

# JULIEN CHIQUET

## DOSSIER SCIENTIFIQUE

dernière révision datant du 9 octobre 2018

## TABLE DES MATIÈRES

<b>1</b>	<b>Curriculum Vitæ</b>	<b>2</b>
1.1	Julien Chiquet . . . . .	2
1.2	Bilan des activités . . . . .	2
1.3	Parcours professionnel . . . . .	2
1.4	Cursus universitaire . . . . .	2
<b>2</b>	<b>Activités scientifiques</b>	<b>3</b>
2.1	Participation à des projets financés . . . . .	3
2.1.1	Projets en cours . . . . .	3
2.1.2	Passés . . . . .	3
2.2	Animation et Valorisation . . . . .	4
2.2.1	Groupes de travail actuels . . . . .	4
2.2.2	Manifestations . . . . .	5
2.3	Participation à la vie collective . . . . .	5
2.4	Encadrement . . . . .	6
2.4.1	Thèses et Post-doc – En cours . . . . .	6
2.4.2	Thèses et Post-doc – Passés . . . . .	6
2.4.3	Masters – En cours . . . . .	6
2.4.4	Masters – Passés . . . . .	7
2.5	Activités d'enseignements . . . . .	8
<b>3</b>	<b>Production scientifique</b>	<b>9</b>
3.1	Articles et communications écrites . . . . .	9
3.1.1	Prépublications . . . . .	9
3.1.2	Revue internationale à comité de lecture . . . . .	9
3.1.3	Chapitres d'ouvrages . . . . .	10
3.1.4	Articles de vulgarisation . . . . .	10
3.1.5	Rapports techniques . . . . .	11
3.1.6	Mémoires de thèse . . . . .	11
3.2	Conférences et communications orales . . . . .	11
3.2.1	Conférences internationales avec actes . . . . .	11
3.2.2	Conférences nationales avec actes . . . . .	12
3.2.3	Conférences en tant qu'invité . . . . .	13
3.2.4	École chercheurs et tutoriaux . . . . .	13
3.2.5	Séminaires et Communication Orales sans actes . . . . .	14
3.3	Logiciels . . . . .	14

# CURRICULUM VITÆ

## JULIEN CHIQUET

Né le 26 Juillet 1980

Nationalité française

Marié, 2 enfants

☎ 01.44.08.16.74

✉ [julien.chiquet@inra.fr](mailto:julien.chiquet@inra.fr)

<http://julien.cremeriefamily.info>

CHARGÉ DE RECHERCHE, HDR

Institut National de la Recherche en Agronomie

MIA Paris

UMR 518 AgroParisTech/INRA

16, rue Claude Bernard

75231 Paris Cedex 05, France

## BILAN DES ACTIVITÉS

Recherche	APPRENTISSAGE STATISTIQUES, BIOLOGIE COMPUTATIONNELLE
thèmes	méthodes parcimonieuses et régularisation · analyse multivariée · modèle graphiques gaussiens · analyse de données omics de grande dimension · réseaux biologique · applications en génétique, génomique et écologie
production	20 articles de journaux, 5 chapitres de livre, 9 packages R maintenus, 2 prépublications
doctorants	4 en cours (3 x 50%, 1 x 25%), 4 passés
Enseignement	MODÈLES STATISTIQUES, ANALYSE DE DONNÉES, ANALYSE NUMÉRIQUE ≈ 1500 UTD en LMD départements de mathématiques, de biologie et d'informatique.
Lieux	Université d'Évry, École Nationale Supérieure d'Informatique pour l'Industrie et l'Entreprise (ENSIIE), Université de Technologie de Compiègne (UTC), École Nationale de la Statistique et de l'Analyse de l'Information (ENSAI), AgroParisTech, Université Paris Dauphine

## PARCOURS PROFESSIONNEL

depuis 2016	CHARGÉ DE RECHERCHE 1 <sup>RE</sup> CLASSE INRA Département de Mathématiques et Informatiques appliquées (MIA) MIA Paris, UMR 518 INRA/AgroParisTech
2012 – 2015	ACCUEIL EN DÉLÉGATION INRA (3 ans) MIA Paris, UMR 518 INRA/AgroParisTech
2008 – 2015	MAÎTRE DE CONFÉRENCES (26 <sup>e</sup> section) UMR 8071 Statistique & Génome, Université d'Évry
2006 – 2008	ATTACHÉ TEMPORAIRE D'ENSEIGNEMENT ET DE RECHERCHE Université de Technologie de Compiègne, Université d'Évry
2003 – 2006	ALLOCATAIRE DE RECHERCHE Commissariat à l'Énergie Atomique Saclay

## CURSUS UNIVERSITAIRE

2015	HABILITATION À DIRIGER LES RECHERCHES, MATHÉMATIQUES
Intitulé	« Contributions to sparse methods for complex data analysis »
Rapporteurs	A. d'Aspremont (DR CNRS, ENS), A. Dalalyan (PR, ENSAE), J.-P. Vert (DR Mines ParisTech/Institut Curie)
2003–2007	DOCTORAT EN MATHÉMATIQUES APPLIQUÉES
Intitulé	« Modélisation et estimation des processus de dégradation avec application en fiabilité des structures »
Lieu	Commissariat à l'Énergie Atomique, Saclay
Directeur	Nikolaos Limnios (PR Université de Technologie de Compiègne)
2003	M.S. TECHNOLOGIES DE L'INFORMATION, Université de Technologie de Compiègne
2003	INGÉNIEUR GÉNIE INFORMATIQUE, Université de Technologie de Compiègne

