Mathilde Sautreuil

35 avenue du général de Gaulle Bâtiment A1 91140 Villebon sur Yvette # +33 6 19 97 91 24 ⋈ mathilde.sautreuil@gmail.com mathildesautreuil.github.io

Expériences professionnelles

Janvier 2022 -

Post-doctorante en Biostatistiques, sous la direction de Franck Picard

Juin 2023 LBMC, Équipe Systems Biology of Decision Making, ENS Lyon.

Le sujet concerne le développement de méthodes de réduction de dimension et d'intégration de données génomiques spatialisées.

Octobre 2020 -Octobre 2021

Ingénieure de recherche en Biostatistiques, sous la direction de Guillem Rigaill et Etienne Delannoy

LaMME, Équipe Stat et Génome - IPS2, Équipe Gnet, Université Paris-Saclay. Le sujet concerne la détection d'empreintes PPR en utilisant des méthodes de Machine Learning à partir de données RNA-seq de petits ARNs chez Arabidopsis Thaliana.

Octobre 2017 -Octobre 2020 Doctrante en Biostatistiques, sous la direction du Pr Paul-Henry Cournède et du Dr Sarah Lemler Biomathematics - Laboratoire MICS, CentraleSupélec.

Le sujet concerne l'analyse de survie et la détection de marqueurs en oncologie dont les principaux objectifs sont :

l'étude des méthodes de sélection de variables pour détecter les biomarqueurs dans le cas du cancer du rein;

o l'étude et l'adaptation pour la grande dimension de réseaux de neurones pour la prédiction de la durée de survie à partir de données RNA-seq.

Octobre 2015 -Juillet 2017

Apprentie en Biostatistiques, sous la direction du Dr Caroline Bérard et du Dr Nicolas Vergne LITIS EA 4108, Équipe TIBS - LMRS UMR 6085 CNRS, Équipe Statistique, Rouen.

Les objectifs de mon apprentissage consistait en le développement o d'une nouvelle méthode statistique (modèle de mélange) pour l'analyse de données RNA-seq;

o d'un package R pour les modèles de Markov et semi-Markov;

o d'une interface web automatisée Shiny pour le traitement de données qRT-PCR.

Formation

2017-2021 **Doctorat en Mathématiques Appliquées**, MICS, CentraleSupélec, Université Paris-Saclay.

Master 2 Bioinformatique en alternance, Mention Très Bien, Normandie Université, 2015-2017 Université de Rouen Normandie.

2014-2015 Master 1 Bioinformatique, Normandie Université, Université de Rouen Normandie.

2011-2014 Licence de Mathématiques, Normandie Université, Université de Rouen Normandie.

Activités de recherche

Publications

- -Mathilde Sautreuil, Sarah Lemler, Paul-Henry Cournède, Benchmarking the Stability of Variable Selection Methods in the Cox Model, en préparation.
- -Mathilde Sautreuil, Sarah Lemler, Paul-Henry Cournède, Neural networks to predict survival from RNA-seq data in oncology, Computational Methods in Systems Biology, Lecture Notes in Computer Science, 2021.
- -Diana Tronik-Le Roux, Mathilde Sautreuil, Mahmoud Bentriou, et al., Comprehensive landscape of immune-checkpoints uncovered in clear cell renal cell carcinoma reveals new and emerging therapeutic targets, Cancer Immunology, Immunotherapy, 2020.
- -Vlad Stefan Barbu, Caroline Bérard, Dominique Cellier, Mathilde Sautreuil, Nicolas Vergne. SMM: An R Package for Estimation and Simulation of Discrete-time semi-Markov Models, The R Journal, Norman Matloff, 2018.

Acte de conférences

- -Mathilde Sautreuil, Sarah Lemler, Paul-Henry Cournède. *Neural networks to predict survival from RNA-seq data in oncology*, CMSB, 2021, Bordeaux.
- -Mathilde Sautreuil, Sarah Lemler, Paul-Henry Cournède. Study of neural networks to predict the survival in oncology, EYSM, 2021, Athens.
- -Mathilde Sautreuil, Sarah Lemler, Paul-Henry Cournède. Study of neural networks to predict the survival in oncology, StatMod, 2020, Bucharest.
- -Mathilde Sautreuil, Sarah Lemler, Paul-Henry Cournède. Réseaux de neurones pour l'analyse de survie en grande dimension, JDS, 2019, Nancy.
- -Mathilde Sautreuil, Caroline Bérard, Gaëlle Chagny, Antoine Channarond, Angelina Roche, Nicolas Vergne. *Modèle de mélange binomial négatif bivarié pour l'analyse de données RNA-Seq*, JDS, 2018, Paris.
- -Vlad Stefan Barbu, Caroline Bérard, Dominique Cellier, Mathilde Sautreuil, Nicolas Vergne. Estimation paramétrique des chaînes semi-markoviennes pour des données censurées, JDS, 2017, Avignon.

