

Partager



Email destinataire :

Vous devez renseigner un email valide

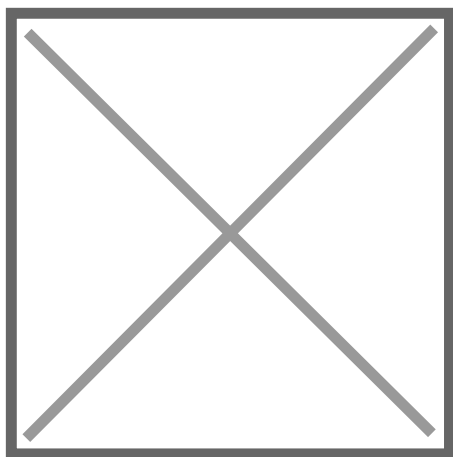
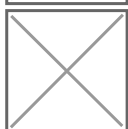
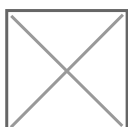
Envoyer

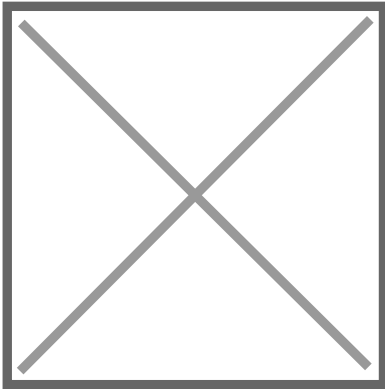
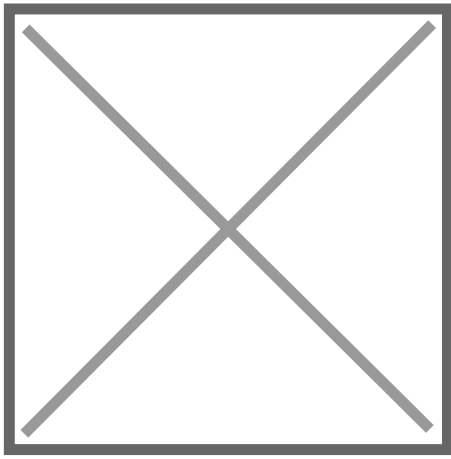
Une erreur est survenue. Merci de réessayer ultérieurement

Le mail de partage a bien été envoyé.

Ajouter au comparateur

M2 Genomics Informatics Mathematics and Artificial Intelligence for Health and Environment (GENIOMHE-AI)





Master

Mention Bio-informatique

Régime(s) d'inscription

Formation initiale Formation continue

Langue(s) d'enseignement

Anglais

Le Master GENIOMHE-AI forme des spécialistes en recherche et développement dans le domaine de la Bioinformatique pour la **génomique** et la **médecine de précision**. Cette formation permet aux étudiants de maîtriser l'**algorithmique**, divers langages et techniques de **programmation** ainsi que des techniques avancées en **science des données**, **intelligence artificielle**, **statistiques** et bases de données pour l'analyse de données massives.

