

Marc Manceau

Modélisation pour la Santé

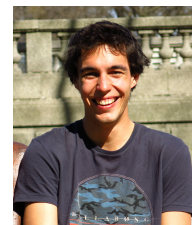
31 rue Lazare Carnot, 38000 Grenoble

France

☎ (+33) 6 37 48 58 57

✉ marc.manceau@gmail.com

🌐 normalesup.org/~manceau/fr



Éducation

- 2014 – 2018 **Doctorat, Modélisation probabiliste en biologie évolutive**, *Muséum National d'Histoire Naturelle, ENS et Collège de France*, Paris.
Modèles de naissance-mort et coalescent. Evolution de traits le long d'un arbre.
- 2012 – 2013 **Master de Mathématiques et Applications**, *Université Pierre et Marie Curie*, Paris.
Méthodes numériques probabilistes, processus de Markov, calcul stochastique, statistiques.
- 2010 – 2012 **L3 de Biologie et M1 Ecologie, Biodiversité, Evolution**, *ENS*, Paris.
Génétique des populations, évolution moléculaire, mathématiques pour la modélisation.
- 2010 – 2015 **École Normale Supérieure (ENS)**, Paris.
Reçu sur concours pour 4 ans de scolarité.
- 2008 – 2010 **Classe préparatoire**, *Lycée Henri 4*, Paris.
Sciences de la vie, géologie, chimie, physique, mathématiques.

Expérience professionnelle

- 10.2022 – . **Statisticien – Statistiques appliquées aux essais cliniques**, *Centre Hospitalo-Universitaire Grenoble Alpes (CHUGA)*, Grenoble, France.
Statistiques, analyse de données et visualisation de données pour les essais cliniques. Enseignement des statistiques à l'hôpital et à l'université.
- 12.2021 – . **Freelance data scientist – Statistiques et enseignement**, Grenoble, France.
Data science pour l'industrie et l'académique (incluant l'OMS) et enseignement en statistiques.
- 11.2018 – 11.2021 **Post-doctorat – Statistiques en épidémiologie**, *ETH Zürich*, Bâle, Suisse.
Au sein du groupe de Tanja Stadler.
Modélisation probabiliste pour l'étude d'épidémies à partir de séquences génétiques virales.
- 09.2014 – 08.2018 **Doctorat – Modélisation mathématique de l'évolution du vivant.**, *École Normale Supérieure and Collège de France*, Paris.
Dirigé par Hélène Morlon et Amaury Lambert.
Développement de modèles probabilistes pour l'étude de l'évolution du vivant sur de longues échelles temporelles.
- 09.2013 – 03.2014 **Stage (année sabbatique) – Terrain en écologie**, *Institut de Recherche pour le Développement (IRD)*, Nouméa, Nouvelle-Calédonie.
Sous la supervision d'Hervé Jourdan.
Etude de l'impact d'espèces invasives sur l'herpétofaune endémique de Nouvelle-Calédonie.
- 01.2013 – 08.2013 **Stage de Master (M2) – Modélisation mathématique de la recombinaison**, *École des Ponts ParisTech*, Paris.
Sous la supervision de Jean-François Delmas.
Prise en compte de la recombinaison dans les modèles de coalescence en génétique des populations.
- 02.2012 – 08.2012 **Stage de Master (M1) – Modélisation mathématique**, *Collège de France*, Paris.
Sous la supervision d'Amaury Lambert et Hélène Morlon.
Modélisation individu-centrée de la diversification.

Financements obtenus

ETH Fellowship (Suisse) obtenu en 2019 pour un budget total de 231 200 CHF (environ 280 000 USD).

