

Morgane PIERRE-JEAN

Formation

- 2013–2016 **Thèse : Développement de méthodes statistiques pour l'analyse du nombre de copies d'ADN en cancérologie**, *Sous la direction de Catherine Matias et Pierre Neuvial*, Université d'Evry Val d'Essonne, Laboratoire de Mathématique et de Modélisation d'Evry. Soutenue le 2 Décembre 2016
- Mots clés** : Méthodes de segmentation, fused lasso, programmation dynamique, méthodes à noyau, évaluation des performances, factorisation matricielle, cancer
- Rapporteurs** : Anne-Laure Boulesteix, Nancy Zhang, Jean-Philippe Vert
- Examineurs** : Guillemette Marot, Cyril Dalmasso, François Radvanyi
- 2011–2012 **Master 2, (Mention Bien) Spécialité : Statistique Mathématique, Double diplôme cohabilité avec l'ENSAI**, Université de Rennes 1, Rennes, France.
Graduation : 2012
- 2009–2012 **Diplôme d'ingénieur, (Mention Bien) Spécialité : Biostatistique**, ENSAI : Ecole Nationale de la Statistique et de l'Analyse de l'Information, Rennes (Bruz), France.
Graduation : 2012
- 2006–2009 **Licence de mathématiques, (Mention TB)**, Université de Rennes 1, Rennes, France.
Graduation : 2009

Expérience professionnelle

- 2012–2013 **Ingénieur de recherche**, Université de Lille 2, Lille, Collaboration avec Alain Céliste, Guillemette Marot et Guillem Rigaill.
Détection de ruptures à partir de méthodes à noyau
- Été 2011 **Stage d'application en statistiques**, OPTUMInsigh, Uxbridge (UK).
Etude coût-efficacité d'un traitement

Packages R

- Jan. 2013 **Package R jointseg**, *Ce package implémente des fonctions pour segmenter des signaux multivariés constants par morceaux et un cadre de simulation réaliste pour générer des profils de nombre de copies d'ADN. Une application est la segmentation jointe du nombre de copies d'ADN et des ratios alléliques provenant des puces SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) dans le cadre des cancers.*, <https://github.com/mpierrejean/jointSeg>.
- Jan. 2013 **Package R acnr**, *Ce package les données utilisées pour générer les profils simulé*, <https://github.com/mpierrejean/acnr>.

Informatique

Général Latex, Word, Excel, PowerPoint
Statistique R, WINBugs, SAS
Programmation Python, C

Langues

Français **Langue maternelle**

Anglais **Avancé**

TOEIC 755/990 Mai 2010

Espagnol **Notions**

Italien **Notions**

LPC **Langage Parlé Complété**

Système de communication pour les personnes mal-entendantes

Encadrement

11 semaines (2016) **Jimmy Carrillo**, *Developpement d'un pipeline pour l'estimation du nombre de copies d'ADN à partir des données de Whole Exome Sequencing*, Master 1 GENHIOME, Université d'Evry.

Teaching

- 2014-2016 **Modélisation Statistique (32h/an)**, *Statistiques descriptives, Maximum de vraisemblance, Estimation, Intervalles de confiance, Tests, initiation au langage R*, 1^{ère} année d'école d'ingénieur, ENSIIE.
Evry
- 2013-2015 **Démarche Statistique 1 (16h/an)**, *Statistiques descriptives, Tests, initiation au langage R*, Master 1 mention SGO, Université d'Evry.
- 2013-2015 **Démarche Statistique 2 (12h/an)**, *Tests, Modèles linéaires*, Master 1 mention SGO, Université d'Evry.
- 2013-2014 **Probabilité et Statistique (38h)**, *Rappels de probabilité, variables aléatoires réelles, lois continues*, Licence 2 mention Informatique, Université d'Evry.
- Janvier 2013 **Bases statistiques pour la biologie - Initiation à R (16h)**, *Tests, initiation au langage R*, Formation doctorale, Université d'Evry.