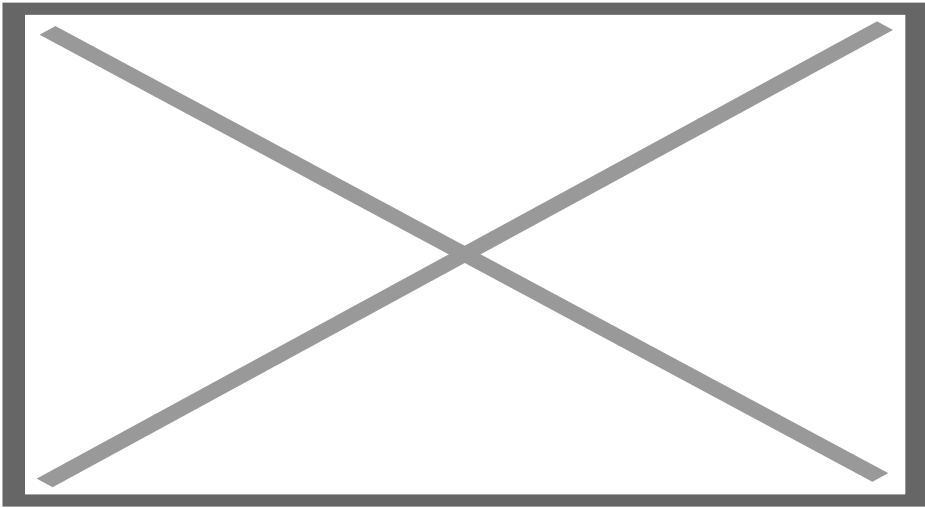
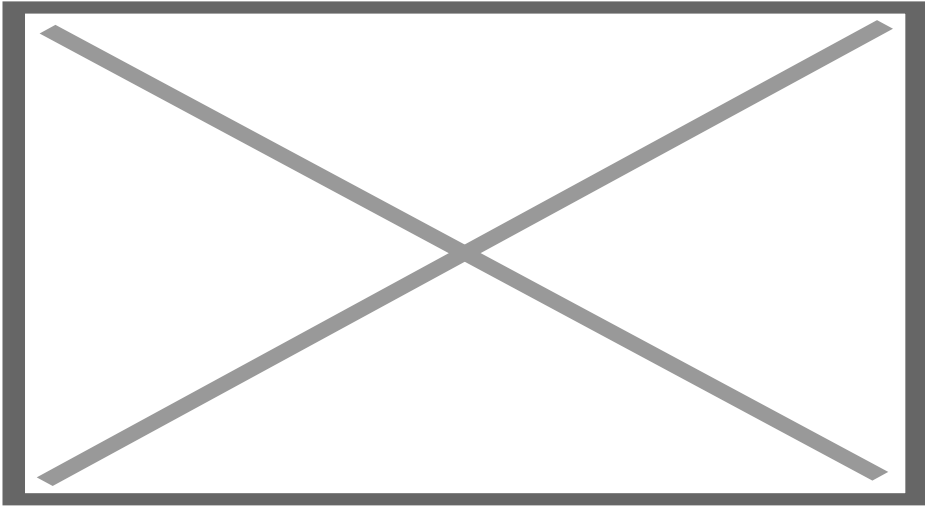
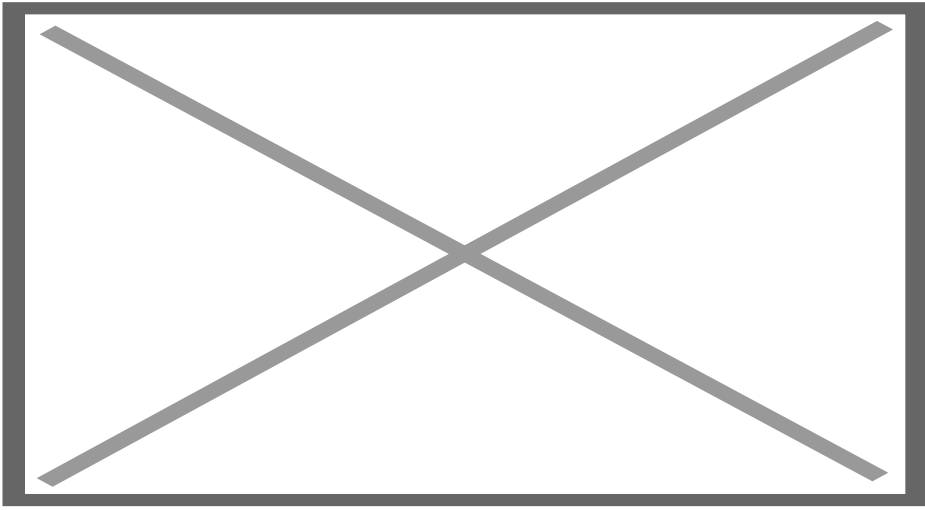
Le M2 GENIOMHE-AI se compose d'un ensemble d'UES s'organisant en plusieurs blocs : Génomique Avancée, Informatique pour le Big Data, Sciences des Données et Intelligence Artificielle pour la Médecine de Précision, et Systèmes Computationnels et Biologie Structurale. Des UEs optionnelles seront également proposées telles qu'une initiation à l'entrepreneuriat.

