
Email : thomas.steimle@gmail.com | ORCID : [0000-0001-6019-7288](https://orcid.org/0000-0001-6019-7288) | Website : <https://github.com/Dr-TSteimle>
Hôpital Necker Enfants Malades – Laboratoire d’Onco-Hématologie Tour Pasteur – 149 rue de Sèvres 75015 Paris

Parcours Professionnel

2022 – act. **Doctorant**, TAGC Inserm U1090 (Marseille), Hématopoïèse normale et pathologique Inserm U1151 (Paris)
2018 – 2022 **Assistant des Hôpitaux**, Hôpital Necker Enfants Malades (Paris), Laboratoire d’Onco-Hématologie
2016 – 2018 **Assistant Spécialiste**, Institut Gustave Roussy (Villejuif), Laboratoire d’Hématologie
2012 – 2016 **Interne en Biologie Médicale**, Hôpital Universitaire du Bocage (Dijon)
2009 – 2012 **Externe en Médecine et Aide-Soignant**, Hôpitaux Universitaires de Strasbourg

Cursus Universitaire et Diplômes

2022 – act. **PhD en Biosciences et Bioinformatique**, TAGC Inserm U1090 (Marseille), Hématopoïèse normale et pathologique Inserm U1151 (Paris) “*Integrative genomics to unravel meaningful and targetable regulatory pathways for personalized treatment of t-cell acute lymphoblastic leukemia.*”
2019 – 2020 **Master de Sciences, Technologies, Santé**, Mention Biologie-Santé, Parcours type Cancérologie (Université Paris-Saclay)
2012 – 2016 **Diplôme d’État de docteur en médecine** (Université de Dijon), Thèse d’exercice : “*Identification de mutations ponctuelles dans les lymphomes B diffus à grandes cellules.*”
2012 – 2016 **Diplôme d’études Spécialisées de Biologie Médicale option Biologie Spécialisée en Hématologie** (Université de Dijon)
2014 – 2015 **Diplôme Universitaire** Cytologie hématologique (laboratoire d’hématologie EFS, Université de Besançon)
2013 – 2014 **Diplôme Universitaire** Formation aux normes de qualité en vigueur applicables aux laboratoires de biologie médicale (Sorbonne Université Campus Pierre et Marie Curie)


Bourse



2022 – act. **Poste de thèse pour internes et assistants**, Fondation pour la Recherche Médicale (FRM). “*Integrative genomics to unravel meaningful and targetable regulatory pathways for personalized treatment of t-cell acute lymphoblastic leukemia.*”

Enseignements Universitaires


2019 – 2022 **Enseignements dirigés d’hématologie**, étudiants en deuxième cycle d’études médicales de l’Université de Paris.
2018 – 2022 **Cours aux externes** accueillis au laboratoire d’onco-hématologie de Necker.

Publications

2022 **Thomas Steimlé**, Marie-Emilie Dourthe, Marion Alcantara, Aurore Touzart, Mathieu Simonin, Johanna Mondesir, Jonathan Bond, Carlos Graux, Nathalie Gardel, Jean-Michel Cayuela, Isabelle Arnoux, Virginie Gandemer, Marie Balsat, Norbert Vey, Elizabeth Macintyre, Norbert Ifrah, Hervé Dombret, Arnaud Petit, André Baruchel, Philippe Ruminy, Nicolas Boissel & Vahid Asnafi. Clinico-biological features of T-cell acute lymphoblastic leukemia with fusion proteins *Blood Cancer Journal*. doi :[10.1038/s41408-022-00613-9](https://doi.org/10.1038/s41408-022-00613-9) 

- 2022 Estelle Balducci, Sophie Kaltenbach, Patrick Villarese, Eugénie Duroyon, Loria Zalmi, Chloé Friedrich, Felipe Suarez, Ambroise Marcais, Didier Bouscary, Justine Decroocq, Rudy Birsén, Michaëla Fontenay, Marie Templé, Chantal Brouzes, Aurore Touzart, **Thomas Steimlé**, Agata Cieslak, Ludovic Lhermitte, Carole Almire, Nicolas Chapuis, Olivier Hermine, Vahid Asnafi, Olivier Kosmider & Lucile Couronné. Pooch : A friend to fetch your data files. *Blood Cancer Journal*. doi :[10.1038/s41408-022-00718-1](https://doi.org/10.1038/s41408-022-00718-1) 
- 2021 Nabih Maslah, Mehdi Latiri, Vahid Asnafi, Mélanie Féroul, Nawel Bedjaoui, **Thomas Steimlé**, Emmanuelle Six, Els Verhoyen, Elizabeth Macintyre, Chantal Lagresle-Peyrou, Guillaume P. Andrieu. Adenylate kinase 2 expression and addiction in T-ALL *Blood Advances*. doi :[10.1182/bloodadvances.2020002700](https://doi.org/10.1182/bloodadvances.2020002700) 

Open Science

- 2023 **SV Finder** |  [github.com/https://github.com/Dr-TSteimle/sv-finder](https://github.com/Dr-TSteimle/sv-finder)
Logiciel de détection et de caractérisation des variants structuraux dans des données de séquençage massif en parallèle.

Langues

Anglais	scientifique, médical, avancé (C2)
Allemand	scolaire (B2)
Espagnol	scolaire (B1)