# ACTIVITÉS SCIENTIFIQUES

## PARTICIPATION À DES PROJETS FINANCÉS

### PROJETS EN COURS

2019–2022	ECONET – ADVANCED STATISTICAL MODELLING OF ECOLOGICAL NETWORKS
<i>Coordinateur</i>	Catherine Matias (DR CNRS, LPMA)
<i>Partenaires</i>	MIAP, LPMA, LBBE, ISEM IEES-MNHN, EEP
<i>Financement</i>	Agence Nationale pour la Recherche (ANR)
<i>participation</i>	8 mois
2018–2021	NEXT GENERATION BIOMONITORING OF CHANGE IN ECOSYSTEMS STRUCTURE AND FUNCTION
<i>Coordinateur</i>	David Bohan (DR Inra, Dijon)
<i>Partenaires</i>	MIAP, UMR AgroÉcologie, UMR EEP, UMR BIoGeCo, Imperial College, Cirad, UMR CEFE, UMR IGEP
<i>Financement</i>	Agence Nationale pour la Recherche (ANR)
<i>participation</i>	4.8 mois
2018–2019	KINETICKS – Network and modelling analyses to describe the dynamics of Ixodes ricinus microbiome and its influence in pathogen evolution
<i>Coordinateur</i>	Thomas Pollet (CR, BIPAR), <b>Julien Chiquet</b> (CR, MIAP), Béatrice Laroche (DR, MaIAGE)
<i>Financement</i>	Métaprogramme MEM (Méta-omiques et écosystèmes microbiens, Inra)
<i>participation</i>	3.8 mois
2017–2019	SEARS – STRATÉGIES D'ÉCHANTILLONNAGE ET ANALYSE DES RÉSEAUX D'APPROVISIONNEMENT EN SEMENCES
<i>Coordinateur</i>	Mathieu Thomas, (CR Cirad, AGAP)
<i>Financement</i>	MP GloFoods
<i>participation</i>	1 mois
2016–2018	LEARNBIOCONTROL : LEARNING ECOLOGICAL NETWORKS FROM METABARCODING DATA : APPLICATION TO BIOLOGICAL CONTROL
<i>Coordinateur</i>	Corinne Vacher (DR Inra, Bordeaux)
<i>Partenaires</i>	UMR MIAP, UMR BIoGeCo, Imperial College
<i>Financement</i>	MP MEM (Inra)
<i>participation</i>	1.5 mois
2016–2018	BRASSICADIV-PATHO : Microbial diversity and microbial networks associated to Brassica napus and its pathogens
<i>Coordinateur</i>	Christophe Mougel (DR Inra, Rennes), Thierry Candresse (DR Inra, Bordeaux)
<i>Partenaires</i>	UMR IGEPP, UMR BFP, UMR BioGeCo, UMR EPGV, UMR BioGer
<i>Financement</i>	Métaprogramme MEM (Méta-omiques et écosystèmes microbiens, Inra)
<i>participation</i>	1.5 mois

### PASSÉS

2016–2018	LIONS – Large-scale Integrative approach to unravel the complex relationships between differentiation and tumorigenesis
<i>Coordinateur</i>	Mohamed ELATI, MCF, Université d'Évry Val-d'Essonne
<i>Partenaires</i>	IGMM/IBC, MAP5, iSSB Évry, Institut Curie, University of York
<i>Financement</i>	Plan Cancer 2015 Inserm
2015–2018	HYDROGEN – Comparative Metagenomic for Measuring Biodiversity, Application to Ocean Life Studies
<i>Coordinateur</i>	Dominique Lavenier, DR CNRS, INRIA Rennes
<i>Partenaires</i>	UMR MIAP, CEA-CNS-LABIS, Inria-Genscale
<i>Financement</i>	Agence Nationale pour la Recherche (ANR)

2012–2016	ABS4NGS – Algorithmic, Bioinformatic and Software solutions for the analysis of Next Generation Sequencing data
<i>Coordinateur</i>	Institut Curie
<i>web</i>	<a href="https://sites.google.com/site/abs4ngs/">https://sites.google.com/site/abs4ngs/</a>
<i>Financement</i>	Investissement d’avenir
2014–2016	AREA – Analyse de la Réponse Evolutive des Arbres forestiers tropicaux dans l’environnement, approche génomique et métabolomique
<i>Coordinateur</i>	Grégory Genta-Gouve, MCF, Paris 5
<i>Partenaires</i>	UMR MIAP ; UMR EcoFoG ; UMR 8638 (CNRS/P5)
<i>Financement</i>	Défi CNRS « Enviromics »
2015–2016	BEFAST – Deriving Better learning procedures from FASTer algorithms to deal with a huge amount of Data
<i>Coordinateur</i>	Alain Célisse, MCF, University Lille 1
<i>Financement</i>	PEPS CNRS Fascido
2013–2015	REG4SEL – Regularized methods for Genomic Selection
<i>Coordinateur</i>	Tristan Mary-Huard, CR INRA/AgroParisTech
<i>Financement</i>	SelGen/Institut National de la Recherche en Agronomie (INRA)
<i>Partenaires</i>	UMR MIAP, UMR Le Moulon, GABI
2013–2014	ENORM – Enumeration of Near-Optimal Regulation Misbehaviours
<i>Coordinateur</i>	Étienne Birmelé, PR University Paris 5
<i>Financement</i>	PEPS CNRS
2011–2015	PLOID-PLOID WHEAT – Unraveling bases of polyploidy and aneuploidy responses in flowering plants, using the wheat ploid model
<i>Coordinateur</i>	Boulos Chaloub, DR INRA
<i>Financement</i>	Agence Nationale pour la Recherche (ANR)
2009–2011	NEMO – Network Motif in Biological Network
<i>Coordinateur</i>	Stéphane Robin, DR INRA/AgroParisTech
<i>Financement</i>	Agence Nationale pour la Recherche (ANR)
2005–2008	GD2GS – From Genomic Data to Graph Structure
<i>Coordinateur</i>	Florence d’Alché-Buc, PR Évry
<i>Financement</i>	Agence Nationale pour la Recherche (ANR)

## ANIMATION ET VALORISATION

---

### GROUPES DE TRAVAIL ACTUELS

depuis 2017	WORKGROUP STATE OF THE R (FUNDING $\approx$ 4000€/YEAR)
<i>Purpose</i>	Groupe de chercheurs et d’ingénieurs se réunissant pour approfondir leur savoir-faire, perfectionner la diffusion de leurs méthodes statistiques et échanger autour des dernières innovations de R et Rstudio
<i>Format</i>	Une semaine d’atelier annuelle + 1 demi-journée de réunions mensuelles
<i>Involvement</i>	Coordinateur
<i>Web</i>	<a href="http://stateofther.github.io">http://stateofther.github.io</a>
depuis 2009	RÉSEAU MÉTHODOLOGIQUE INRA NETBIO (BUDGET ANNUEL $\approx$ 4000 €)
<i>Object</i>	Il s’agit de spécialiser et d’évaluer les méthodes de reconstruction de réseaux dans le cadre spécifique de la biologie moléculaire.
<i>Format</i>	Réunion annuelle d’une cinquantaine de personnes, financement de stages.
<i>Participation</i>	Co-animateur
<i>Web</i>	<a href="http://carlit.toulouse.inra.fr/wikiz/index.php/Inférence_de_réseaux_-_réseau_MIA">carlit.toulouse.inra.fr/wikiz/index.php/Inférence_de_réseaux_-_réseau_MIA</a>
depuis 2015	GDR “STAT ET SANTÉ”
<i>Objet</i>	Le G.D.R. a pour vocation de disséminer les activités de la communauté française en recherches statistiques biomédicales
<i>Participation</i>	Animateur du thème « Apprentissage statistique pour l’analyse des données omiques »

depuis 2016	MIRES – MÉTHODES INTERDISCIPLINAIRES POUR LES RÉSEAUX D'ÉCHANGES DE SEMENCES
<i>Objet</i>	Introduction de nouvelles méthodologies statistiques et de sociologie pour l'analyse de réseaux, en particulier d'échanges de graines.
<i>Format</i>	Réunion bi-annuelle d'une trentaine de personnes.
<i>Web</i>	<a href="https://sites.google.com/site/miresssna">https://sites.google.com/site/miresssna</a>
autres	PARTICIPATION À D'AUTRES RÉSEAUX INRA STRAtEGe : Statistique en écologie et données génomiques ; MEM méthodo : Méta-omiques et écosystèmes microbiens.
<i>Participation</i>	présentation, tutoriaux