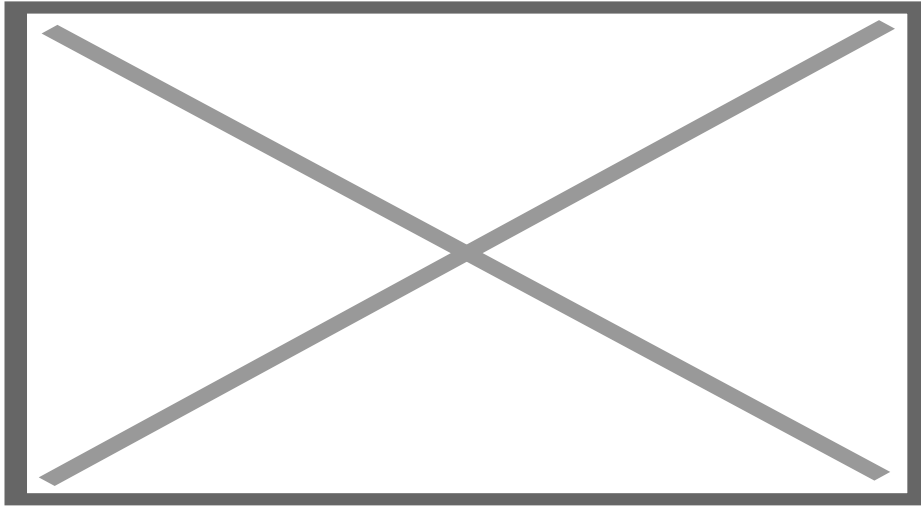
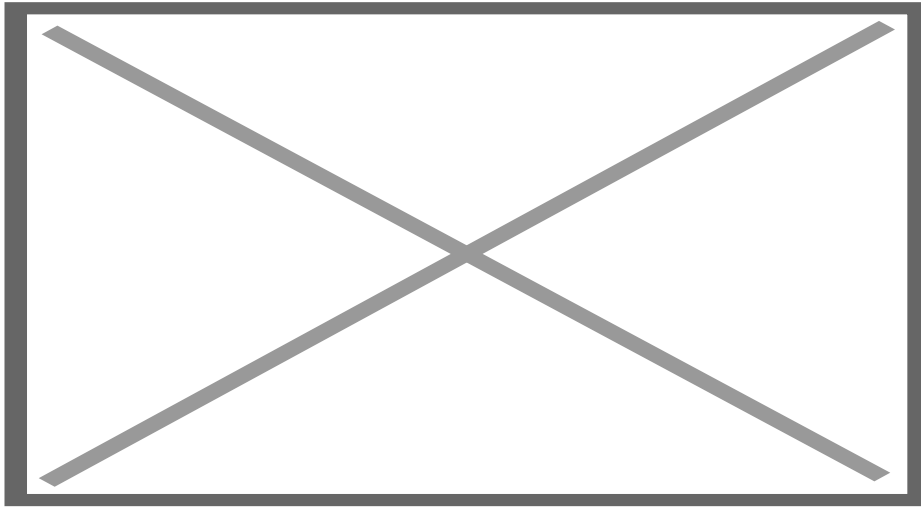
Les étudiants auront divers projets à mener, au sein de chacune des UEs et par le biais d'un travail transversal. Ils auront également la possibilité d'assister à des conférences d'ouverture.

Le second semestre de l'année scolaire (dès janvier) est consacré à un stage de 5-6 mois au sein d'un laboratoire de recherche académique ou d'une entreprise.

[Télécharger la fiche détaillée](#)

[Je candidate](#)





■ ■

Informations

- [Présentation](#)
- [Admission](#)
- [Programme](#)

Présentation

Compétences

Développer et utiliser des techniques avancées en informatique, sciences des données et intelligence artificielle pour l'analyse de données génomiques massives notamment dans le cadre de la médecine de précision.

Objectifs pédagogiques de la formation

Ce master est une formation pluridisciplinaire qui permet aux étudiants de : comprendre les enjeux complexes et diversifiés de la biologie afin de répondre aux besoins actuels de recherche et d'innovation dans la recherche académique, l'industrie des biotechnologies, l'industrie pharmaceutique et la santé ; relever les nouveaux défis liés à la médecine de précision rendue possible grâce à la production rapide et massive des données génomiques ; relever les défis de l'utilisation de l'intelligence artificielle dans les domaines de la santé ; maîtriser les techniques d'analyse et de modélisation des données biomédicales ; être autonome dans la gestion de projets de développement d'applications dans divers langages de programmation, proposer des solutions informatiques innovantes.

