

## **Dr Dominique Cellier - Biostatisticien**

Dr Dominique Cellier est biostatisticien au Laboratoire d'Informatique de Traitement de l'Information et des systèmes, à la faculté des Sciences de Rouen.

Sa préoccupation principale a été la mise en œuvre d'une politique d'enseignement pluridisciplinaire dans le cadre de sa participation à l'enseignement des biostatistiques dans les filières de biologie et tout particulièrement dans la coresponsabilité d'un DESS pluridisciplinaire de bioinformatique EGOISt devenu Master 2 de BioInforMatique EGOISt (Etude de Génomes : Outils Informatiques et Statistiques)

### **Curriculum Vitae**

1986 : Doctorat d'université - Université de Rouen - titre : Deux extensions des résultats classiques sur les estimateurs à rétrécisseur : cas de rétrécisseurs non différentiables - cas de lois à symétrie sphérique.

### **Activité de recherche**

#### **4 domaines différents :**

De 1971 à 1983 : théorie des probabilités et processus - étude de la R-réurrence des chaînes de Markov, processus ponctuels.

De 1984 à 1992 : statistique mathématique et théorie de la décision - estimateurs à rétrécisseurs, estimateurs de James-Stein.

De 1992 à 1995 : simulations par Méthodes de Monte Carlo par chaînes de Markov.  
1er semestre 1995 : congé pour reconversion thématique dans le département de Biométrie et Intelligence Artificielle (BIA) de l'INRA de Jouy en Josas. Analyse statistique des séquences biologiques et traitement de l'information en génétique moléculaire.

Depuis 1995 : statistique des séquences biologiques, bioinformatique dans le cadre pluridisciplinaire du groupe ABISS (Atelier de Biologie Informatique Statistique et Sociolinguistique) de l'Université de Rouen, du Groupe Statistique des Séquences Biologiques (SSB) qui regroupe des chercheurs de l'INRA (MIG), INA PG, des Universités de Paris 5, Evry et Toulouse.

#### **Ces dernières années, ses travaux ont porté sur les :**

- Modèles de Markov cachés et semi Markov cachés, algorithmes d'apprentissages et de segmentation. Applications à la recherche de régions homogènes dans les génomes, à l'alignement de séquences et à la prédiction de gènes dans les séquences génomiques eucaryotes (en collaboration avec le CGM de Gif sur Yvette, le CIRAD de Montpellier et l'Université d'Evry).
- Modèles d'évolution et applications à la phylogénie moléculaire.
- Lois des valeurs extrêmes, approximations de Poisson par la méthode de Chen Stein appliquées à la signification statistique des alignements de séquences biologiques et à l'analyse des répétitions dans les séquences génomiques modélisées par chaînes de Markov.
- Analyse statistique des données de puces à ADN, de transcriptomes et protéome en collaboration avec l'Unité INSERM 519 du CHU de Rouen.
- Début d'un travail sur la modélisation des réseaux de régulation de gènes par réseaux bayésiens.

Sa préoccupation principale a été la mise en œuvre d'une politique d'enseignement pluridisciplinaire

dans le cadre de sa participation à l'enseignement des biostatistiques dans les filières de biologie et tout particulièrement dans la coresponsabilité d'un DESS pluridisciplinaire de bioinformatique EGOISt devenu Master 2 de BioInforMatique EGOISt (Etude de Génomes : Outils Informatiques et Statistiques)

- Enseignement des statistiques dans les licences et masters de biologie.
- Enseignement de la statistique et bioinformatique en master de biologie.
- Enseignant, co-responsable et co-fondateur depuis 1999 du DESS/Master 2 EGOISt en alternance sur deux ans par apprentissage.