## MANIFESTATIONS

Workshop	COMITÉ D'ORGANISATION
<i>StatLearn'14</i>	Challenging problems in Statistical Learning – <a href="#">web page</a>
<i>JFRB'14</i>	Journées Francophones sur les Réseaux Bayésiens – <a href="#">web page</a>
<i>IWAP 2008</i>	International Workshop on Applied Probability 2008 – <a href="#">web page</a>
<i>MBN 2007</i>	Mathematics for Biological Networks 2007
Intervenant	SUMMER SCHOOL
<i>Surf64'17</i>	Advanced OMIC Profiling and Integration – <a href="#">web page</a>
<i>SPS'16</i>	From gene expression to genomic network – <a href="#">web page</a>
<i>Angers'16</i>	Bioinformatic Summer School in Angers – <a href="#">web page</a>
<i>BigOptim'15</i>	Large-Scale Convex optimization – <a href="#">web page</a>

## PARTICIPATION À LA VIE COLLECTIVE

Comité	JURY DE CONCOURS
2018	Chargé de recherche INRA (4 postes)
2016	Maître de Conférences, Paris Sud (64-65°)
2015	Maître de Conférences, Paris Sud (87°)
2013	Maître de Conférences, Paris V (26°)
2012	Ingénieur de Recherche INRA · Maître de Conférences, Rouen (26°)
2011	Maître de Conférences, Picardie (87°) · Paris Sud (67°) · Évry (26°)
2010	Maître de Conférences, Évry (26°)
Comité	JURY DE THÈSE
2018	May Taha (Relecteur)
2017	Thomas Dias-Alvès (Relecteur), Pierre-Alexandre Mattéi
2016	Samuel Balmand (Relecteur), Quentin Grimonprez (Relecteur), Rawya Zreik (Relecteur), Niels Ternes
Comité	SUIVI DE THÈSE
2018	Arnaud Cougoul (Inra Theix)
2017	May Taha (IGMM Montpellier)
2016	Maximilien Grandclaude (Institut Curie), Arnaud Cougoul (Inra Theix), May Taha (IGMM Montpellier)
2014	Mélina Gallopin (Laboratoire de mathématiques d'Orsay)
Relecteur	RAPPORT SUR ARTICLES
<i>Reuves</i>	Scandinavian Journal Statistics, The International Journal of Biostatistics, IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics Biometrics, Electronic Journal of Statistics, Plos Computational Biology, Computational Statistics and Data Analysis, Biometrika, Bioinformatics, IEEE/ACM Transactions on Computational Biology and Bioinformatics, ESAIM Prob. and Stat., SAGMB, EURASIP Journal on Bioinformatics and Systems Biology, BMC Medical Research Methodology, International Journal of Fatigue, Methodology and Computing in Applied Probability, QTQM, Revue d'Intelligence Artificielle, Revue des Nouvelles Technologies de l'Information
<i>Conférences</i>	NIPS 2012–2017, ICML 2015,2018, JdS 2011, JOBIM 2008, ESREL 2007, IWAP 2008
Autres	RESPONSABILITÉS DIVERSES
depuis 2016	Membre élu du conseil scientifique du département de math-info de l'INRA

## THÈSES ET POST-DOC – EN COURS

depuis 2017	MARTINA SUNDQVIST
Doctorat	<i>Intégration des données protéomiques pour une nouvelle classification des cancers du sein triple-négatifs</i>
Encadrement	50% avec T. Dubois, Institut Curie
depuis 2017	AUDREY HULOT
Doctorat	<i>Analyse de données-omiques : clustering et inférence de réseaux</i>
Encadrement	25% avec F. Jaffrezic, DR, Inra (50%) ; H.-J. Garchon, PUPH, Inserm (25%)
depuis 2016	TIMOTHÉE TABOUY
Doctorat	<i>Modeling and inferring Sampling design in probabilistic random network models</i>
Encadrement	50% avec P. Barbillon, MCF, AgroParisTech
depuis 2016	MARIE PERROT-DOCKES
Doctorat	<i>Regularization tools for multivariate analysis : application to multi-omics</i>
Encadrement	50% avec Céline Lévy-Leduc, PR, AgroParisTech

## THÈSES ET POST-DOC – PASSÉS

2013-2016	TRUNG HA
Doctorat	<i>Statistical learning and multivariate analysis for robust regulatory network inference</i>
Encadrement	25% avec M.-L. Martin, DR INRA/URGV and G. Rigall, MCF, Évry
2015	DAVID BAKER
Post-doc	<i>Regularization methods for Genomic Selection</i>
Encadrement	50% avec Tristan Mary-Huard, CR INRA/Moulon
2011-2014	SMAHANE CHALABI
Doctorat	<i>Caractérisation de la reprogrammation de l'expression des gènes induite par l'allopolyploïdie chez le blé</i>
Encadrement	25% avec Boulos Chaloub, DR INRA/URGV, Évry
2012-2013	ÉDITH LE FLOCH
Post-doc	<i>Analysis of NGS data to characterize polyploidy</i>
Encadrement	50% avec Carène Rizzon, MCF, Évry
2011-2013	JONATHAN PLASSAIS
Doctorat	<i>Développement méthodologique pour la méta-analyse appliquée à la caractérisation de signatures chez les patients atteints de maladie auto-immune</i>
Encadrement	50% avec Christophe Ambroise, PR, Évry
Financement	CIFRE, société TcLand <a href="http://www.tcland-expression.com">www.tcland-expression.com</a>
2009-2012	CAMILLE CHARBONNIER
Doctorat	<i>Inference of gene regulatory networks from non-iid transcriptomic data</i>
Encadrement	50% avec Christophe Ambroise, PR, Évry

## MASTERS – EN COURS

2017	RÉMI BERNHARD (2 mois)
Encadrement	École Nationale Supérieure d'Informatique pour l'Industrie et l'Entreprise (ENSIIE) avec T. Flûtre, CR Inra Montpellier, L. Sansonnet, MCF, AgroParisTech ; T. Mary-Huard, CR Inra Moulon
Master 1	<i>Sélection de variable structurée pour le modèle linéaire général : application aux études GWAS multi-trait chez la vigne</i>
2017	MARTINA SUNDQVIST (6 mois)
Encadrement	ENS, Paris-Descartes, Institut Curie avec T. Dubois, L. De Koning, Institut Curie ; G. Rigall, CR Inra/BAP
Master	<i>Clustering for proteomic and transcriptomic analysis of basal breast cancer</i>