Débouchés

Professionnels

Après Master + Doctorat : chercheur ou enseignant-chercheur

Expert science des données

Expert en gestion de données

Gestionnaire de plateforme

Ingénieur Bioinformaticien (Recherche et Développement)

Après un Master : Data scientist

Après un Master : Spécialiste en intelligence artificielle (IA)

Ingénieur de recherche ou d'études

enseignant.e-chercheur.se (après un doctorat)

data scientist

Consultant.e

Poursuite d'études

Chercheur/chercheuse en R&D ou expert.e en modélisation et analyse de données dans des entreprises ou laboratoires de pointe.

Data Scientist, Data Analyst, Ingénieur.e en Machine Learning dans des secteurs innovants (tech, finance, santé, énergie, etc.) ;

Doctorat

Doctorat en Bioinformatique

domaines de l'apprentissage statistique, de l'intelligence artificielle ou de l'analyse de données avancée

Ingénierie études, recherche et développement
Les étudiants titulaires d'un M2 ont la possibilité de poursuivre
dans la recherche en doctorat
PhD
Poursuite en thèse en apprentissage statistique, mathématiques
appliquées ou intelligence artificielle ;
Thèse de doctorat

Agenda

Début de la formation (date indicative)

07/09/2026

Fin de la formation (date indicative)

31/08/2027

Admission

Capacité d'accueil

Places

25

Public visé et prérequis

Etudiants ayant validé un M1 de bioinformatique (M1 GENIOMHE-AI ou autre) ou un master mono-disciplinaire en informatique ou en biologie avec des compétences avérées et de réelles motivations pour la bioinformatique.

Période(s) de candidature

Plateforme Inception

Du 15/01/2026 au 15/07/2026

Pièces justificatives

Obligatoires

Lettre de motivation.

Tous les relevés de notes des années/semestres validés depuis le BAC à la date de la candidature.

Attestation de niveau d'anglais.

Fiche de choix pour poursuite en M2 à télécharger sur la page de la formation.

Curriculum Vitae.

Descriptif détaillé et volume horaire des enseignements suivis depuis le début du cursus universitaire.

Facultatives

Dossier VAPP (obligatoire pour toutes les personnes demandant une validation des acquis pour accéder à la formation) <https://www.universite-paris-saclay.fr/formation/formation-continue/validation-des-acquis-de-lexperience>.

Document justificatif des candidats exilés ayant un statut de réfugié, protection subsidiaire ou protection temporaire en France ou à l'étranger (facultatif mais recommandé, un seul document à fournir) :

- Carte de séjour mention réfugié du pays du premier asile
- OU récépissé mention réfugié du pays du premier asile
- OU document du Haut Commissariat des Nations unies pour les réfugiés reconnaissant le statut de réfugié
- OU récépissé mention réfugié délivré en France
- OU carte de séjour avec mention réfugié délivré en France
- OU document faisant état du statut de bénéficiaire de la protection subsidiaire en France ou à l'étranger.

Programme

Computational systems and structural biology

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Computational Systems Biology and Network Medicine	2.5	Semestre 1	12	12							

Computational Systems Biology and Network Medicine

ECTS : 2.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 12

Travaux dirigés : 12

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

The prerequisites for the course are a solid background in molecular and cellular biology, and a confirmed grasp of computer programming. The students are also assumed to have basic knowledge of discrete mathematics.

Programme / plan / contenus

1. Introduction to Systems Biology and Network Medicine

2. Foundations

a. Topological analysis

i. Graphs: definition and fundamental algorithms

ii. Graph measures

iii. Case studies

iv. Random networks study

b. Discrete dynamics

i. Boolean networks

ii. Petri nets

3. Applications to systems biology & tools

a. Introduction

b. Types of biological networks

i. Types and functional roles

ii. Databases

iii. Types and data acquisition

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Structural Bioinformatics and RNA world	2.5	Semestre 1	12	12							
■											

Structural Bioinformatics and RNA world

ECTS : 2.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 12

Travaux dirigés : 12

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Basics in molecular biology and in functional RNA

Basics in sequence algorithmic and machine learning.

