



MARGAUX HAERING

CONTACT



12 Juillet 1997
à Cannes, France



+337.88.22.77.49



margaux.haering@univ-amu.fr



3 av. de la Corse,
13007 Marseille



Permis A, B, Bateau

COMPÉTENCES

INFORMATIQUE :

Python - R - Bash
JavaScript - PHP - MySQL
HTML - CSS - Office
Photoshop

LANGUES :

Anglais (courant)
Allemand (scolaire)

LOISIRS

SPORT :

Equitation, G7 - compétition, moto,
plongée sous marine - niveau 2
Parachutisme - Brevet B

ARTS :

Photographie, piano, batterie,
saxophone

EXPÉRIENCE

2024
2021

Vacations R et MySQL (CM, TP, exams)
Master bioinformatique, AMU

2021
2020

Ingénieur biologiste en traitement de données
RNA-seq, ATAC-seq, IBDM - Habermann Team

2021
2016

Soutien scolaire collège/lycée, Marseille

2021

Stage Master 2 - Développement d'un pipeline
d'analyse et intégration de données NGS, -omics,
IBDM - Habermann Team

2019

Stage Master 1 - Analyse de l'adhérence des
molécules leucémiques par vidéonanoscopie,
CRCM, Marseille

FORMATION

-
2021

Doctorat en Bioinformatique
Développement d'une plateforme d'exploration
et d'analyse de sc-RNA-seq d'ataxie cérébelleuse,
IBDM - Habermann Team, INMG - Puccio Lab

2020
2018

Master de Bioinformatique parcours DLAD
Développement Logiciel et Analyses de
données, AMU

2018
2015

Licence de Biologie parcours BCB
Biochimie et Chimie Biopharmaceutique
AMU

2015

Baccalauréat scientifique
École de Provence, Marseille

PUBLICATIONS

- 2022 Marchiano F, **Haering M**, Haberman BH. The mitoXplorer 2.0 update: integrating and interpreting mitochondrial expression dynamics within a cellular context. BioRxiv. 2022 Feb 7; doi: <https://doi.org/10.1101/2022.01.31.478461>
- 2021 Meiler A, Marchiano F, **Haering M**, Weitkunat M, Schnorrer F, Habermann BH. AnnoMiner is a new web-tool to integrate epigenetics, transcription factor occupancy and transcriptomics data to predict transcriptional regulators. Sci Rep. 2021 Jul 29;11(1):15463. doi: 10.1038/s41598-021-94805-1. PMID: 34326396; PMCID: PMC8322331.
- 2021 **Haering M**, Habermann BH. RNfuzzyApp: an R shiny RNA-seq data analysis app for visualisation, differential expression analysis, time-series clustering and enrichment analysis. F1000Res. 2021 Jul 26;10:654. doi: 10.12688/f1000research.54533.2. PMID: 35186266; PMCID: PMC8825645.