Communications orales

- 2021 19th International Conference on Computational Methods in Systems Biology (CMSB2021), Bordeaux.
- 2021 22nd European Young Statisticians Meeting (EYSM2021), Athens (Greece).
- 2020 StatMod (Statistical Modeling with Applications), Bucharest (Romania).
- 2019 50èmes Journées de Statistique (JDS2019), Nancy.
- 2018 49èmes Journées de Statistique (JDS2018), Paris-Saclay.
- 2017 48èmes Journées de Statistique (JDS2017), Avignon.
- 2017 Journée NormaSTIC (axe Données, Apprentissage, Connaissance), Rouen.

- 2021 Journées Ouvertes Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM2021), Paris (Colloque virtuel).
- 2018 Journée de l'école doctorale (ED 573), Versailles.
- 2017 Journées Ouvertes Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM2017), Lille.

Développement d'outils

- Package R survMS: an R package for the simulation of survival data from Cox, AFT and AH models, disponible sur le cran et sur https://github.com/mathildesautreuil/survMS.
 - Package NNsurv: Neural Networks based on a discrete-time model to predict the survival duration, Python https://github.com/mathildesautreuil/nnsurv.
- SMM: An R Package for Estimation and Simulation of Discrete-time semi-Markov Models, Package R https://cran.r-project.org/web/packages/SMM/.
- Application PROqPCR: PROcessing of qRT-PCR data, web Shiny https://qpcrapp.shinyapps.io/proqpcr/.

Responsabilités

- 2021- Membre du bureau du groupe "Jeunes" de la SFdS (Trésorière)
- 2018-2021 Membre du bureau élargi du groupe "Jeunes" de la SFdS
- 2018-2020 Responsable doctorants du laboratoire MICS
- 2018-2019 Projet BOUM Séminaire IA (Intelligence Artificielle)
 - 2019 Congrès MATh.en.JEANS 2019 Saclay

Enseignements

2018-2021 Enseignante vacataire, M2 Bioinformatique, Université de Rouen, Normandie Université.

Création de supports :

- Cours Introduction à Shiny (Framework d'applications web R)/TP de Shiny (R)
- Cours et TP: Rappels des tests statistiques dans le cadre de GSEA (Gene Set Enrichment Analysis)
- 2019 Enseignante vacataire, CentraleSupélec, Université Paris-Saclay.
 - TP de Machine learning en python
- 2018-2019 Enseignante vacataire, DUT GEA (Gestion des Entreprises et des Administrations), IUT de Sceaux, Université Paris-Sud.
 - TD de mathématiques (Étude de fonctions, matrices)
 - TD/TP de statistiques descriptives
 - o TD de probabilités (Modèle probabiliste, variables aléatoires)
- 2017-2018 Enseignante vacataire, CentraleSupélec, Université Paris-Saclay.
 - o TD/TP de Modélisation du Vivant en troisième année
 - o Encadrements de projets en première année
 - 2017 Enseignante vacataire, Université de Rouen, Normandie Université.
 - TD de Biosatistiques en L2 SVT (Sciences de la Vie et de la Terre)
 - TP de Statistiques en L3 EBO (Écologie et Biologie des Organismes)

Références

Pr Paul-Henry Cournède

Professeur

Laboratoire de Mathématiques et Informatique pour la Complexité et les Systèmes

CentraleSupélec, Université Paris-Saclay

□ paul-henry.cournède@ecp.fr
 □ +33 1 75 31 67 86

Dr Sarah Lemler

Maître de conférences

Laboratoire de Mathématiques et Informatique pour la Complexité et les Systèmes

CentraleSupélec, Université Paris-Saclay

⊠ sårah.lemler@ecp.fr

☎ +33 1 75 31 68 85

Dr Caroline Bérard

Maître de conférences Laboratoire d'Informatique et Traitement de l'Information et des Systèmes

Université de Rouen Normandie □ caroline.berard@univ-rouen.fr

☎ +33 2 35 14 65 82