Programme / plan / contenus

The course will cover the different bioinformatics approaches existing for RNA prediction

- RNA secondary structure prediction

- RNA complexes structure prediction

- RNA 3D structure prediction

- RNA 3D segmentation

- ncRNA prediction and classification

- Prediction of small ncRNAs (microRNA, piRNA, ...)

- Prediction of lncRNAs

Objectifs d'apprentissage

The goal of the course is to present the bioinformatics methods for the prediction of non-coding RNAs (ncRNAs), their classification and the prediction of their structures (2D and 3D), and the challenges that remain, particularly for identification at large scale.

Modalités pédagogiques particulières

A project will be proposed and evaluated, as well as a study of scientific publications.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Internship

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Internship	30	Semestre 2									
■											

Internship

ECTS : 30

Semestre calendaire : Semestre 2

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Programme / plan / contenus

Internship of 5 to 6 months in an academic research laboratory or in an entreprise.

Nature de l'évaluation

Evaluation Terminale

Advanced AI and Data Sciences for Genomics and Precision Medicine

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Advanced Deep Learning	2.5	Semestre 1	12	12							

Advanced Deep Learning

ECTS : 2.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 12

Travaux dirigés : 12

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Python

Programming

Deep learning course of M1 GENIOMHE-AI or equivalent

Programme / plan / contenus

4. Programme/Plan/Contenus

- Introduction to deep learning for precision medicine: motivation, applications, and challenges

- Advanced recurrent architectures (Transformers) and large language models (LLMs)

- Advanced computer vision architectures (ViT)

- Generative adversarial networks (GAN)

- Overview of machine learning paradigms, including multi-task, self-supervised, federated, continual, and meta-learning in the context of precision medicine applications.

Objectifs d'apprentissage

This course explores further the recent developments of AI and deep learning.

Students will also have the opportunity to explore advanced model architectures such as transformers and diffusion models, which constitute the foundation of many state-of-the-art systems, including modern conversational agents like ChatGPT and scientific breakthroughs such as AlphaFold. The course will also cover advanced learning paradigms, including multi-task, continual, and meta-learning, and show how these approaches can be applied to real problems in precision medicine.

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
<u>Statistics and statistical learning</u>	2.5	Semestre 1	12	12							

Statistics and statistical learning

ECTS : 2.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 12

Travaux dirigés : 12

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Basic Knowledge in Probability, Descriptive Statistics, Sampling and Hypothesis Testing, R programming.

Programme / plan / contenus

This UE is composed of three parts which revolve around the quantitative

analysis of gene expression : 1. A first part on the statistical methods

for gene expression data analysis 2. A second part on Bayesian networks

3. A third part on information-based methods for experimental design and statistical learning.

Contenu :

- Microarray and RNA-seq technologies
 - gene expression Data : large Data with high fluctuations
 - statistical Methods for differential analysis of gene expression Data
 - clustering and statistical Methods for coexpressed genes Identification
 - statistical Methods for inference of gene regulatory network
 - bayesian reasoning : Principles and difficulties
 - definition and properties of The bayesian Networks
 - exact and approximate inference
 - designing and learning a network
- /* JC */
- bayesian classification
 - information measures, entropy, application to experimental design
 - information-based tree learning algorithms

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Reinforcement Learning	2	Semestre 1	9	9							

Reinforcement Learning

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 9

Travaux dirigés : 9

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

- Knowledge of Python
- Understanding of probability
- Basic notions of deep learning

Programme / plan / contenus

Session 1: Introduction to Reinforcement Learning

- What is RL?
 - Differences between RL, supervised learning, and unsupervised learning
 - Applications and use cases
- Basic terminology and notation
- Markov Decision Processes (MDPs)
 - Formal framework of RL
 - States, actions, rewards, and transition dynamics
 - Policy and value functions
- Dynamic programming concepts
- Policy evaluation and improvement
- Policy iteration
- Value iteration

Session 2: Tabular Methods

- Monte Carlo methods
- Monte Carlo prediction and control
- Exploration and initial visit
- Episodic tasks
 - Temporal difference (TD) learning
 - SARSA and Q-learning
- On-policy vs. off-policy learning
- Bootstrapping

Session 3: Function approximation

- Linear approximation
- Gradient descent methods
- Policy gradient methods
 - REINFORCE algorithm

Project and Conferences

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Transversal Project	2	Semestre 1		33							

Transversal Project

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Travaux dirigés : 33

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Programme / plan / contenus

The course outline for the available data assigned:

- identify the type of data / consider biological questions / choice of the right software to answer biological questions and/or necessary developments (if development is required, criteria for validating the method (quality controls) and estimation of the time needed for development)

- Descriptive statistics of the available data

- Analysis strategies / description of tasks to be performed

- Validation criteria / results / giving biological meaning to the results obtained / discussion (limitations, additional analyses with planned protocols, etc.)

