

RETRANSMISES EN VISIO

## Les journées du GDR « Statistiques et santé »

Les prochaines journées conjointes du GDR « Statistique et Santé » et de la Société française de biométrie se veulent être une occasion d'échanges et de collaborations entre les nombreuses équipes de recherches travaillant autour du thème « Statistique et Santé ».

### Programme du jeudi 1<sup>er</sup> octobre

9h15 - 9h45	Accueil des participants
9h45 - 10h	<p><b>Nicolas Savy</b> : Presentation du GDR Statistiques &amp; Sante  <b>Mounia N. Hocine</b> : Presentation de la SFB  <b>Emmanuel Pham</b> : Presentation du groupe Biopharmacie de la SFdS  <b>Mounia N. Hocine</b> : Presentation des journees</p>
10h - 11h	<p><b>Conférence invité : Bertrand Michel, Ecole Centrale de Nantes - Laboratoire de Mathématiques Jean Leray</b></p> <p><b>Introduction a l'analyse topologique des donnees et application a l'etude du mouvement</b></p> <p>L'analyse topologique des donnees est un ensemble de methodes en topologie appliquee et en sciences des donnees qui vise a extraire et etudier des signatures topologiques pour des fonctions ou des nuages de points. Dans cet expose, je proposerai une introduction a l'homologie persistante et je donnerai quelques resultats statistiques pour cette methode topologique. Je presenterai enfin une application pour l'etude du mouvement a partir de donnees d'accelerometres (dans le cadre d'un projet industriel avec l'entreprise Sysnav).</p>
11h - 11h30	<p><b>Charlotte Castel, Sante publique France, Direction Appui, Traitements et Analyses de donnees</b></p> <p><b>Modelisation bayesienne d'un modele multi-reponses mixte non lineaire : application a la dynamique des biomarqueurs d'infection recente au VIH.</b></p>
11h30 - 11h45	<p><b>Vincent Vandewalle, Universite de Lille, CHU Lille, ULR 2694 Evaluations des technologies de sante et des pratiques medicales - Equipe MODAL, Inria Lille</b></p> <p><b>Estimation du nombre de problemes et determination du nombre de sujets necessaires dans les etudes d'utilisabilite : une approche bayesienne.</b></p>
11h45 - 12h	<p><b>Pierre-Emmanuel Sugier, Laboratoire de Mathematiques 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</b></p> <p><b>Methodes bayesiennes adaptees pour l'analyse des effets de la pleiotropie dans les cancers.</b></p>

13h30 - 14h30	<p><b>Conférencier invité : Simon Cauchemez, <i>Mathematical Modelling of Infectious Diseases Unit, Institut Pasteur Paris</i></b></p> <p><b>Analyse et modélisation de la pandémie de SARS-CoV-2 en France.</b></p> <p>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.</p>
14h30 - 15h	<p><b>Anthony Devaux, <i>Bordeaux Population Health, Inserm U1219, Equipe Biostatistique</i></b></p> <p><b>Prediction dynamique individuelle d'événement de santé à partir de multiples données longitudinales.</b></p>
15h - 15h15	<p><b>Alexandra Lavalley-Morelle, <i>IAME (UMR 1137)</i></b></p> <p><b>Predictions individuelles dynamiques du risque de décès à l'aide d'un modèle conjoint : application aux patients admis en soins intensifs pour sepsis.</b></p>
15h15 - 15h30	<p><b>Ajmal Oodally, <i>Université Paris-Sud, INRAE</i></b></p> <p><b>Analyse de données d'épidémie de malaria par un modèle à fragilités univariées à corrélations spatiales.</b></p>
16h - 16h30	<p><b>Tom Duchemin, <i>Cnam / Malakoff Humanis</i></b></p> <p><b>Modèle de surveillance pour l'identification de pics sur données longitudinales : le cas des arrêts maladie.</b></p>
16h30-16h45	<p><b>Nathanael Randriamihison, <i>INRAE Toulouse, INRIA Bordeaux, Institut de Mathématiques de Toulouse</i></b></p> <p><b>Classification ascendante hiérarchique sous contrainte d'ordre pour l'analyse différentielle de données Hi-C.</b></p>
16h45 - 17h45	<p><b>Conférencier invité : Lucie Briard, <i>hôpital Saint-Louis - Paris</i></b></p> <p><b>Approches bayésiennes pour intégrer des données historiques dans les essais cliniques de phase 3</b></p> <p>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 censure, avec incorporation de données extérieures. À travers 2 exemples en hématologie-oncologie, 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 (agrégées ou individuelles) et les analyses séquentielles pour les essais cliniques.</p>

17h45 - 18h30	Reunion du Bureau du GDR Statistiques et Sante (Membres du bureau uniquement)
------------------	---