Expérience d'enseignement

- 01.2023 – . **Statistiques pour la santé**, *CHUGA*, Grenoble, France, ~20h.
Statistiques pour les essais cliniques et l'épidémiologie : concepts de base, modèles linéaires (LM), modèles linéaires généralisés (GLM), modèles à effets mixtes (LMM et GLMM), analyse de survie.
- 05.2022 – . **Data Science et visualisation de données**, *ESTIAM*, Lyon, France, ~80h.
Visualisation de données et manipulation de données avec R, tidyverse et ggplot2. Statistiques résumées de tendance centrale, dispersion et données bivariées. Lois de probabilité discrètes et continues classiques. Régression linéaire.
- 09.2022 – 10.2022 **Analyse de séries temporelles**, *ESTIAM*, Lyon, France, ~20h.
Analyse de séries temporelles avec R. Modèle additif ou multiplicatif, tendance, saisonnalité, autocorrélation. Modèles "moving average" (MA) et "auto-regressifs" (RA), ARIMA. Prédiction.
- 10.2019 – 11.2021 **Biologie computationnelle**, *ETH*, Zürich et Bâle, Suisse, ~50h.
Cours de Master de Biologie. Alignement de séquences génétique, modèles d'évolution moléculaire, modèles d'évolution de traits continus, modèles de diversification, méthodes phylogénétiques Bayésiennes.
- 10.2019 – 06.2021 **Séminaire étudiant en biologie computationnelle**, *ETH*, Zürich et Bâle, Suisse, ~10h.
Choice and discussion of relevant papers around the modeling of life evolution.
- 09.2015 – 06.2018 **Informatique, Mathématiques et Statistiques**, *Université Pierre et Marie Curie*, Paris, ~180h.
Introduction à la programmation avec le langage Python pour des étudiants de L2 en biologie. Mathématiques et statistiques pour des étudiants de L3 en biologie. Systèmes dynamiques pour la modélisation en biologie. Tests d'hypothèses utiles pour la biologie.
- 09.2015 – 06.2018 **Interventions en Master: modélisation pour la macroévolution**, *École Polytechnique et ENS*, Paris, ~10h.
Modéliser l'évolution d'un trait le long d'une phylogénie, pour le Master Maths-SV et le Master EBE.
- 09.2014 – 06.2015 **Informatique en classe préparatoire BCPST**, *Lycée Henri 4*, Paris, ~60h.
Initiation à la programmation en Python pour les élèves de première année. Accompagnement de projets d'informatique axés sur la modélisation d'un problème biologique, pour les élèves de deuxième année.
- 09.2010 – 06.2011 **Mathématiques au lycée**, *Animaths*, Paris, ~10h.
Enseignement bénévole pour des élèves de zones d'éducation prioritaire.

Encadrement d'étudiants

- 03.2021 – 06.2021 **Zoé Vaquette**, *Stage court*.
Compilation de résultats de génétique des populations pour mieux comprendre l'émergence et la progression de variants du SARS-CoV-2
- 11.2020 – 07.2021 **Antoine Zwaans**, *Thèse de Master*.
Reconstruction d'une phylogénie cellulaire en biologie du développement
- 07.2020 – 08.2020 **Remo Bättig**, *Stage court*.
Implémentation d'une méthode d'inférence pour un modèle de naissance-mort logistique
- 02.2020 – 06.2020 **Jérémy Andréoletti**, *Stage longue (M1)*.
Etude de la diversité des cétacés à partir de données fossiles et actuelles, avec caractères morphologique, moléculaires, ou absence de caractères
- 02.2020 – 05.2020 **Antoine Zwaans**, *Stage long*.
Reconstruction de la prévalence d'une épidémie à partir de séquences génétiques virales et de données de comptage

Publications

Léa Liaigre, Alicia Guigui, **Marc Manceau**, Jean-Luc Cracowski, Charles Khouri, Matthieu Roustit. 2025.
Trial-level surrogacy of non-high-density and low-density lipoprotein cholesterol reduction on the clinical efficacy of statins.

European Heart Journal - Cardiovascular Pharmacotherapy.

<https://doi.org/10.1093/ehjcvp/pvaf016>

Eleonora Sosa Cuevas, Stéphane Mouret, Guillaume Vayssière, Siham Kerboua, Pauline Girard, Jean-Paul Molens, **Marc Manceau**, Julie Charles, Philippe Saas, Caroline Aspod. 2024.

Circulating immune landscape in melanoma patients undergoing anti-PD1 therapy reveals key immune features according to clinical response to treatment.

Frontiers in Immunology. 15.

<https://doi.org/10.3389/fimmu.2024.1507938>

B Revol, T Willeman, **M Manceau**, V Dumestre-Toulet, J-M Gaulier, H Eysseric-Guérin, et al. 2024.

Trends in fatal poisoning among medical users of analgesics in France from 2013 to 2022: an analysis of the DTA register.

Public Health. 236:381-385.

<https://doi.org/10.1016/j.puhe.2024.08.019>

Alicia Guigui, Léa Liaigre, **Marc Manceau**, Olivier Gaget, Jean-Luc Cracowski, Sophie Blaise, Charles Khouri, Matthieu Roustit. 2024.

Assessment of digital perfusion as a surrogate outcome in Raynaud's phenomenon clinical trials.

Rheumatology. 63:1502–1506.

<https://doi.org/10.1093/rheumatology/kead337>

Alex Hlavaty, Matthieu Roustit, **Marc Manceau**, Jean-Luc Cracowski, Charles Khouri. 2024.

The Christmas adverse event syndrome: An analysis of the WHO pharmacovigilance database.

Therapies. 79:675–679.

<https://doi.org/10.1016/j.therap.2023.11.004>

Julien Ghelfi, Zuzana Macek Jilkova, Christian Sengel, Bleuenn Brusset, Yann Teyssier, Charlotte Costentin, et al. 2024.

PD1 and TIM3 Expression is Associated with Very Early Hepatocellular Carcinoma Recurrence After Percutaneous Thermal Ablation.

Journal of Hepatocellular Carcinoma. 11:39–50.

<https://doi.org/10.2147/JHC.S443134>

Théo Willeman, Justine Grunwald, **Marc Manceau**, Frédéric Lapierre, Lila Krebs-Drouot, Coralie Boudin, Virginie Scolan, Hélène Eysseric-Guerin, Françoise Stanke-Labesque, Bruno Revol. 2024.

