



MARGAUX HAERING

CONTACT

- 12 Juillet 1997
à Cannes, France
- +337.88.22.77.49
- margaux.haering@univ-amu.fr
- Marseille & Monaco
- Permis A, B, Bateau

COMPÉTENCES

BIOINFORMATIQUE :
bulk/sc RNA-seq - DamiID
ATAC-seq - HyperTRIBE
web Dev - Shiny - Databases

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 - BPA

ARTS :
Photographie, piano, batterie,
saxophone

EXPÉRIENCE

- Vacations R et MySQL (CM, TP, exams)**
Master 1 bioinformatique, L2 & 3, AMU
- Ingénieur biologiste en traitement de données**
Transcriptomique, Proteomique,
IBDM - Habermann Team
- Stage Master 2** -
Développement d'un pipeline d'analyse
et intégration de données NGS, -omics,
IBDM - Habermann Team
- Stage Master 1** -
Analyse de l'adhérence des molécules
leucémiques par vidéonanoscopie,
CRCM, Marseille

FORMATION

- Doctorat en Bioinformatique**
Développement d'une plateforme d'exploration
et d'analyse de sc-RNA-seq dans un contexte
ataxique et mitochondrial,
IBDM - Habermann Team
- Master de Bioinformatique parcours DLAD**
Développement Logiciel et Analyses de
données, AMU
- Licence de Biologie parcours BCB**
Biochimie et Chimie Biopharmaceutique
AMU
- Baccalauréat scientifique**
École de Provence, Marseille

PUBLICATIONS

- Haering M**, Habermann BH. mitoXplorer 3.0 for exploring mitochondrial dynamics in single-cell RNA-seq data. TO BE PUBLISHED
- Marchiano F, Haering M**, Habermann BH. The mitoXplorer 2.0 update: integrating and interpreting mitochondrial expression dynamics within a cellular context. *Nuclèic Acids Res.* 2022 Jul 5; 50(W1):W490-W499. doi: 10.1093/nar/gkac306. PMID: 35524562; PMCID: PMC9252804.
- 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.
- 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.