- Reporting (strategies, scripts, available/processed data, results obtained/quality of analysis and reflection)

Objectifs d'apprentissage

An interdisciplinary project which will allow the students to understand the place of digital technologies in the processing and interpretation of generated data to address biological problems.

Modalités pédagogiques particulières

Students will be evaluated through reports (Mini preview, logbook), ability to communicate/work together and interact with the tutor, and oral presentation

Compétences

Compétence 1.1

Formuler des problématiques et des hypothèses de travail permettant la conception et la réalisation d'un projet dans son domaine d'expertise et /ou à l'interface de plusieurs domaines en biologie.

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Conferences	0.5	Semestre 1		9							
■											

Conferences

ECTS : 0.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Travaux dirigés : 9

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Objectifs d'apprentissage

his module aims to consolidate the professional project of our students, giving them a broad view by offering conferences series, meetings and debates with professionals and researchers in the areas of bioinformatics and biotechnology.

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue Intégrale

Advanced Computing for Big Data

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Data Integration and Big Data	2	Semestre 1	9	9							

Data Integration and Big Data

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 9

Travaux dirigés : 9

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Programming langage

Algorithmic

Databases

Programme / plan / contenus

Tutorial course 1 : Introduction to Big Data and Cloud Computing

Tutorial course 2: Introduction to NoSQL databases and data integration

Tutorial course 3: Introduction to Map Reduce and Spark

Directed work course 1: Docker containerization and MangoDB NoQL Database

Directed work course 2: Hadoop Map Reduce

Directed work course 3: Spark

Objectifs d'apprentissage

Understanding biological processes requires storing, accessing and processing many complex and more and more large scale datasets. These data are usually heterogeneous generated by humans, machines (imaging systems, sequencing systems, etc.) or by programs (simulations tools). In parallel, computer science has made significant progress in developing new methods, models and technologies to storing, integrating and processing big heterogeneous data in the Cloud Computing. It is of the benefit of modern biology to be able to use these concepts and tools to achieve its need in term of integration and processing of large amounts of heterogeneous data, with different formats and semantics, and manipulate them through complex workflows.

The objective of this course is to introduce the main concepts of Big Data, Cloud Computing, Containerization as well as Big Data tools such as NoSQL, Hadoop and

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
<u>Advanced Programming</u>	2.5	Semestre 1	15	15							

Advanced Programming

ECTS : 2.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 15

Travaux dirigés : 15

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Basics in programming

Programme / plan / contenus

The first part of the course will provide a solid foundation in fundamental C programming concepts, including data types, control structures, functions, and arrays. It progresses to more advanced topics such as pointers, dynamic memory management, structures, and linked lists, preparing students to design and implement efficient, low-level data structures.

The second part will focus how to design and build a scalable application to launch or use many external components at the same time to be efficient. This design must be flexible to accept, to grow up, with all new breakthrough in Health.

- We will see the Domain Driven Design and the software Hexagonal Architecture to design a scalable application. And all the automatization to build a robust and reactive application.

- Feedback and theory on the application of the agile framework for the construction, management and maintainability of a code developed in team and in the long term.

The third part will provide minimum theoretical foundations for developing algorithms in a context of massively distributed architectures. This will include the different types of parallel architectures (including GPU), the parallel programming models. Then will be shown aspects of concurrent programming and distributed programming, and programming with GPUs. The theory is then put into practice by implementing different parallel and distributed algorithms in C / C ++ using common tools such as POSIX threads, OpenMP and MPI.

Objectifs d'apprentissage

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Advanced Algorithmic and Combinatorial Optimization	2.5	Semestre 1	12	12							
■											

Advanced Algorithmic and Combinatorial Optimization

ECTS : 2.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 12

Travaux dirigés : 12

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Basic knowledge in graphs, computational complexity and algorithmics.

