

Hervé Perdry

e-mail : herve.perdry@u-psud.fr
tél. 01 45 59 53 68

Né le 8 septembre 1972 à Nancy (Meurthe-et-Moselle).
Nationalité : française.

<https://genostats.github.io/>

Cursus professionnel

- [Septembre 2008 –] Maître de Conférences à l’Université Paris-Sud (UFR Médecine)
- [2006–août 2008] Post-doctorant INSERM à l’UMR-S 535 (Génétique épidémiologique et structure des populations humaines), unité mixte INSERM et Université Paris-Sud. Financement par l’ARSEP (Association pour la Recherche sur la Sclérose en Plaques) en 2006–2007 puis par l’INSERM.
- [2004–2006] Post-doctorant à l’Université de Pise (Italie). Financement par une bourse de recherche de l’Université de Pise dans le projet POSSO (*Polynomial System Solving*), puis par le réseau européen RAAG (*Real Analytic and Algebraic Geometry*).
- [2002–2004] Post-doctorant à l’université de Cantabrie (Espagne). Financement par le réseau RAAG puis par une bourse nationale espagnole (*Estancias de jóvenes doctores extranjeros en España.*)
- [2001–2002] ATER (Attaché temporaire d’enseignement et de recherche) à l’Université de Franche-Comté.

Diplômes et titres universitaires

- [2001] Doctorat de mathématiques et applications de l’Université de Franche-Comté, sous la direction d’Henri LOMBARDI.
Thèse soutenue le 18 décembre 2001, *Aspects constructifs de la théorie des corps valués*.
Mention : Très honorable.
- [1997] Agrégation de mathématiques (option mathématiques pour l’informatique).
- [1997] DEA et Magistère de mathématiques de l’Université Claude-Bernard (Lyon I) et ENS Lyon.

Enseignement

Dans les années qui ont suivi mon recrutement j’ai principalement enseigné en PACES (TD de statistiques), dans la Licence de Biologie (TD de stats en L1 biologie, puis cours de R et modélisation en L3 et Magistère de Biologie) à l’UFR de Sciences d’Orsay, et dans le Master de Santé Publique de l’UFR de Médecine du Kremlin-Bicêtre.

En 2010 nous avons créé avec Philippe Broët un parcours de M2 (dans le M2 de Santé Publique) intitulé *Génomique et biomarqueurs* ; j’effectue aujourd’hui la quasi totalité de mon enseignement dans le M1 et le M2 de Santé Publique (seule filière d’enseignement de l’UFR de Médecine qui m’est ouverte).

Je ne mentionne ci-après que les enseignements dont je suis ou ai été responsable, avec quelques détails sur le contenu.

- [2009–13] (co-responsable) Mathématiques et statistiques pour la biologie, L3 BCST et Magistère de Biologie (Orsay) (30h eq TD)

Initiation à la programmation avec R. Modélisation de phénomènes en temps discret et en temps continu (schémas d’intégration numériques d’équations différentielles), via des exemples empruntés à la biologie : croissance de population, modèle logistique, modèle de Lotka-Volterra, cinétique de Michaelis-Menten, loi du minimum de Liebig. Modèles stochastiques en temps discret (dérive génétique).

Poly de 50 pages de R + 25 pages de modélisation

- [depuis 2009] Modélisation, M1 Santé Publique (46.5h eq TD + 32h pour la gestion des 150 à 200 inscrits par correspondance)
 Statistiques descriptives. Bases de la théorie des probabilités. Variables aléatoires discrètes et continues à densités. Lois univariées et multivariées. Processus de Bernoulli, processus de Poisson. Loi de Gauss. Méthode du Delta. Procédures d'estimations, procédures de test. Anova.
 Poly de 200 pages, 180 diapos de cours
- [depuis 2010] Logiciel R, M2 Santé Publique (parcours Génétique) (31.5h eq TD)
 Traitement de données et programmation avec R.
 Poly de 80 pages
- [depuis 2010] Génétique des Populations, M2 Santé Publique (parcours Génétique) (31.5h eq TD)
 Modèle de l'urne gamétique, équilibre de Hardy-Weinberg. Modèles à plusieurs locus : distance génétique, déséquilibre « de liaison ». Structure de population (F_{ST} de Wright). Sélection naturelle, migration.
 Poly de 70 pages
- [depuis 2013] Statistiques Mathématiques, M2 Santé Publique (parcours Génétique) (22.5h eq TD)
 Formalisme matriciel et lois multivariées. Vraisemblance, les trois tests. Modèle linéaire. Introduction au modèle linéaire mixte.
 Poly de 80 pages, 40 pages de diapos (modèles linéaires)
- [2019] Cours d'École Doctorale : Allier la souplesse de R et la puissance de C++ (36h eq TD)
 Introduction à C++. Types, pointeurs, références, templates, programmation objet. Package Rcpp : les objets de Rcpp, interaction avec R, création d'un package R.
 Poly de 100 pages environ (rédaction en cours)

