monitorat de 36 HETD pendant mon doctorat et divers vacances. Le tableau ci-dessous récapitule les heures effectuées **avant ma prise de poste** :

Année	Intitulé	Public	CM	TD	TP	Total
2021– 2022 demi ATER	Algorithmique et structure de données	L1 MIAASH		15		15
	Programmation C (Semestre 1)	L1 MIAASH			20	20
	Programmation C (Semestre 2)	L1 MIAASH			26	26
	Programmation Python	M1 SC, SDL, TAL			10,5	10,5
	Traitement automatique des langues	L2 MIAASH		10		10
	Méthodologie, L <sup>A</sup> T <sub>E</sub> X et gestion de bibliographie	M2 TAL et SC	2		1,75	3,75
	Méthodologie, L <sup>A</sup> T <sub>E</sub> X et gestion de bibliographie	M1 TAL et SC	1		1	2
						<b>87,25</b>
2019 DCCE	Bureautique et recherche documentaire	1A DUT GBS,			16	16
	Bureautique	1A DUT GB2A			32	32
						<b>48</b>
2017 Vacataire	Bureautique, vie numérique et recherche documentaire	L1 EA			12	<b>12</b>
2014– 2015 Tutrice	Bureautique, vie numérique et recherche documentaire	L1 toutes disciplines			67	<b>67</b>
<b>TOTAL 214,25h = 3h CM + 25h TD + 186,25h TP</b>						

**EA** Études anglophones ; **GBS** Génie Biologique – Santé ; **GB2A** Génie Biologique – Agro-Alimentaire ; **MIAASHS** Mathématiques et Informatique Appliquées aux Sciences Humaines et Sociales ; **SC** Sciences Cognitives ; **SDL** Science du Langage ; **TAL** Traitement Automatique du Langage

## Détails des enseignements donnés avant ma prise de poste

### Algorithmique et Programmation (71,5 heures)

#### TD Algorithmique et structure de données

**Responsable** Anne Boyer — [anne.boyer@univ-lorraine.fr](mailto:anne.boyer@univ-lorraine.fr)

• **Public** L1 MIAASH • **Effectif** 1 groupe d'une petite trentaine d'étudiant·es en **pédagogie inversée** • **Contenu** Variables et types, conditions, boucles, fonctions, tableaux • **Participation** Retours sur les supports préexistants. Participation à la mise en place de la correction de certains exercices. Petit rapport en fin de chaque séance pour relever les difficultés des étudiant·es. Participation à la surveillance et à la correction des examens de mon groupe.

#### TP Programmation C (Semestre 1)

**Responsable** Laurent Vigneron — [laurent.vigneron@univ-lorraine.fr](mailto:laurent.vigneron@univ-lorraine.fr)

• **Public** L1 MIAASH • **Effectif** 1 groupe d'une petite trentaine d'étudiant·es • **Contenu** Variables et types, conditions, boucles, fonctions, tableaux • **Participation** Partage des corrections avec mes co-chargés de TP. Corrections des rendus de TP et du projet pour mon groupe.

#### TP Programmation C (Semestre 2)

**Responsable** Armelle Brun — [armelle.brun@univ-lorraine.fr](mailto:armelle.brun@univ-lorraine.fr)

• **Public** L1 MIAASH • **Effectif** 1 groupe d'une petite trentaine d'étudiant·es • **Contenu** Fonctions, pointeurs, fichiers, tableaux, chaînes de caractères, structures • **Participation** Retours mineurs sur les supports préexistants. Participation à la mise en place de la correction de certains exercices. Petit rapport en fin de chaque séance pour relever les difficultés des étudiant·es. Participation à la surveillance et à la correction des rendus de TP et de l'examen final.

#### TP Programmation Python

**Responsable** Mathieu d'Aquin — [mathieu.daquin@univ-lorraine.fr](mailto:mathieu.daquin@univ-lorraine.fr)



• **Public** M1 SC, SDL, TAL • **Effectif** 1 groupe d'environ 25 étudiant-es • **Contenu** Types conditionnel, boucles, fonctions, recursion, error / exceptions, programmation orientée objects, fichiers, modules, packages. Outils : Google collab, Jupyterlab • **Participation** Retours sur les slides de cours et les notebook de TP fournis. Participation à la mise en place de certains exercices et corrections. Ce cours avait partiellement lieu **en anglais**.