## MASTERS – PASSÉS

2016	AUDREY HULOT (6 mois)
<i>Encadrement</i>	École Nationale de la Statistique et de l'Analyse de l'Information (ENSAI)
<i>Master</i>	avec G. Rigai, CR and F. Jaffrezic, DR INRA <i>Clustering convexe à large échelle pour la métagénomique</i>
2016	TIMOTHÉE TABOUY (6 mois)
<i>Encadrement</i>	Master Math et Science du Vivant, Paris-Saclay
<i>Master</i>	avec P. Barbillon, S. Ouadah, MCF, AgroParisTech ; S. Donnet, CR Inra <i>Modeling and inferring Sampling design in probabilistic random network models</i>
2016	MARGOT BRÉGÈRE (6 mois)
<i>Encadrement</i>	Master Math et Science du Vivant, Paris-Saclay
<i>Master</i>	33% avec C. Lévy-Leduc, PR and L. Sansonnet, MCF, AgroParisTech <i>Variable selection in Multivariate ANOVA for ecological data</i>
2015	VALENTIN DERVIEUX (6 mois)
<i>Encadrement</i>	Télécom Sud Paris
<i>Master</i>	50% avec Guillem Rigai, MCF, Évry <i>Clustering et analyse multivariée de données métagénomique du porc</i>
2012-2013	PIERRE GUTIERREZ (6 mois + 3 mois CDD)
<i>Encadrement</i>	École Nationale de la Statistique et de l'Administration (ENSAE)
<i>Master</i>	50% avec Guillem Rigai, MCF, Évry <i>Multi-class differential analysis with fused-Anova</i>
2011	GEN YANG (3 mois)
<i>Encadrement</i>	École Nationale Supérieure d'Informatique pour l'Industrie et l'Entreprise (ENSIIE)
<i>Master</i>	50% avec Christophe Ambroise, PR, Évry <i>Hierarchical Lasso and group-Lasso for gene selection</i>
2011	AUORE MOUTARDE (5 mois)
<i>Encadrement</i>	MIGS, Université de Bourgogne
<i>Master</i>	50% avec Yves Grandvalet, DR, UTC <i>Développements algorithmiques dans les méthodes de régression pénalisée appliquées à la sélection de gènes</i>
2010	CYRILLE LONGIN (6 mois)
<i>Master</i>	EGOIST, Université de Rouen <i>Caractérisation automatique de modules fonctionnels dans les réseaux de régulation</i>
2009	CAMILLE CHARBONNIER (5 mois)
<i>Encadrement</i>	École Nationale de la Statistique et de l'Administration (ENSAE)
<i>Master</i>	50% avec Christophe Ambroise, PR, Évry <i><math>\ell_1</math> penalization and application to the inference of sparse dynamic regulation networks</i>
2008	ALEXANDER SMITH (6 mois)
<i>Encadrement</i>	AgroCampusOuest
<i>Master</i>	50% avec Christophe Ambroise, PR, Évry <i>Développement d'une nouvelle méthode d'estimation de réseaux de régulation</i>



## ACTIVITÉS D'ENSEIGNEMENTS

Environ 1500 heures d'enseignements (UTD) données dans diverses universités et écoles : Université d'Évry, AgroParisTech, École Nationale Supérieure d'Informatique pour l'Industrie et l'Entreprise (ENSIIE), École Nationale de la Statistique et de l'Analyse de l'Information (ENSAI), Université de Technologie de Compiègne, Université Paris-Sud, Université Paris Dauphine.

2017 <i>M2</i> <i>web</i>	INTRODUCTION À L'ANALYSE DES RÉSEAUX (18h de cours/TD) Analyse descriptive des réseaux, Modèle à Bloc Stochastiques, Graphical Lasso <a href="http://julien.cremeriefamily.info/teachings_ensai_networks.html">http://julien.cremeriefamily.info/teachings_ensai_networks.html</a>
2017 <i>M2</i>	INTRODUCTION À L'OPTIMISATION CONVEXE (9h de cours) méthodes de (sous)-gradient, méthode de Newton, méthodes proximales
2015-17 <i>M2</i> <i>web</i>	INTRODUCTION À LA RÉGULARISATION POUR LA RÉGRESSION (154h de cours/TD) Ridge, Lasso, Sélection de variable, choix de modèle <a href="http://julien.cremeriefamily.info/teachings_M1MINT_Reg.html">http://julien.cremeriefamily.info/teachings_M1MINT_Reg.html</a>
2016 <i>M2</i>	MODÈLE LINEAIRE MIXTE (30h de cours/TD) modèle mixte et à effets aléatoires, mesures répétées, application en agronomie
2010,15,16 <i>L3/M2</i>	MODÈLE LINÉAIRE ET EXTENSIONS (192h de cours/TD) Test de Fisher, analyse de la variance, régression linéaire, modèle linéaire généralisé, régression par splines
2012,15 <i>L3/M1</i> <i>web</i>	PROGRAMMATION ET STATISTIQUES SOUS R (60h de cours/TD) Structure de données/de contrôle, tests statistiques, régression linéaire <a href="http://julien.cremeriefamily.info/teachings_L3BI_ISV51.html">http://julien.cremeriefamily.info/teachings_L3BI_ISV51.html</a>
2008,15 <i>L3</i>	INTRODUCTION À L'ALGÈBRE ET À L'ANALYSE DE DONNÉES (18h de cours, 38h de TD) Système linéaire, Factorisations matricielles, Décomposition spectrale, ACP
2010,12,15 <i>M1</i>	ENCADREMENT DE PROJET EN MATHÉMATIQUES APPLIQUÉS (110h de cours/TD) Régression pénalisée, Analyse numérique, Simulation, Optimisation
2008-11 <i>L1 bio</i>	ANALYSE POUR LA BIOLOGIE (112h de TD) continuité, dérivabilité, intégration, développements limités, EDO
2005-11 <i>L2/L3/M1</i>	PROBABILITÉS ET STATISTIQUES (39h de cours, 339h de TD) Dénombrement, variables aléatoires discrètes et continues, indépendance, conditionnement, théorèmes limites ; Estimation, intervalle de confiance, test d'hypothèses
2008-10 <i>L3/M2</i>	MODÉLISATION POUR BIOLOGIE (9h de cours, 35h de TD) Modèles de dynamique des populations, Lokta-Volterra ; Analyse de séquences, chaînes de Markov
2009 <i>L1</i>	INTRODUCTION À MAPLE (36h de TD) Calcul formel, mécanique élémentaire, Maple
2007-09 <i>M1</i>	ANALYSE NUMÉRIQUE DES EDP (66h de TD) Schémas d'Euler, Runge-Kutta, méthode de Newton, Scilab
2003,07 <i>M1</i>	ANALYSE NUMÉRIQUE (58h de TD) Systèmes linéaires, moindres carrés, intégration numérique, interpolation, EDO
2004,06 <i>M1</i>	RECHERCHE OPÉRATIONNELLE (50h de TD) Graphes, recherche opérationnelle, ordonnancement, algorithmie, complexité
2005 <i>M2</i>	INTRODUCTION À L <sup>A</sup> T <sub>E</sub> X (12h de cours) Structuration du texte, index, bibliographie, production de document scientifiques



## ARTICLES ET COMMUNICATIONS ÉCRITES

### PRÉPUBLICATIONS

- [PP1] J. Chiquet, M. Mariadassous, and S. Robin, *Variational inference for sparse network reconstruction from count data*.
- [PP2] T. Tabouy, P. Barbillon, and J. Chiquet, *Variational inference for stochastic block models from sampled data*.