Note : certains des documents de cours mentionnés sont visibles sur <https://genostats.github.io/>

Je suis également responsable depuis 2014 de trois UE du parcours Génétique et Biomarqueur du M2 de Santé Publique (UE Logiciels pour l'analyse de données génétiques, UE Liaison Association Génétique Quantitative et Formelle, UE Génétique Médicale) où je coordonne des intervenants extérieurs et où j'interviens moi-même (Méthodes pour la prise en compte d'une stratification de population dans les études d'association pan-génomiques, TD d'alignement de séquence, etc), mais où, contrairement aux UE listées ci-dessus, je n'assure pas la totalité des cours.

Je suis co-responsable (avec Philippe Broët) de ce parcours de M2 depuis 2014. Cet excès d'intervention de ma part dans ce M2 est lié à la faiblesse des effectifs l'équipe pédagogique. Le départ en disponibilité en 2013 d'un maître de conférences pour lequel aucune solution de remplacement n'a pu être trouvée y est pour beaucoup. J'ai toujours fait le maximum pour éviter que cette situation soit dommageable pour les étudiants.

Ce parcours n'a pu ouvrir cette année faute d'un nombre suffisant de candidats d'un niveau satisfaisant. J'ai donc donné des cours dans le parcours « frère » de biostatistiques (30h eq TD de mises à niveau en statistiques, 18h eq TD de cours de R, 14h d'introduction aux données génétiques), et j'ai complété mon service par une UE d'École doctorale (C++ et R).

Ce parcours va évoluer dès la rentrée prochaine en *Sciences des données de la santé*, avec un contenu qui va évoluer (moins de génétique, introduction d'un cours de Python, de méthodes de machine learning).

Encadrement doctoral et scientifique

Stages de M1

Mbery Sene (2008). Comparaison de méthodes pour estimer les risques génétiques dans les maladies humaines (Master de mathématiques appliquées, Université de Franche-Comté).

Frédéric Santos (2009). Analyse en Composantes Principales de données génétique et structure des populations (Master de mathématiques appliquées, Université de Poitiers).

Sébastien Revois (2011). Utilisation de marqueurs génétiques en médecine prédictive dans le cas des maladies multifactorielles (M1 Santé Publique)

Myriam Ben Boutieb (2012). Analyse de données génétiques et détection des régions du génome associées au diabète de type 1 (M1 Santé Publique)

Ozvan Bocher (2017). Analyse de données d'exome de plusieurs groupes d'individus (M1 Santé Publique).

Stages de M2

Claire Dandine-Roulland (2013). Stratégies de discrimination entre SNPs dans les études d'association génétique : études cas/témoins et études familiales (M2 Génétique Statistique et ISUP)

Nawal Hamchaoui (2014). Simulation de populations humaines en temps direct (M2 BIBS)

Aïda Taieb (2014). Étude d'association entre les polymorphismes génétiques du gène HSD11B1 codant la 11 β -hydroxystéroïde déshydrogénase type 1 et le rejet aigu après transplantation rénale (M2 Génétique Statistique) (co-encadrement à 33% avec Claire Dandine et Philippe Broët) (M2 Génétique statistique)

Jocelyn Quistrebert (2015). Déconvolution de données d'expression génique (M2 Génétique Statistique et stage d'internat)

Ozvan Bocher (2018). Analyse de variants rares (co-encadrement à 33% avec Emmanuelle Génin et Gaëlle Marenne) (M2 Génétique Statistiques)

Caroline Thilgen (2018). Stratégies d'analyses de données familiales (M2 Génétique Statistique)

Stage de Pharmacie (cinquième année)

Amin Gharbi (2018). Analyse des données de l'étude PestiBG : Exposition aux pesticides, biomarqueurs et polymorphismes génétiques.