Programme / plan / contenus

Algorithmic techniques useful when dealing with NP-hard combinatorial optimization problems.

- approximation algorithms (vertex cover problem)
- integer programming
- randomized algorithms
- multicriteria optimization (Pareto front)
- metaheuristics (genetic algorithms, tabu search).

Nature de l'évaluation

Evaluation Continue non Intégrale

Advanced genomics

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Advanced Functional Genomics	2.5	Semestre 1	15	7.5							

Advanced Functional Genomics

ECTS : 2.5

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 15

Travaux dirigés : 7.5

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Programme / plan / contenus

At the end of this course, the students will be able to

- Enumerate and differentiate large-scale sequencing technology driven-approaches, i.e. RNA-seq, ChIP-seq, Cut&tag, Cut&Run, Methyl-seq, WGBS, ATAC-seq, Hi-C

- Specify the distinct steps of the analysis workflows from raw data to pathway analysis (read mapping strategies, transcript assembly, data normalization, isoform-specific or differential gene expression analysis) for both quantitative and qualitative analysis of transcriptomic data

- Understand the limits of bulk RNAseq in regard to Single-cell approach

- Describe the principle of data production and analysis of ChIP-seq from peak calling to data visualization

- Explain the methods of data exploration: common tools of genes &/or samples classification and functional annotation

- Determine which technology to use among a broad spectrum of functional genomics methods to address specific biological questions

- Interpret results of the high-throughput data in a scientifically stringent manner

- Enumerate applications of these sequencing data in health and precision medicine

Objectifs d'apprentissage

This course provides a thorough knowledge of functional genomic technologies to study distinct levels of gene regulation: transcriptomic, epigenomic & dynamic of chromatin structure.

It will train student to extract pertinent data from

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Metagenomics and Multiomics for microbiome studies	2	Semestre 1	9	12							

Metagenomics and Multiomics for microbiome studies

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 9

Travaux dirigés : 12

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Microbiology, Molecular biology, genetics, Bioinformatics, Biostatistics.

Programme / plan / contenus

Metagenomics, also known as ecogenomics, is founded on the genomic analysis of complex microbial communities directly extracted from diverse environments such as natural and polluted waters, marine ecosystems, and the digestive tract. This approach enables a comprehensive understanding of the composition and dynamics of microbial communities, as well as their interactions with each other and with their environments, without relying on traditional cultivation techniques.

Bioinformaticians will explore the various approaches used in metagenomic sequence analysis, including sequence alignment, assembly, taxonomic identification, phylogenetic reconstruction, and functional gene screening and annotation in environmental samples. By mining metagenomes for gene discovery, researchers can expand our understanding of microbial metabolism and diversity, identify novel enzymes, and investigate their evolutionary relationships. Finally, the industrial and biotechnological applications of metagenomics will also be discussed.

Objectifs d'apprentissage

The objectives of this UE are to provide the students an insight of complex microbial communities in terms of phylogeny and metabolic diversity using bioinformatics and statistical analysis of high throughput sequencing of metagenomes.

Compétences

Microbiology, metabolism, Molecular biology, Bioinformatics, Biostatistics

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
<u>Comparative Genomics</u>	2	Semestre 1	9	9							

Comparative Genomics

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 9

Travaux dirigés : 9

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

The prerequisites are general concepts in structural genomics and evolution, and concepts covered in the first year of the Master's program (M1) regarding bioinformatics tools. Unix/Linux concepts and utility filters.

Programme / plan / contenus

The course outline:

- Basic evolutionary principles
- Scales of comparison
- Comparison of genomic data and characteristics
- Parameters Ks and Ka

Two main themes will be addressed as examples:

- Evolution of duplicated genes
- Evolution of transposable elements

Directed work:

- Critical analysis of bioinformatics articles and protocols
- Implementation of a bioinformatics protocol for determining duplicated genes in a plant genome
- Examples of studies on transposable elements (distribution analysis, elements in the vicinity of genes...).

Objectifs d'apprentissage

The course addresses the questions posed in comparative genomics and the different scales of study. The objectives are to determine which characteristics of the genomes are being compared and what data enables these comparisons. The course also aims to develop the ability to interpret the results.