### REVUES INTERNATIONALES À COMITÉ DE LECTURE

- [JP1] J. Chiquet, M. Mariadassous, and S. Robin, *Variational inference for probabilistic poisson pca*, Annals of Applied Statistics (to appear), 2018.
- [JP2] M. Perrot, C. Lévy-Leduc, J. Chiquet, L. Sansonnet, M. Brégère, M.-P. Étienne, S. Robin, and G. Genta-Gouve, *A multivariate variable selection approach for analyzing lc-ms metabolomics data*, SAGMB, 2018, URL <https://doi.org/10.1515/sagmb-2017-0077>.
- [JP3] M. Perrot, C. Lévy-Leduc, L. Sansonnet, and J. Chiquet, *Variable selection in multivariate linear models with high-dimensional covariance matrix estimation*, J. Multivar. Anal., 166 :pp. 78–97, 2018, URL <https://doi.org/10.1016/j.jmva.2018.02.006>.
- [JP4] V. Brault, J. Chiquet, and C. Lévy-Leduc, *Efficient block boundaries estimation in block-wise constant matrices : An application to hic data*, Electron. J. Statist., 11(1) :pp. 1570–1599, 2017, doi :10.1214/17-EJS1270.
- [JP5] J. Chiquet, P. Gutierrez, and G. Rigail, *Fast tree inference with weighted fusion penalties*, Journal of Computational and Graphical Statistics, pp. 205–216, 2017, URL <http://dx.doi.org/10.1080/10618600.2015.1096789>.
- [JP6] Y. Grandvalet, J. Chiquet, and C. Ambroise, *Sparsity by worst-case penalties*, 2017.
- [JP7] J. Chiquet, Y. Grandvalet, and G. Rigail, *On coding effects in regularized categorical regression*, Statistical Modelling, (3) :pp. 228–237, 2016, URL <http://dx.doi.org/10.1177/1471082X16644998>.
- [JP8] J. Chiquet, T. Mary-Huard, and S. Robin, *Structured regularization for conditional Gaussian graphical models*, Statistics and Computing, (3) :pp. 789–804, 2016, URL <http://dx.doi.org/10.1007/s11222-016-9654-1>.
- [JP9] P. Latouche, P.-A. Mattei, C. Bouveyron, and J. Chiquet, *Combining a relaxed EM algorithm with Occam’s razor for Bayesian variable selection in high-dimensional regression*, Journal of Multivariate Analysis, 2016, URL <http://dx.doi.org/10.1016/j.jmva.2015.09.004>.
- [JP10] T. Picchetti, J. Chiquet, M. Elati, P. Neuvial, R. Nicolle, and E. Birmelé, *A model for gene deregulation detection using expression data*, BMC Systems Biology, 2015, URL <http://bmcsystbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/1752-0509-9-S6-S6>.
- [JP11] B. Chaloub, F. Denoeud, S. Liu, S. Parkin, H. Tang, W. X., J. Chiquet, and 76 more, *Early allopolyploid evolution in the post-neolithic Brassica napus oilseed genome*, Science, (6199), 2014, URL <http://www.sciencemag.org/content/345/6199/950>.
- [JP12] H. Chelaifa, V. Chagué, S. Chalabi, I. Mestiri, D. Arnaud, D. Deffains, Y. Lu, H. Belcram, V. Huteau, J. Chiquet, O. Coriton, J. Just, J. Jahier, and B. Chalhoub, *Prevalence of gene expression additivity in genetically stable wheat allohexaploids*, New Phytologist, 197(3) :pp. 730–736, 2013, URL <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/nph.12108/full>.
- [JP13] J. Chiquet, Y. Grandvalet, and C. Charbonnier, *Sparsity in sign-coherent groups of variables via the cooperative-lasso*, The Annals of Applied Statistics, 6(2) :pp. 795–830, 2012, URL <http://projecteuclid.org/euclid.aos/1339419617>.
- [JP14] J. Chiquet, Y. Grandvalet, and C. Ambroise, *Inferring multiple graphical models*, Statistics and Computing, 21(4) :pp. 537–553, 2011, URL <http://dx.doi.org/10.1007/s11222-010-9191-2>.

- [JP15] C. Charbonnier, J. Chiquet, and C. Ambroise, *Weighted-lasso for structured network inference from time course data*, Statistical Applications in Genomics and Molecular Biology, 9, 2010, URL <https://doi.org/10.2202/1544-6115.1519>.
- [JP16] C. Ambroise, J. Chiquet, and C. Matias, *Inferring sparse Gaussian graphical models with latent structure*, Electronic Journal of Statistics, 3 :pp. 205–238, 2009, URL <http://projecteuclid.org/DPubS?service=UI&version=1.0&verb=Display&handle=euclid.ejs/1238078905>.
- [JP17] J. Chiquet, N. Limnios, and M. Eid, *Piecewise deterministic Markov processes applied to fatigue crack growth modelling*, Journal of Statistical Planning and Inference, 139(5) :pp. 1657–1667, 2009, URL <http://dx.doi.org/10.1016/j.jspi.2008.05.034>.
- [JP18] J. Chiquet, A. Smith, G. Grasseau, C. Matias, and C. Ambroise, *SIMoNe : Statistical Inference for MODular NETworks*, Bioinformatics, 25(3) :pp. 417–418, 2009, URL <http://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btn637>.
- [JP19] J. Chiquet and N. Limnios, *A method to compute the transition function of a piecewise deterministic Markov process*, Statistics and Probability Letters, 78(12) :pp. 1397–1403, 2008, URL <http://dx.doi.org/10.1016/j.spl.2007.12.016>.
- [JP20] J. Chiquet, N. Limnios, and M. Eid, *Modelling and estimating stochastic dynamical systems with Markovian switching*, Reliability Engineering and System Safety, 93(12) :pp. 1801–1808, 2008, URL <http://dx.doi.org/10.1016/j.ress.2008.03.016>.
- [JP21] J. Chiquet and N. Limnios, *Estimating stochastic dynamical systems driven by a continuous-time jump Markov process*, Methodology and Computing in Applied Probability, 8 :pp. 431–447, 2006, URL <http://www.springerlink.com/content/e8736480p2027113/>.

