



Journées de « Statistique & Santé »

1^{ER} ET 2 OCTOBRE 2020

CONSERVATOIRE NATIONAL DES ARTS ET METIERS

Lieu de l'événement : Amphithéâtre Abbé Grégoire, 292 rue Saint-Martin, 75003 Paris

Contacts organisateur : 0652219496 ou 0662333028

Jeudi 1^{er} octobre

9h15 - 9h45 **Accueil des participants**

9h45 - 10h00 **Nicolas SAVY** Présentation du GDR Statistiques & Santé
Mounia N. HOCINE Présentation de la SFB
Emmanuel PHAM Présentation du groupe Biopharmacie de la SFdS
Mounia N. HOCINE Présentation des journées

10h00 - 11h00 : **Conférencier invité : Bertrand MICHEL**
Ecole Centrale de Nantes - Laboratoire de Mathématiques Jean Leray

Introduction à l'analyse topologique des données et application à l'étude du mouvement

L'analyse topologique des données est un ensemble de méthodes en topologie appliquée et en sciences des données qui vise à extraire et étudier des signatures topologiques pour des fonctions ou des nuages de points. Dans cet exposé, je proposerai une introduction à l'homologie persistante et je donnerai quelques résultats statistiques pour cette méthode topologique. Je présenterai enfin une application pour l'étude du mouvement à partir de données d'accéléromètres (dans le cadre d'un projet industriel avec l'entreprise Sysnav).

11h00 - 11h30 : **Charlotte CASTEL**
Santé publique France, Direction Appui, Traitements et Analyses de données
Modélisation bayésienne d'un modèle multi-réponses mixte non linéaire : application à la dynamique des biomarqueurs d'infection récente au VIH.

11h30 - 11h45 **Vincent VANDEWALLE**
Université de Lille, CHU Lille, ULR 2694 Evaluations des technologies de santé et des pratiques médicales - Equipe MODAL, Inria Lille
Estimation du nombre de problèmes et détermination du nombre de sujets nécessaires dans les études d'utilisabilité : une approche bayésienne.

11h45 - 12h00 **Pierre-Emmanuel SUGIER**
Laboratoire de Mathématiques et de leurs Applications de Pau - CESP (Center for Research in Epidemiology and Population Health), INSERM - School of Mathematical Sciences, Queensland University of Technology - ARC Centre of Excellence for Mathematical and Statistical Frontiers, Queensland University of Technology, Brisbane, Australia
Méthodes bayésiennes adaptées pour l'analyse des effets de la pléiotropie dans les cancers.

Pause déjeuner

13h30 - 14h30 **Conférencier invité : Simon CAUCHEMEZ**
Mathematical Modelling of Infectious Diseases Unit, Institut Pasteur Paris

Analyse et modélisation de la pandémie de SARS-CoV-2 en France.

Dans cette présentation, je reviendrai sur les analyses réalisées depuis le début de la pandémie de SARS-CoV-2 pour tenter de mieux comprendre la transmissibilité et de sévérité du virus dans un contexte de grande incertitude. Je montrerai comment ces analyses ont évolué avec l'arrivée de nouvelles données et comment ces analyses ont été utilisées pour soutenir la réponse à cette crise sans précédent.

14h30 - 15h00 **Anthony DEVAUX**
Bordeaux Population Health, Inserm U1219, Equipe Biostatistique
Prédiction dynamique individuelle d'évènement de santé à partir de multiples données longitudinales.

15h00 - 15h15 **Alexandra LAVALLEY-MORELLE**
IAME (UMR 1137)
Prédictions individuelles dynamiques du risque de décès à l'aide d'un modèle conjoint : application aux patients admis en soins intensifs pour sepsis.

15h15 - 15h30 **Ajmal OODALLY**
Université Paris-Sud, INRAE
Analyse de données d'épidémie de malaria par un modèle à fragilités univariées à corrélations spatiales.

Pause

16h00 -16h30 **Tom DUCHEMIN**
CNAM / Malakoff Humanis
Modèle de surveillance pour l'identification de pics sur données longitudinales : le cas des arrêts maladie.

16h30 - 16h45 **Nathanaël RANDRIAMIHAMISON**
INRAE Toulouse, INRIA Bordeaux, Institut de Mathématiques de Toulouse
Classification ascendante hiérarchique sous contrainte d'ordre pour l'analyse différentielle de données Hi-C.

