



MARGAUX HAERING

CONTACT



12 Juillet 1997



+337.88.22.77.49



margauxhaering@orange.fr



Monaco



Permis A, B, Bateau



margauxhaering.fr

COMPÉTENCES

INFORMATIQUE :

Python - R - Bash

JavaScript - PHP - MySQL

HTML - CSS - Office

LANGUES :

Anglais (courant)

Allemand (scolaire)

LOISIRS

SPORT :

Equitation - compétition en amateur

Plongée sous marine - niveau 2

Parachutisme - BPA

ARTS :

Photographie, piano,
batterie, saxophone

EXPÉRIENCE

2025

Chercheure post-doctorale

Caractérisation des différences transcriptomiques
HDD vs LDD chez *S. pistillata*

CSM - Equipe Physiologie et Biochimie

Echantillonnage, séquençage et analysis bulk RNA-seq

2024

Doctorat de Bioinformatique

Développement d'une plateforme d'exploration
et d'analyse de sc-RNA-seq d'ataxie cérébelleuse,
IBDM - Habermann Team

Développement fullstack avec base de données, pipelines de preprocessing

Vacations R, MySQL Licence et Master, AMU

2021

Ingénieur biologiste en traitement de données

NGS, -omics, IBDM - Habermann Team

Pipelines d'analyses sc/bulk, proteomics, HyperTRIBE, microRNA, ATAC-seq,
DamID, visualisation

2020

Stage Master 2 -

Développement d'une R-shiny app d'analyse
et intégration de données NGS, -omics,
IBDM - Habermann Team

Analyse bulk, intégration de données, visualisation

2019

Stage Master 1 -

Analyse de l'adhérence des molécules
leucémiques par vidéonanoscopie,
CRCM, Marseille

Retraçage et caractérisation de trajectoires moléculaires, MATLAB

FORMATION

2024

Doctorat en Bioinformatique

2020

Master de Bioinformatique parcours DLAD

Développement Logiciel et Analyses de
données, AMU

2018

Licence de Biologie parcours BCB

Biochimie et Chimie Biopharmaceutique, AMU

2015

Baccalauréat scientifique

École de Provence, Marseille

PUBLICATIONS

2025

Haering M, Del Bondio A, Puccio H, Habermann B. ataxiaXplorer, the first ataxia interactome and its exploration and analysis platform. En cours...

2024

Haering M, Del Bondio A, Puccio H, Habermann B. mitoXplorer 3.0 for exploring mitochondrial dynamics in single-cell RNA-seq data. 2024, doi:<https://doi.org/10.1101/2024.12.17.628870>

2022

Marchiano F, **Haering M**, Haberman BH. The mitoXplorer 2.0 update: integrating and interpreting mitochondrial expression dynamics within a cellular context. 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](https://doi.org/10.1038/s41598-021-94805-1). PMID: 34326396; PMCID: PMC8322331.

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](https://doi.org/10.12688/f1000research.54533.2). PMID: 35186266; PMCID: PMC8825645.