## CHAPITRES D’OUVRAGES

- [BC1] J. Chiquet, R. Rigai, and M. Sundqvist, *Gene Regulatory Networks : Methods and Protocols (Guido Sanguinetti and Vân Anh Huynh-Thu, eds.)*, chap. A multiattribute Gaussian graphical model for inferring multiscale regulatory networks : an application in breast cancer, Springer Science+Business Media, LLC, part of Springer Nature, 2019, URL [https://doi.org/10.1007/978-1-4939-8882-2\\_6](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-8882-2_6).
- [BC2] A. Vacher, C. Tamaddoni-Nezhad, S. Kamenova, N. Peyrard, L. Schwaller, J. Julien Chiquet, M. Smith, J. Vallance, Y. Moalic, R. Sabbadin, V. Fievet, B. Jakuschkin, and D. Bohan, *Advances in Ecological Research*, chap. Learning Ecological Networks from Next-Generation Sequencing Data, 2016.
- [BC3] M. Jeanmougin, C. Charbonnier, M. Guedj, and J. Chiquet, *Probabilistic graphical models dedicated to applications in genetics, genomics and postgenomics*, chap. Network inference in breast cancer with Gaussian graphical models and extensions, 2014, URL <http://ukcatalogue.oup.com/product/9780198709022.do>.
- [BC4] J. Chiquet and N. Limnios, *Stochastic Reliability and Maintenance Modeling*, vol. 9 of *Springer Series in Reliability Engineering*, chap. Dynamical systems with semi-markovian perturbations and their use in structural reliability, Springer, 2013, URL <http://www.springer.com/engineering/production+engineering/book/978-1-4471-4970-5>.
- [BC5] J. Chiquet and N. Limnios, *Mathematical methods in survival analysis, reliability and quality of life*, chap. Reliability of stochastic dynamical systems applied to fatigue crack growth modelling, Wiley/ISTE, 2008, URL <http://eu.wiley.com/WileyCDA/WileyTitle/productCd-1848210108,subjectCd-ST80.html>.

## ARTICLES DE VULGARISATION

- [PS1] J. Chiquet, *Statistique et génome : réseaux biologiques*, La gazette des mathématiciens, 130 :pp. 76–82, 2011, URL <http://smf4.emath.fr/en/Publications/Gazette/2011/130/>.

## RAPPORTS TECHNIQUES

- [R1] J. Chiquet, *Pascal : Probabilistic fracture mechanics applied safety computing ageing lwr*, Tech. Rep. SERMA/LCA/RT/05-3459, CEA, 2005.
- [R2] J. Chiquet, *Équations différentielles stochastiques appliquées à la modélisation de la fatigue des matériaux*, Tech. Rep. SERMA/LCA/RT/05-3583, CEA, 2005.
- [R3] J. Chiquet, *Vers le développement de modèles aléatoires pour le vieillissement des structures : une approche stochastique*, Tech. Rep. SERMA/LCA/RT/04-3417, CEA, 2004.

## MÉMOIRES DE THÈSE

- [TS1] J. Chiquet, *Contributions to sparse methods for complex data analysis*, Habilitation thesis, Université d'Évry Val-d'Essonne, 2015, URL <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-01288976/>.
- [TS2] J. Chiquet, *Modélisation et estimation des processus de dégradation avec application en fiabilité des structures*, Ph.D. thesis, Université de Technologie de Compiègne, 2007, URL <http://tel.archives-ouvertes.fr/tel-00165782>.
- [TS3] J. Chiquet, *Estimation des températures journalières à l'aide de techniques markoviennes*, Master's thesis, Université de Technologie de Compiègne, 2003, URL [http://julien.cremeriefamily.info/doc/master\\_thesis.pdf](http://julien.cremeriefamily.info/doc/master_thesis.pdf).

## CONFÉRENCES ET COMMUNICATIONS ORALES

---

### CONFÉRENCES INTERNATIONALES AVEC ACTES

- [CI1] M. Champion, J. Chiquet, P. Neuvial, M. Elati, and E. Birmelé, *Identification of deregulated transcription factors involved in subtypes of cancers*, in International Conference on Bioinformatics (InCOB), 2017.
- [CI2] V. D. J. Chiquet, G. Rigai, *aricode : a package for efficient computations of standard clustering comparison measures*, in SMPGD : Statistical Methods for Post-Genomic Data, 2017a, 2017b.
- [CI3] C. Ambroise, J. Chiquet, and M. Szafranski, *A greedy great approach to learn with complementary structured datasets*, in Greed is Great, ICML Workshop, Lille, France, 2015.
- [CI4] J. Chiquet, P. Gutierrez, and G. Rigai, *Weighted fusion penalties for tree inference and its oracle properties*, in Proceedings of the MLCB NIPS'14 workshop, Montréal, 2014.
- [CI5] D. Laloé, F. Jaffrezic, J. Chiquet, and M. Gaultier, *FLPCA : a fused-Lasso PCA-based approach to identify footprints of selection in differentiated populations from dense to SNP data : applications to human and cattle data*, in Proceedings of the International Biometric Conference, Florence, Italy, 2014.
- [CI6] J. Chiquet, T. Mary-Huard, and S. Robin, *Multi-trait genomic selection via multivariate regression with structured regularization*, in Proceedings of the MLCB NIPS'13 workshop, South Lake Tahoe, 2013.
- [CI7] P. Gutierrez, G. Rigai, and J. Chiquet, *A fast homotopy algorithm for a large class of weighted classification problems*, in Proceedings of the MLCB NIPS'13 workshop, South Lake Tahoe, 2013.
- [CI8] J. Chiquet, Y. Grandvalet, and C. Charbonnier, *Sparsity with sign-coherent groups of variables via the cooperative-lasso*, in Proceedings of SPARS'11, Edinburgh, 2011.
- [CI9] J. Corvol, C. Vrignaud, K. Tahiri, F. Cormier, C. Charbonnier, F. Charbonnier-Beaupel, W. Carpentier, A. Patat, E. Mascioli, Y. Chiquet, J. Grandvalet, C. Ambroise, G. Edan, and E. Zanelli, *Gene expression signature in whole blood after treatment with amino acid copolymer pi-2301 in multiple sclerosis*, in European Committee for Treatment and Research in Multiple Sclerosis, 2010.
- [CI10] Y. Grandvalet, J. Chiquet, and C. Ambroise, *Inferring multiple regulation networks*, in Proceedings of the MLCB NIPS'10 Workshop, Vancouver, 2010.
- [CI11] J. Chiquet, N. Limnios, and M. Eid, *Reliability evaluation of a dynamical system in semi-Markovian environment*, in Proceedings of IWAP'08, Compiègne, 2008.

- [CI12] J. Chiquet, C. Matias, and C. Ambroise, *Penalized maximum likelihood approach for sparse Gaussian graphical models with hidden structure*, in Proceedings of IWAP'08, Compiègne, 2008.
- [CI13] J. Chiquet, N. Limnios, and M. Eid, *Modelling the reliability of degradation processes through Markov renewal theory*, in Proceedings of ESREL'07, Stavanger, 2007.
- [CI14] J. Chiquet, N. Limnios, and M. Eid, *Modeling and estimating stochastic dynamical systems with Markov switching*, in Proceedings of ESREL'06, Estoril, 2006.