Organisation générale et modalités pédagogiques

Optional/Opening Units

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
Data Camp	2	Semestre 1	20		10						

Data Camp

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 20

Travaux pratiques : 10

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

Une bonne connaissance de python et de l'écosystème de calcul scientifique en python est requise (numpy, scipy, scikit-learn). Une connaissance des bases de l'apprentissage automatique et des algorithmes de classification est aussi nécessaires.

Programme / plan / contenus

Jour 1 : Préparation et manipulation des données

- * Introduction du workflow (VSCode, Python, git, GitHub, tests, ...)
- * Cours avancé sur Pandas
- * Exercices GitHub : NumPy et Pandas

Jour 2 : Pipelines de ML et évaluation de modèles

- * Scikit-learn avancé : ColumnTransformer et pipelines
- * Traitement parallèle avec joblib
- * Généralisation et validation croisée
- * Exercices sur scikit-learn
- * Introduction à CodaLab et présentation des challenges

Jour 3 : Métriques et gestion des données déséquilibrées

- * Présentation des différentes métriques de ML
- * Problèmes liés aux métriques avec des données déséquilibrées
- * Approches d'apprentissage automatique pour traiter les jeux de données déséquilibrés
- * Travail sur les challenges de données

Jour 4 : Données complexes

- * Feature engineering et encodage avancé des variables catégorielles
- * Travailler sur des séries temporelles et du signal
- * Inspection des modèles : Partial Dependence Plots, Feature Importance
- * Travailler sur un data challenge

[illegible]

Introduction to Entrepreneurship: Creat Your Deeptech Startup

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

No prerequisites, but this course unit is designed for students potentially interested in entrepreneurship (without the prerequisite of having a business project) or who want to explore whether becoming an entrepreneur would be right for them.

Programme / plan / contenus

This course will cover the key elements of a deeptech entrepreneurial project, detailing each of the essential building blocks for creating a business:

- Introduction: myth and reality of entrepreneurship, the entrepreneur profile, specific characteristics of deeptech entrepreneurship

Presentation of Genopole and the Shaker business creation support program

- Proof of concept (POC)

- Market research

- Business plan

- Sources of funding

- Legal and administrative aspects

- HR, partner search, management

- Intellectual property

- Moving from research to commercialization: the connections?

- Marketing/communication

- Business development, partnerships with large corporations

Objectifs d'apprentissage

Matières	ECTS	Semestre	Cours	TD	TP	Cours- TD	Cours- TP	TD- TP	A distance	Projet	Tutorat
<u>Computational DNA nanotechnology</u>	2	Semestre 1	18								

Computational DNA nanotechnology

ECTS : 2

Semestre calendaire : Semestre 1

Détail du volume horaire

Cours magistraux : 18

Langue d'enseignement

Anglais

Enseignement à distance

non

Prérequis

1. **basics of computer science (complexity, automata theory, langage theory)**
2. **basics of the biology of DNA**

Programme / plan / contenus

1. **Presentation of DNA self-assembly, theory and experiments.**
2. **Biomedical applications of DNA self-assembly : reading and discussion.**
3. **Supervised project on the design of a DNA origami.**

Objectifs d'apprentissage

1. **Understand the basic principles of DNA self-assembly and DNA computing.**
2. **Understand basic applications of DNA nanotechnology in biology and medicine.**
3. **Learn how to design basic DNA nanostructures.**

Organisation générale et modalités pédagogiques

This class starts by a brief presentation of the computational aspects of DNA self-assembly and the experimental technique of DNA origami. This presentation is followed by a reading session in which the students are encouraged to present their favorite aspects in detail to their peers. The class ends with a practical assignment in the DNA origami design software <https://www.ens-lyon.fr/ensnano/>, in which the students are encouraged to design a shape having a high probability of folding in a test tube.

Compétences

Compétence 1.1

Formuler des problématiques et des hypothèses de travail permettant la conception et la réalisation d'un projet dans son domaine d'expertise et /ou à

Lieu(x) d'enseignement

EVRY

Contact(s)

- **Fariza TAHI**

PR

<http://www.universite-paris-saclay.fr/formation/master/bio-informatique/m2-genomics-informatics-mathematics-and-artificial-intelligence-health-and-environment-geniomhe-ai>