Élèves ingénieurs

Marion Favre d'Échallens (2018) (élève ingénieure à Centrale Paris). Estimation de petites p-valeurs par la modélisation de la queue de distribution.

Thèses

Claire Dandine-Roulland de septembre 2013 à octobre 2016. *Modélisation de la composante génétique des maladies humaines : Données familiales et Modèles Mixtes*. Co-encadrement officiel avec Ph. Broët, encadrée à 100% en pratique.

Jacqueline Milet à partir d'octobre 2015 (soutenance prévue : octobre 2019). *Apport de l'information de sélection naturelle dans les études d'association sur le paludisme*. Co-encadrement avec Audrey Sabbagh (IRD).

Ozvan Bocher à partir d'octobre 2018. *Nouveaux tests d'association sur des données de séquençage haut débit pour explorer le rôle des régions non codantes du génome dans les maladies*. Co-encadrement avec Emmanuelle Génin (Inserm U1078, Brest).

Post-doctorat

Cyprien Mboing depuis 2013, en co-encadrement à 25% avec Ph. Broët (75%) (fin en octobre 2017). Méthodes de régression linéaire faisant intervenir des arbres de classification. Deux publications.

Apprentissage

Isuru Haupe, en contrat d'apprentissage (DUT informatique) de septembre 2016 à septembre 2018, en co-encadrement à 50% avec Anne-Louise Leutenegger. Réalisation du package R Fantasio pour l'*homozygosity mapping* sur des données génomiques de grande dimension

Publications (mathématiques)

Mémoire de thèse

PERDRY H. (18 décembre 2001) *Aspects constructifs de la théorie des corps valués*, thèse de doctorat de l'Université de Franche-Comté.

Actes de conférences

LOMBARDI H, PERDRY H. (1998). The Buchberger algorithm as a tool for ideal theory of polynomial rings in constructive mathematics. *Proceedings of the Conference 33 Years of Gröbner Bases*, Cambridge University Press, London Mathematical Society Lecture Notes Series, vol. 251.

GONZALEZ VEGA L, PERDRY H. Using Newton sums in small characteristic. *Actas de los Encuentros de Algebra Computacional y Aplicaciones*, 2004.

ALONSO GARCIA ME, LOMBARDI H, PERDRY H. Henselian Local Rings : Around a Work in Progress. *Proceedings of the Dagstuhl Seminar Mathematics Algorithms and Proofs*, 2005

KUHLMANN FV, LOMBARDI H, PERDRY H. (2003) Dynamic computations inside the algebraic closure of a valued field. *Valuation theory and its applications, volume II*, Fields Institute Communication Series, AMS.

PERDRY H. (2003) A generalization of Hensel's Lemma. *Valuation theory and its applications, volume II*, Fields Institute Communication Series, AMS.

Journaux

PERDRY H. (2004) Strongly noetherian rings and constructive ideal theory. *Journal of Symbolic Computation*. vol 37 Issue 4.

PERDRY H. (2004) An elementary proof of Krull's intersection theorem. *American Math. Monthly*.

PERDRY H. (2005) Henselian Valued Fields : A Constructive Point of View. *Mathematical Logic Quarterly*. vol 57 Issue 4.

BENEDETTO R, BRIEND JY, PERDRY H. (2007) Dynamique des polynômes quadratiques sur les corps locaux. *J. Théorie des Nombres de Bordeaux* vol 19.

PERDRY H. (2008) Lazy bases : a minimalist constructive theory of Noetherian rings. *Mathematical Logic Quarterly*, vol 54 Issue 1.

LOMBARDI H, PERDRY H, ALONSO GARCIA ME. (2008) Elementary Constructive Theory of Henselian Local Rings. *Mathematical Logic Quarterly*, vol 54 Issue 3.

PERDRY H, SCHUSTER P. (2011) Noetherian Orders. *Mathematical Structures in Computer Science*, vol 21 Issue 1.

PERDRY H, SCHUSTER P. (2014) Constructing Groebner bases for Noetherian rings . *Mathematical Structures in Computer Science*, vol 24 Issue 2.

Publications (depuis conversion thématique)

Articles parus en volumes

PERDRY H, CLERGET-DARPOUX F. Modeling the Effect of Susceptibility Factors (HLA and PTPN22) in Rheumatoid Arthritis. *Genetic Epidemiology Methods in Molecular Biology*, 2011, Volume 713, Part 5, 201-214 (Springer).