## CONFÉRENCES NATIONALES AVEC ACTES

- [CN1] F. Guinot, M. Szafranski, J. Chiquet, and C. Ambroise, *Une approche hiérarchique de la recherche d'interactions entre données omiques*, in actes des 50<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Saclay, 2018.
- [CN2] A. Hulot, J. Chiquet, F. Jaffrezic, and G. Rigall, *Fused-anova : une méthode de clustering en grande dimension*, in actes des 50<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Saclay, 2018.
- [CN3] M. Perrot, C. Lévy-Leduc, J. Chiquet, and L. Sansonnet, *Sélection de variables dans le modèle linéaire multivarié en grande dimension avec prise en compte de la dépendance*, in actes des 50<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Saclay, 2018.
- [CN4] M. Sundqvist, J. Chiquet, L. de Koning, T. Dubois, and G. Rigall, *Cluster stability for more robust classification in triple-negative breast cancer*, in actes des 50<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Saclay, 2018.
- [CN5] T. Tabouy, P. Barbillon, and J. Chiquet, *Identifiabilité du modèle à blocs stochastiques en présence de données manquantes*, in actes des 50<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Saclay, 2018.
- [CN6] M. Perrot-Dockes, C. Lévy-Leduc, J. Chiquet, and L. Sansonnet, *Modèle linéaire multivarié parcimonieux avec estimation de covariance : une application à des données de métabolomique*, in actes des 49<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Avignon, 2017.
- [CN7] T. Tabouy, P. Barbillon, and J. Chiquet, *Inférence du modèle à blocs stochastiques en présence de données manquantes*, in actes des 49<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Avignon, 2017.
- [CN8] V. Brault, J. Chiquet, and C. Lévy-Leduc, *Détection rapide des frontières des blocs d'une matrice constante par blocs bruitée*, in actes des 48<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Montpellier, 2016.
- [CN9] M.-P. Étienne, J. Chiquet, S. Donnet, and A. Samson, *Méthode conjointe de segmentation-classification pour des modèles d'écologie du déplacement*, in actes des 49<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Avignon, 2016.
- [CN10] T. Mary-Huard, J. Chiquet, A. Céliste, and M. Fuchs, *Formule exacte pour la validation croisée dans le cadre de la régression "pool-sample"*, in actes des 47<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Lille, 2015.
- [CN11] P.-A. Mattei, P. Latouche, C. Bouveyron, and J. Chiquet, *Une relaxation continue du rasoir d'Occam pour la régression en grande dimension*, in actes des 47<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Lille, 2015.
- [CN12] J. Chiquet, T. Mary-Huard, and S. Robin, *Inférence jointe de la structure de modèles graphiques gaussiens*, in actes des 46<sup>e</sup> journées françaises de statistique, Rennes, 2014.
- [CN13] J. Plassais, J. Chiquet, A. Cervino, and C. Ambroise, *A comparison of two statistical methods combining high-throughput data to predict the level of disease activity in patients with rheumatoid arthritis*, in JOBIM'12, Rennes, 2012.
- [CN14] C. Charbonnier, J. Chiquet, and C. Ambroise, *Weighted-lasso for structured network inference for time-course data*, in JOBIM'10, Montpellier, 2010.
- [CN15] J. Chiquet, Y. Grandvalet, and C. Ambroise, *Inferring multiple graphical structures*, in Workshop MODGRAPHII, JOBIM'10, Montpellier, 2010.
- [CN16] Y. Grandvalet, J. Chiquet, and C. Ambroise, *Inférence jointe de la structure de modèles graphiques gaussiens*, in actes de CAP'10, Clermont-Ferrand, 2010.
- [CN17] J. Chiquet, C. Charbonnier, and C. Ambroise, *SIMoNe : Statistical Inference for Modular Networks*, in Workshop MODGRAPH, JOBIM'09, Nantes, 2009.

- [CN18] J. Chiquet, N. Limnios, and M. Eid, *Processus markoviens de saut dans les équations différentielles stochastiques appliquées à la modélisation de la fatigue des matériaux*, in Congrès Français de Mécanique'05, Troyes, 2005.
- [CN19] J. Chiquet, N. Limnios, T. Yurizin, and M. Eid, *Modèle stochastique de taille critique de fissure dans les structures soumises au vieillissement par irradiation*, in Congrès Français de Mécanique'05, Troyes, 2005.

## CONFÉRENCES EN TANT QU'INVITÉ

- [IT1] *Fast tree inference with weighted fusion penalties*, Computational Intelligence methods for Bioinformatics and Biostatistics (CIBB), Naples, 2015.
- [IT2] *Sparse Gaussian graphical models for biological network inference*, ISI World Statistics Congress, Hong-Kong, 2013.
- [IT3] *Sparse Gaussian graphical models for biological network inference*, StatLearn'13, Bordeaux, 2013.
- [IT4] *Sparsity with sign-coherent groups of variables via the cooperative-lasso*, Statistics and Modeling for Complex Data, Marne-la-Vallée, 2011.
- [IT5] *Learning the structure of Bayesian networks with application in post-genomics*, International Workshop on Bayesian Networks and Applications in Post-genomics, Paris, 2010.
- [IT6] *Penalized maximum likelihood approach for sparse Gaussian graphical models with hidden structure*, International Workshop on Applied Probability, Compiègne, 2008.
- [IT7] *Reliability evaluation of a dynamical system in semi-Markovian environment*, International Workshop on Applied Probability, Compiègne, 2008.
- [IT8] *Modelling degradation processes through a piecewise deterministic Markov process*, Mathematical Methodologies for Operational Risk, Eindhoven, 2007.
- [IT9] *Modelling degradation processes through a piecewise deterministic Markov process with applications to fatigue crack growth*, Recent Advances in Stochastic Operations Research II, Nagoya, 2007.

## ÉCOLE CHERCHEURS ET TUTORIAUX

- [ST1] J. Chiquet, *Network inference and penalisation : lectures*, Surf 64 : Advanced OMIC Profiling and Integration, <http://www.imperial.ac.uk/school-public-health/study/short-courses/surf-64/>, London, 2018.
- [ST2] J. Chiquet, *Network inference and penalisation : tutorial*, Surf 64 : Advanced OMIC Profiling and Integration, [https://github.com/benoit-liquet/XP\\_Practice\\_SURF64](https://github.com/benoit-liquet/XP_Practice_SURF64), Anglet, 2017.
- [ST3] J. Chiquet, *Perspective for network inference for microbiological data*, PathoBiome MEM sub-group meeting, INRA, Rennes, 2017.
- [ST4] J. Chiquet, *Tutorial on network inference*, STRaTEGe : MIA Methodological Network for omic data in Ecology, AgroParisTech, Paris, 2017.
- [ST5] J. Chiquet, *Tutorial on network inference*, Conference CARTABLE, INRA Toulouse, 2016.
- [ST6] J. Chiquet, *From gene expression to genomic network*, "Saclay Plant Science" Summer School, [https://www6.inra.fr/saclay-plant-sciences\\_eng/Teaching-and-training/Summer-schools/Summer-School-2016](https://www6.inra.fr/saclay-plant-sciences_eng/Teaching-and-training/Summer-schools/Summer-School-2016), 2016.
- [ST7] J. Chiquet, *Introduction to statistical analysis with R*, CNRS formation, <https://cnrsformation.cnrs.fr/>, 2016.
- [ST8] J. Chiquet, *Perspective for network inference for microbiological data*, MEM methodological network, Paris, 2016.
- [ST9] J. Chiquet, *Statistics and classification for genomic data*, Bioinformatics Summer School in Angers, <http://summerschools.univ-angers.fr/en/index/about-schools/schools/bioinformatics.html>, 2016.
- [ST10] J. Chiquet, *Application of sparse convex methods in genomics*, Summer School "BigOptim", <http://www.gipsa-lab.fr/summerschool/BigOptim>, 2015.
- [ST11] J. Chiquet, *Introduction to regularization methods in life science*, Cours de 3<sup>e</sup> cycle, École doctorale ABIES/AgroParisTech, 2012, 2013, 2014, 2015.