## Traitement Automatique des Langues (10 heures)

### TD/TP Traitement automatique des langues

**Responsable** Maxime Amblard — [maxime.amblard@univ-lorraine.fr](mailto:maxime.amblard@univ-lorraine.fr)

• **Public** L2 MIAASH • **Effectif** 1 groupe d'environ 30 étudiant-es • **Contenu** théorie du langage (niveaux de Saussure), automates, expressions régulières, segmentation, reconnaissances d'entités nommées, annotation. Outils : python • **Participation** Quelques retours sur les supports existent. Mise en place de slides pour faciliter la correction de certains exercices de TD.

## Communication scientifique (5,75 heures)

### CM + TP intégré Méthodologie, $\LaTeX$ et gestion de bibliographie

**Responsables** Maxime Amblard — [maxime.amblard@univ-lorraine.fr](mailto:maxime.amblard@univ-lorraine.fr)

Miguel Couceiro — [miguel.couceiro@univ-lorraine.fr](mailto:miguel.couceiro@univ-lorraine.fr)

• **Public** M2 TAL et SC • **Effectif** un groupe d'environ 45 étudiant-es • **Contenu** le système de recherche à Nancy, en France et dans le monde, veille d'article scientifique, gestion de bibliographie, communication orale et écrite (typographie), introduction à  $\LaTeX$  et Beamer, bib $\LaTeX$ , tikz. Cours donné **en anglais**. • **Participation** Outre les grandes lignes du contenu qui m'ont été données, j'ai été en autonomie sur ce cours. J'ai pu m'inspirer des supports qui avaient été utilisés l'année précédente, tout en les remaniant.

### TP Méthodologie, $\LaTeX$ et gestion de bibliographie

**Responsable** Maxime Amblard — [maxime.amblard@univ-lorraine.fr](mailto:maxime.amblard@univ-lorraine.fr)

• **Public** M1 TAL et SC • **Effectif** un groupe d'environ 30 étudiant-es • **Contenu** Introduction à  $\LaTeX$ , gestion de la bibliographie, typographie • **Participation** De même que le cours d'avant, j'ai été en autonomie sur ce cours. J'ai donc pu réadapter une partie de mes supports de cours.

## Bureautique et recherche documentaire (127 heures)

### TP Bureautique et recherche documentaire

**Responsable** Damien Cornu — [damien.cornu@univ-lorraine.fr](mailto:damien.cornu@univ-lorraine.fr)

• **Public** DUT GBS 1A • **Effectif** 4 groupes de 20 étudiant-es • **Contenu** Traitement de texte (Libre office) et recherche documentaire sur un sujet de leur choix • **Participation** Retours sur les supports existants. Correction des rapports de la partie recherche documentaire de mon groupe.

### TP Bureautique

**Responsable** Alexandre Desforges — [alexandre.desforges@univ-lorraine.fr](mailto:alexandre.desforges@univ-lorraine.fr)

• **Public** DUT GB2A 1A • **Effectif** 8 groupes de 20 étudiant-es • **Contenu** Pour chaque groupe : 2 TP de 2h sur Powerpoint et 1 TP de 3h sur Word • **Participation** Mise en place de tutoriels pas à pas pour guider les étudiant-es pendant les sessions de TP. Correction des rendus de TP.

### TP Bureautique, vie numérique et recherche documentaire

**Responsable** Thierry Stoehr — [thierry.stoehr@u-paris.fr](mailto:thierry.stoehr@u-paris.fr)

• **Public** L1 Etudes anglophones • **Effectif** 1 groupe de 25 étudiant-es • **Contenu** Traitement de texte, tableur, présentation (Libre Office), recherche documentaire. Ce cours était effectué en **classe inversée**. • **Participation** Retour sur les supports existants, participation aux corrections des rendus.

### Tutorat Bureautique (C2i), vie numérique et recherche documentaire

**Responsable** Thierry Stoehr — [thierry.stoehr@u-paris.fr](mailto:thierry.stoehr@u-paris.fr)

• **Public** L1, toutes disciplines • **Effectif** quelques étudiant-es par session • **Contenu** Traitement de texte, tableur, présentation (Libre Office), recherche documentaire • **Participation** Retour sur les difficultés des étudiant-es.