Smartphone swabs as an emerging tool for toxicology testing: a proof-of-concept study in a nightclub.

Clinical Chemistry and Laboratory Medicine (CCLM). 62:1845–1852.

<https://doi.org/10.1515/cc1m-2024-0242>

Bruno Revol, Théo Willeman, **Marc Manceau**, Véronique Dumestre-Toulet, Jean-Michel Gaulier, Nathalie Fouilhé Sam-Laï, Hélène Eysseric-Guérin, CNBAE Compagnie Nationale des Biologistes et Analystes Experts, FAN the French Addictovigilance Network. 2023.

Trends in Fatal Poisoning Among Drug Users in France From 2011 to 2021: An Analysis of the DRAMES Register.

JAMA Network Open. 6:e2331398-e2331398.

<https://doi.org/10.1001/jamanetworkopen.2023.31398>

Jérémy Andréoletti, Antoine Zwaans, Rachel C M Warnock, Gabriel Aguirre-Fernández, Joëlle Barido-Sottani, Ankit Gupta, Tanja Stadler, **Marc Manceau**. 2022.

The Occurrence Birth–Death Process for Combined-Evidence Analysis in Macroevolution and Epidemiology.
Systematic Biology. 71:1440-1452.
<https://doi.org/10.1093/sysbio/syac037>

Marc Manceau. 2021.

The infinite alleles model revisited: a Gibbs sampling approach.
bioRxiv.
<https://doi.org/10.1101/2021.07.21.452479>

Chaoran Chen, Sarah Nadeau, Ivan Topolsky, **Marc Manceau**, Jana S. Huisman, Kim Philipp Jablonski, et al. 2021.

Quantification of the spread of SARS-CoV-2 variant B.1.1.7 in Switzerland.
Epidemics. 37:100480.
<https://doi.org/10.1016/j.epidem.2021.100480>

Marc Manceau, Ankit Gupta, Timothy Vaughan, Tanja Stadler. 2021.

The probability distribution of the ancestral population size conditioned on the reconstructed phylogenetic tree with occurrence data.
Journal of Theoretical Biology. 509:110400.
<https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2020.110400>

Marc Manceau, Julie Marin, Hélène Morlon, Amaury Lambert. 2020.

Model-Based Inference of Punctuated Molecular Evolution.
Molecular Biology and Evolution. 37:3308-3323.
<https://doi.org/10.1093/molbev/msaa144>

Ankit Gupta, **Marc Manceau**, Timothy Vaughan, Mustafa Khammash, Tanja Stadler. 2020.

The probability distribution of the reconstructed phylogenetic tree with occurrence data.
Journal of Theoretical Biology. 488:110115.
<https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2019.110115>

Marc Manceau, Amaury Lambert. 2019.

The species problem from the modeler's point of view.
Bulletin of Mathematical Biology. 81:878-898.
<https://doi.org/10.1007/s11538-018-00536-2>

Marc Manceau, Amaury Lambert, Hélène Morlon. 2017.

A Unifying Comparative Phylogenetic Framework Including Traits Coevolving Across Interacting Lineages.
Systematic Biology. 66:551-568.
<https://doi.org/10.1093/sysbio/syw115>

Jonathan Drury, Julien Clavel, **Marc Manceau**, Hélène Morlon. 2016.

Estimating the effect of competition on trait evolution using maximum likelihood inference.
Systematic Biology. 65:700-710.
<https://doi.org/10.1093/sysbio/syw020>

Hélène Morlon, Eric Lewitus, Fabien L. Condamine, **Marc Manceau**, Julien Clavel, Jonathan Drury. 2016.

RPANDA: an R package for macroevolutionary analyses on phylogenetic trees.
Methods in Ecology and Evolution. 7:589-597.
<https://doi.org/10.1111/2041-210X.12526>

Marc Manceau, Amaury Lambert, Hélène Morlon. 2015.

Phylogenies support out-of-equilibrium models of biodiversity.
Ecology Letters. 18:347-356.
<https://doi.org/10.1111/ele.12415>

Expérience de peer-review

Expérience de peer-review de manuscrits scientifiques pour plusieurs journaux, incluant: Annals of Applied Statistics, Bioinformatics, Bulletin of Mathematical Biology, Ecology Letters, Evolution, Nature, Proceedings of the Royal Society B, Science, Systematic Biology .

Compétences spécifiques

Programmation

Science	Python, R, Scilab, Ocaml, C++
Web	PHP, HTML, CSS, SQL
Autre	LaTeX, bash

Langues

Français	Langue maternelle.
Anglais	Good working command.
Allemand	Débutant.
Espagnol	Débutant.

Activités extra-professionnelles

Eau	Plongée bouteille (Encadrant E3 FFESSM), apnée, planche à voile.
Montagne	Ski de randonnée, escalade, alpinisme, randonnée.
Photo	Photographie naturaliste.