## SÉMINAIRES ET COMMUNICATION ORALES SANS ACTES

- [ST1] Séminaire de Probabilité et Statistiques, LMAP, Anglet, 2018.
- [ST2] Pathobiome 2018 : Pathogens in microbiota in hosts, Ajaccio, Corsica, 2018.
- [ST3] Séminaire de Probabilité et Statistiques, Institut Élie Cartan de Lorraine, 2018.
- [ST4] Recent Computational Advances in Metagenomics (RCAM'17)", Insitut Pasteur, 2017.
- [ST5] Séminaire joint AgroParisTech, Paris, 2017, 2015, 2014, 2013a, 2013b.
- [ST6] Recent advances in Segmentation Problems, AgroParisTech, 2017.
- [ST7] MEM INRA metaprogramm : MEM days, Paris, 2017.
- [ST8] SMPGD : Statistical Methods for Post-Genomic Data, Paris, 2017a, 2017b.
- [ST9] Séminaire LMAC, UTC, Compiègne, 2016.
- [ST10] Séminaire MaIAGE, INRA, Jouy, 2016.
- [ST11] Séminaire P-MAG, Paris, 2016.
- [ST12] Séminaire Télécom Paris, Paris, 2016.
- [ST13] Séminaire parisien de statistiques, Paris, 2015, 2011.
- [ST14] Séminaire du groupe SSB (Statistics for Systems Biology), Paris, 2015, 2014, 2012, 2011, 2010.
- [ST15] Séminaire du MAP5, Paris, 2014.
- [ST16] Séminaire du SAMM, Paris 1, Paris, 2014.
- [ST17] SMPGD : Statistical Methods for Post-Genomic Data, Paris, 2014a, 2014b.
- [ST18] Modal team workshop, Lille, 2014, 2013.
- [ST19] Séminaire du laboratoire de mathématiques appliquées de Toulouse, Toulouse, 2013.
- [ST20] GDR Modélisation bioinformatique en biologie et médecine, Nice, 2008.
- [ST21] Groupe de travail en statistique du laboratoire Raphaël Salem, Rouen, 2007, 2016.
- [ST22] Séminaire du Laboratoire Statistique et Génome, Évry, 2007.
- [ST23] Séminaire du Laboratoire de Mathématiques Appliqués, Compiègne, 2007.
- [ST24] Mathematical Methods for Survival Analysis, Reliability and Quality of Life, Paris, 2006.

## LOGICIELS

---

- [SW1] J. Chiquet, V. Dervieux, and G. Rigai, **aricode : a package for efficient computations of standard clustering comparison measures**, 2018.  
<https://CRAN.R-project.org/package=aricode>.
- [SW2] J. Chiquet, M. Mariadassou, and S. Robin, **PLNmodels : Poisson lognormal models**, 2018.  
<https://github.com/jchiquet/PLNmodels>.
- [SW3] P. Gutierrez, G. Rigai, and J. Chiquet, **Fused-Anova**, 2018.  
<https://github.com/jchiquet/fusedanova>.  
Fused-ANOVA is a penalized method that solves the one-way ANOVA problem by collapsing the coefficients of K conditions. It reconstructs a balanced tree structure between the condition with a homotopy algorithm in  $O(K \log(K))$ .
- [SW4] T. Tabouy, P. Barbillon, and J. Chiquet, **missSBM : handling missing data in the Stochastic Bloc Model**, 2018.  
<https://github.com/jchiquet/missSBM>.

- [SW5] J. Chiquet, **SPRING : Structured selection of Primordial Relationships IN the General linear model**, 2017.  
<https://github.com/jchiquet/spring>.  
 This package fits multivariate regression models using sparse conditional Gaussian graphical modeling with Laplacian regularization.
- [SW6] M. Perrot, C. Levy-Leduc, and J. Chiquet, **MultiVarSel : Variable Selection in the Multivariate Linear Model**, 2017.  
<https://CRAN.R-project.org/package=MultiVarSel>.
- [SW7] V. Brault and J. Chiquet, **blockseg : two Dimensional Change-Points Detection**, 2016.  
<https://CRAN.R-project.org/package=blockseg>.  
 Segments a matrix in blocks with constant values. The underlying algorithm is a Lars-type algorithm where all the matrix operation can be computed explicitly.
- [SW8] C. Bouveyron, J. Chiquet, P. Latouche, and P.-A. Mattei, **spinyReg : Sparse Generative Model and Its EM Algorithm**, 2015.  
<https://cran.r-project.org/web/packages/spinyReg/>.  
 Implements a generative model that uses a spike-and-slab like prior distribution obtained by multiplying a deterministic binary vector. Such a model allows an EM algorithm, optimizing a type-II log-likelihood.
- [SW9] J. Chiquet, **Quadrupen : Sparsity by Worst-Case Quadratic Penalties**, 2012.  
<http://cran.r-project.org/web/packages/quadrupen/>.  
 This package fits classical sparse regression models with efficient active set algorithms by solving quadratic problems. It also provides a few methods for model selection purposes (cross-validation, stability selection).
- [SW10] J. Chiquet, **Scoop : Sparse Cooperative Regression**, 2011.  
<http://julien.cremierfamily.info/scoop>.  
 This R package fits coop-Lasso, group-Lasso and tree-group Lasso variants for linear regression and logistic regression. The cooperative-Lasso (in short, coop-Lasso) may be viewed as a modification of the group-Lasso penalty that promotes sign coherence and that allows zeros within groups.
- [SW11] J. Chiquet, G. Grasseau, C. Ambroise, and C. Charbonnier, **SIMoNe : Statistical Inference for MOdular NETworks**, 2010.  
<http://julien.cremierfamily.info/simone>.  
 SIMoNe (Statistical Inference for MOdular NETworks) is an R package which implements the inference of co-regulated networks based on partial correlation coefficients from either steady-state or time-course transcriptomic data. This package can deal with samples collected in different experimental conditions. In this particular case, multiple related graphs are inferred simultaneously. The underlying statistical tools enter the framework of Gaussian graphical models (GGM). Basically, the algorithm searches for a latent clustering of the network to drive the selection of edges through an adaptive l1-penalization of the model likelihood.