Journaux

BOURGEY M, PERDRY H, CLERGET-DARPOUX F. Modeling the effect of PTPN22 in rheumatoid arthritis. *BMC Proc* 2007 1 :S37.

PERDRY H, MAHER BS, BABRON MC, MACHENRY T, CLERGET-DARPOUX F, MARAZITA ML. An ordered subset approach to including covariates in the transmission disequilibrium tests. *BMC Proc* 2007 1 :S77.

ALARCON F, LASSET C, CARAYOL J, BONADONA V, PERDRY H, DESSEIGNE F, WANG Q, BONAÏTI-PELLIÉ C. Estimating cancer risk in HNPCC by the GRL method. *Eur J Hum Genet* 2007 15 :831-836.

CULVERHOUSE RC, SUAREZ BK, BECKMANN L, CHEN P, CHEN YS, CHIU YF, CHANG-CLAUDE J, DEMPFLER A, HEIN R, KAZMA R, LEBREC JJ, LEE S, LIM S, MAHER BS, PARK T, PERDRY H, WANG KS, WOLKOW PP, XU W. Gene by environment interactions. *Genet Epidemiol.* 2007;31 Suppl 1 :S68-74. Review.

YANG Q, BIERNACKA JM, CHEN MH, HOUWING-DUISTERMAAT JJ, BERGEMANN TL, BASU S, FAN R, LIU L, BOURGEY M, CLERGET-DARPOUX F, LIN WY, ELSTON RC, CUPPLES LA, APPREY V, CUI J, DUPUIS J, IONITA-LAZA I, LI R, LOU X, PERDRY H, SHERVA R, SHUGART YY, SUAREZ B, WANG H, WORMALD H, XING G, XING C. Using linkage and association to identify and model genetic effects : summary of GAW15 Group 4. *Genet Epidemiol.* 2007;31 Suppl 1 :S34-42.

COURNU-REBEIX I, GÉNIN E, LERAY E, BABRON MC, COHEN J, GOUT C, ALIZADEH M, PERDRY H, SEMANA G, BRASSAT D, CLERGET-DARPOUX F, YAOUANQ J, EDAN G, ROSENHEIM M, FONTAINE B. HLA-DRB1*15 allele influences the later course of relapsing remitting Multiple Sclerosis. *Genes Immun.* 2008 Sep;9(6) :570-4.

MARENNE G, DALMASSO C, PERDRY H, GÉNIN E, BROËT P. Impaired Performance of FDR-Based Strategies in Whole-Genome Association Studies when SNPs are excluded Prior to the Analysis. *Genet Epidemiol.* 2008 Jul 10;33(1) :45-53

PERDRY H, BABRON MC, CLERGET-DARPOUX F. The Ordered Transmission Disequilibrium Test : detection of modifier genes. *Genet Epidemiol.* 2009 Jan 16;33(1) :1-5

BONAÏTI B, BONADONA V, PERDRY H, ANDRIEU N, BONAÏTI-PELLIÉ C. Estimating penetrance from multiple case families with predisposing mutations : extension of the 'genotype-restricted likelihood' (GRL) method. *Eur J Hum Genet* 2011 19 :173-179.

BONAÏTI B, ALARCON F, BONADONA V, PENNEC S, ANDRIEU N, STOPPA-LYONNET Dominique, PERDRY H, BONAÏTI-PELLIÉ Catherine. Nouveau système de score pour le diagnostic des prédispositions aux cancers du sein et de l'ovaire associées à BRCA1/2. *Bulletin du Cancer* 2011 98 :7 :779-795.