16h45 - 17h45 **Conférencier invité : Lucie BIARD**
Hôpital Saint-Louis - Paris

Approches bayésiennes pour intégrer des données historiques dans les essais cliniques de phase 3

Les méthodes bayésiennes demeurent peu utilisées pour les essais cliniques randomisés contrôlés. Ces méthodes sont d'autant moins proposées dans le cas de critères d'évaluation de survie, qui apportent de éléments de complexité à la spécification du modèle d'analyse, pourtant fréquemment utilisés, en cancérologie par exemple. De plus, les méthodes bayésiennes permettent l'intégration de connaissances *a priori*, telles que des données historiques, pour l'évaluation de cet effet. L'objectif de ce travail est d'illustrer l'utilisation de méthodes bayésiennes pour l'analyse d'essais cliniques de phase 3 avec un critère d'évaluation principal censuré, avec incorporation de données extérieures. À travers 2 exemples en héματο-cancérologie, l'essai ALLOZITHRO et l'essai CLL7-SA, nous illustrons différents aspects de cette approche, avec des modèles de survie à risques proportionnels : les méthodes pour intégrer des données extérieures (agrégés ou individuelles) et les analyses séquentielles pour les essais cliniques.

17h45 - 18h30 **Réunion du Bureau du GDR Statistiques et Santé**
(Membres du bureau uniquement)

Vendredi 2 octobre

9h30 - 10h30 **Conférencier invité : Boris HEJBLUM**
Université de Bordeaux, Inserm U1219 Bordeaux Population Health, Inria Bordeaux-Sud-Ouest, équipe SISTM

Apprentissage non-supervisé pour le traitement de données de cytométrie en flux

Les données de cytométrie, et en particulier les données de cytométrie en flux ou en masse (CyTOF), mesurent la quantité de certains marqueurs extra et intra-cellulaires à l'échelle de la cellule. Un objectif important dans leur traitement est d'identifier et de quantifier les différentes populations cellulaires représentées dans un échantillon biologique (qui contient souvent plusieurs dizaines de milliers de cellules). La résolution algorithmique de cette tâche est appelée « fenêtrage automatique » (*automatic gating*). Dans cet exposé, je présenterai plusieurs avancées récentes dans ce domaine, avec d'une part des approches non-supervisées s'appuyant sur des modèles bayésiens non-paramétriques ou sur la construction d'arbres binaires, et d'autre part des approches supervisées qui utilisent le transport optimal.

10h30 - 11h00 : **Romain DEMEULEMEESTER**
Unité INSERM 1027 Toulouse
Méthodes d'appariement optimal pour l'analyse des parcours de soins

Pause

11h15 - 11h30 **Jade VADEL**
Département d'Epidémiologie et Real-World Evidence (DPE-RWE) - laboratoires Servier
Méthodologie des scores de propension en haute dimension

11h30 – 12h00 **Camille SABATHE**
UMR 1246 INSERM SPHERE, Université de Nantes, Université de Tours
Aider à la décision d'un changement de traitement chez des patients atteints de sclérose en plaques à partir de scores de propensions dynamiques

Pause déjeuner

13h30 - 14h30 **Conférencier invité : Stéphane ROBIN**
UMR MIA Paris : AgroParisTech / INRA / univ. Paris Saclay

Quelques modèles à variables latentes pour l'écologie.

14h30 – 15h00 **Allan JEROLON**
Université de Paris, CNRS, MAP5
Sélection de médiateurs en grande dimension.

15h00 - 15h15 **Abdellatif ELLOUMI**
Université de Gabes - U2R Economie Appliquée et Simulation – Mahdia – Université de Monastir
Estimation et validation par *bootstrap* des causes des troubles du sommeil via un modèle Logit multinomial ordonné.

15h15 - 15h30 **Mélanie GUHL**

Inserm UMR 1137, Unité IAME, Equipe BIPID

Approches statistiques par modélisation pour les études de bioéquivalence pharmacocinétique avec données éparées.

Pause

16h00 - 16h15 **Valentin POHYER**

Laboratoire Roche

Développements d'algorithmes ciblés d'analyse d'images numérisées de prélèvements tumoraux dans le cancer du rein afin de déterminer le statut du biomarqueur PD-L1.

16h15 - 16h30 **Héloïse MOUTON**

Laboratoires Servier R&D

Analyse de données multi-omiques pour une étude préclinique sur la stéato-hépatite non-alcoolique

16h30 - 17h30 **Conférenciers invités : Lauréats du prix Daniel Schwartz de la SFB**

Simon BUSSY

Sorbonne Université, LPSM et CNRS

Introduction of high-dimensional interpretable machine learning models and their applications

Corentin SEGALAS

Department of Medical Statistics, London School of Hygiene and Tropical Medicine

Inference on random changepoint models: application to pre-dementia cognitive decline

17h30 - 18h00 **Assemblée Générale de la SFB**

18h00 Clôture des journées

Plan du Cnam

(1 : Amphi J. B. Say, 2 : salle John Snow, 37 : salle de réunion, 39 : salon d'honneur)