## Programme du vendredi 2 octobre

9h30 - 10h30	<p><b>Conferecier invite :Boris Hejblum, <i>Universite de Bordeaux, Inserm U1219 Bordeaux Population Health, Inria Bordeaux-Sud- Ouest, equipe SISTM</i></b></p> <p><b>Apprentissage non-supervise pour le traitement de donnees de cytometrie en flux</b></p> <p>Les donnees de cytometrie, et en particulier les donnees de cytometrie en flux ou en masse (CyTOF), mesurent la quantite de certains marqueurs extra et intra-cellulaires a l'echelle de la cellule. Un objectif important dans leur traitement est d'identifier et de quantifier les differentes populations cellulaires representees dans un echantillon biologique (qui contient souvent plusieurs dizaines de milliers de cellules). La resolution algorithmique de cette tache est appelee « fenetrage automatique » (automatic gating). Dans cet expose, je presenterai plusieurs avancees recentes dans ce domaine, avec d'une part des approches non-supervisees s'appuyant sur des modeles bayesiens non-parametriques ou sur la construction d'arbres binaires, et d'autre part des approches supervisees qui utilisent le transport optimal.</p>
10h30 - 11h	<p><b>Romain Demeulemeester, <i>Unite INSERM 1027 Toulouse</i></b></p> <p><b>Methodes d'appariement optimal pour l'analyse des parcours de soins</b></p>
11h15 - 11h30	<p><b>Jade Vadel, <i>Departement d'Epidemiologie et Real-World Evidence (DPE-RWE) - laboratoires Servier</i></b></p> <p><b>Methodologie des scores de propension en haute dimension</b></p>
11h30 - 12h	<p><b>Camille Sabathe, <i>UMR 1246 INSERM SPHERE, Universite de Nantes, Universite de Tours</i></b></p> <p><b>Aider a la decision d'un changement de traitement chez des patients atteints de sclerose en plaques a partir de scores de propensions dynamiques</b></p>
12h - 13h30	Déjeuner
13h30 - 14h30	<p><b>Conferecier invite : Stéphane Robin, <i>UMR MIA Paris : AgroParisTech / INRA / univ. Paris Saclay</i></b></p> <p><b>Quelques modèles à variables latentes pour l'écologie</b></p>
14h30 - 15h	<p><b>Allan Jerolon, <i>Universite de Paris, CNRS, MAP5</i></b></p> <p><b>Selection de mediateurs en grande dimension.</b></p>
15h - 15h15	<p><b>Abdellatif Elloumi, <i>Universite de Gabes - U2R Economie Appliquee et Simulation – Mahdia – Universite de Monastir</i></b></p> <p><b>Estimation et validation par bootstrap des causes des troubles du sommeil via un modele Logit multinomial ordonne.</b></p>
15h15 - 15h30	<p><b>Melanie GUHL, <i>Inserm UMR 1137, Unite IAME, Equipe BIPID</i></b></p>

	<b>Approches statistiques par modelisation pour les etudes de bioequivalence pharmacocinetique avec donnees eparses.</b>
16h - 16h15	<b>Valentin Pohyer, Laboratoire Roche</b>  <b>Developpements d'algorithmes cibles d'analyse d'images numerisees de prelevements tumoraux dans le cancer du rein afin de determiner le statut du biomarqueur PD-L1.</b>
16h15 -16h30	<b>Heloise Mouton, Laboratoires Servier R&amp;D</b>  <b>Analyse de donnees multi-omiques pour une etude preclinique sur la steato-hepatite non-alcoolique</b>
16h30 - 17h30	<b>Conferenciers invites : Laureats du prix Daniel Schwartz de la SFB</b>  <b>Simon Bussy, Sorbonne Universite, LPSM et CNRS</b>  <b>Introduction of high-dimensional interpretable machine learning models and their applications</b>  <b>Corentin Segalas, Department of Medical Statistics, London School of Hygiene and Tropical Medicine</b>  <b>Inference on random changepoint models: application to pre-dementia cognitive decline</b>
17h30 - 18h	Assemblee Generale de la SFB
18h	Cloture des journees

En raison de la crise sanitaire, cette édition aura un format un très particulier. La diffusion de la conférence se fera par le biais d'une application simple (<https://cnamvisio.cnam.fr/>), lancée dans un navigateur, et permettant les interactions : voix, échange de fichiers, chat ne nécessitant ni programmation, ni intervention autre que celle des modérateurs. Les membres des bureaux des trois comités seront présents au Cnam pour animer ces journées.

Deux options sont possibles pour les intervenants : soit être présent au Cnam pour une présentation en direct, soit diffuser un enregistrement de la présentation.

Dans ce cadre, nous vous proposons quelques thèmes privilégiés :

- Environnement et Agronomie
- Modélisation et gestion du risque en santé publique
- Économie de la santé
- Recherche clinique en grande dimension
- Approche statistique de la causalité
- Modélisation des maladies infectieuses
- Modélisation des valeurs extrêmes en santé
- Mesure de la prédictibilité des modèles
- Épidémiologie et modèles markoviens cachés
- Interactions gène-environnement
- Statistique et médecine personnalisée
- Modèles conjoints

**INSCRIPTION GRATUITE MAIS OBLIGATOIRE**



**1 octobre 2020 - 8h30**  
**2 octobre 2020 - 18h**

Paris Saint-Martin/Conté

Amphi. Abbé-Grégoire, accès 16