BABRON MC, PERDRY H, HANDEL AE, RAMAGOPALAN SV, DAMOTTE V, FONTAINE B, MÜLLER-MYHSOK B, EBERS GC, CLERGET-DARPOUX F. Determination of the real effect of genes identified in GWAS : the example of IL2RA in multiple sclerosis. *Eur J Hum Genet* 2011, online 16 november

GATAULLINA S, DELLATOLAS G, PERDRY H, ROBERT JJ, VALAYANNOPOULOS V, TOUATI G, OTTOLENGHI C, DULAC O, DE LONLAY P. Comorbidity and metabolic context are crucial factors determining neurological sequelae of hypoglycaemia. *Dev Med Child & Neuro*, 2012, 54 :11 1012-1017

PERDRY H, MÜLLER-MYHSOK B, CLERGET-DARPOUX F. Using Affected Sib-Pairs to Uncover Rare Disease Variants *Hum Hered* 2012 74 :129-141

CHRÉTIEN C, HERO A, PERDRY H. Space alternating penalized Kullback proximal point algorithms for maximizing likelihood with nondifferentiable penalty. *Ann Inst Stat Math* 2012 64 :4 791-809

GÉNIN E, SAHBATOU M, GAZAL S, BABRON MC, PERDRY H, LEUTENEGGER AL. Could Inbred Cases Identified in GWAS Data Succeed in Detecting Rare Recessive Variants Where Affected Sib-Pairs Have Failed? *Hum Hered* 2012 74 :142-152

CÂMARA COSTA H, PERDRY H, SORIA C, PULGAR S, CUSIN F, DELLATOLAS G. Emergent literacy skills, behavior problems and familial antecedents of reading difficulties : A follow-up study of reading achievement from kindergarten to fifth grade. *Research in Developmental Disabilities* 2013, 34 :3 1018-1035

PROVASI J, DOYÈRE V, ZÉLANTI PS, KIEFFER V, PERDRY H, EL MASSIOUI N, BROWN BL, DELLATOLAS G, GRILL J, DROIT-VOLET S. Disrupted sensorimotor synchronization, but intact rhythm discrimination, in children treated for a cerebellar medulloblastoma. *Research in Developmental Disabilities* 2014, 35 :9 2053-2068

BONAÏTI B, ALARCON F, ANDRIEU N, BONADONA V, DONDON MG, PENNEC S, STOPPALYONNET D, BONAÏTI-PELLIÉ C, PERDRY H. A new scoring system in cancer genetics : application to criteria for BRCA1 and BRCA2 mutation screening. *J Med Genet* 2014 51 :114-121.

GAZAL S, SAHBATOU M, PERDRY H, LETORT S, GÉNIN E, LEUTENEGGER AL. Inbreeding Coefficient Estimation with Dense SNP Data : Comparison of Strategies and Application to HapMap III. *Hum Hered* 2014 77 :49-62.

MBOGNING C, PERDRY H, TOUSSILE W, BROËT Ph. A novel tree-based procedure for deciphering the genomic spectrum of clinical disease entities. *J Clin Bioinfo* 2014, 4 :6

DANDINE-ROULLAND C, PERDRY H. Where is the causal variant? On the advantage of the family design over the case-control design in genetic association studies. *EJHG* 2015 23(10) :1357-64.

MBOGNING C, PERDRY H, BROËT Ph. A Bagged, Partially Linear, Tree-Based Regression Procedure for Prediction and Variable Selection, *Hum Hered* 2015 79 :182-93.

DANDINE-ROULLAND C, PERDRY H. The use of the Linear Mixed Models in Human Genetics. *Hum Hered* 2015 80 :196-206

LABRELL F, MIKAELLOF Y, PERDRY H, DELLATOLAS G. Time knowledge acquisition in children aged 6 to 11 years and its relationship with numerical skills, *J Exp Child Psychol* 2015 143 :1-13.

BAIJER J, DÉCHAMPS N, PERDRY H, MORALES P, KERNS S, VASILESCU A, BAULANDE S, AZRIA D, ROMÉO PH, SCHMITZ A. TNFSF10/TRAIL regulates human T4 effector memory lymphocyte radiosensitivity and predicts radiation-induced acute and subacute dermatitis. *Oncotarget* 2016 7(16) :21416.

DANDINE-ROULLAND C, BELLENGUEZ C, DEBETTE S, AMOUYEL P, GÉNIN E, PERDRY H. Accuracy of heritability estimations in presence of hidden population stratification. *Sci Rep* 2016 6 :26471.

PERDRY H, GUTZKOW KB, CHEVALIER M, HUC L, BRUNBORG G, BOUTET-ROBINET E. Validation of Gelbond High-Throughput Alkaline and Fpg-Modified Comet Assay using a linear mixed model. *Environmental and Molecular Mutagenesis* 2018 59(7) :595-602.

HERZIG A, NUTILE T, RUGGIERO D, CIULLO M, PERDRY H, LEUTENEGGER AL. Detecting the dominance component of heritability in isolated and outbred human populations. *Sci Rep* 2018 8 :18048 (co-dernier auteur).

Articles soumis

MILET J, BOLAND A, LUISI P, SABBAGH A, SADISSOU I, SAUNON P, DOMINGO N, PALSTRA F, GINEAU L, COURTIN D, MASSOUBODJI A, GARCIA A, DELEUZE JF, PERDRY H. First genome-wide association study of non-severe malaria in two birth cohorts in Benin : hints towards the involvement of the STAT3 pathway. <https://www.biorxiv.org/content/early/2018/11/30/483859> (co-dernier auteur).

BOCHER O, MARENNE G, SAINT-PIERRE A, LUDWIG T, GUEY S, TOURNIER-LASSERVE E, PERDRY H, GÉNIN E. Rare variant association testing with sub-phenotypes of a single trait. (co-dernier auteur).

Sélection de communications orales (mathématiques)

Noetherian Rings (joint work with Peter Schuster) (conférencier invité)

International Conference on Constructive and Computational Mathematics, Marrakech, décembre 2005.

Henselian Local Rings (joint work with M.E. Alonso and H. Lombardi)

Mathematics, Algorithms and Proofs, Dagstuhl, janvier 2005.

Using Newton Sums in Small Characteristic

EACA, Santander, juillet 2004.

Special Session : Algorithms and Applications of Real Algebra

Annual Meeting RAAG, Salamanca, juin 2004.

Strongly Noetherian rings and Lasker-Noether rings

Annual Meeting RAAG, Salamanca, juin 2004.

Strongly Noetherian rings and Lasker-Noether rings.

Calcul formel, algorithmes certifiés, preuves constructives, CIRM, janvier 2004.

Constructive Theory of Valued Fields.

Dagstuhl Seminar Verification and Constructive Algebra, janvier 2003.

A Generalization of Hensel's Lemma.

Saskatoon, Université du Saskatchewan, International conference on valuation theory, août 1999.

Computing in the constructive henselisation of a valued field.

Venise, Université San Servolo, Workshop Reuniting the Antipodes, mai 1999.

The Buchberger Algorithm as a Tool in Constructive Mathematics.

Linz, 33 years of Gröbner bases, février 1998.

Posters, abstracts, communications orales (depuis conversion thématique)

BOURGEY M, PERDRY H, CLERGET-DARPOUX F. Modeling the effect of PTPN22 in rheumatoid arthritis. Genetic Analysis Workshop 15, St Pete Beach (USA), 12-15 novembre 2006.

PERDRY H, BABRON MC, CLERGET-DARPOUX F. Ordering a family sample on covariate values to detect susceptibility loci. Genetic Analysis Workshop 15, St Pete Beach (USA), 12-15 novembre 2006.

BABRON MC, GÉNIN E, COURNU-REBEIX I, PERDRY H, CLERGET-DARPOUX F, FONTAINE B. Investigation of the role of IL4 and IL13 in multiple sclerosis in French patients. 16e rendez-vous de l'ARSEP, Paris, 23 mars 2007.

PERDRY H, BABRON MC, CLERGET-DARPOUX F, REFGENSEP. Taking severity into account to detect disease loci in multiple sclerosis. 16e rendez-vous de l'ARSEP, Paris, 23 mars 2007. (**communication orale**)

PERDRY H, BABRON MC, CLERGET-DARPOUX F. Une nouvelle stratégie d'identification de gènes modificateurs. Colloque From monogenic to oligogenic diseases, Collège de France, 2-3 Avril 2007.

PERDRY H, BABRON MC, CLERGET-DARPOUX F. A novel strategy to identify modifier genes. European Mathematical Genetic Meeting 2007, Heidelberg (Allemagne), 11-13 avril 2007. (**communication orale**)

PERDRY H. L'Ordered Transmission Disequilibrium Test : détection de gènes modificateurs. École Chercheurs « Génomique des caractères complexes », La Colle sur Loup, 20-25 mai 2007. (**communication orale**)

BABRON MC, GÉNIN E, COURNU-REBEIX I, PERDRY H, CLERGET-DARPOUX F, FONTAINE B. Investigation of the IL4-IL13/IL4R pathway in French multiple sclerosis patients. European Society of Human Genetics 2007, Nice, 16-19 juin 2007 (P1036). Eur J Hum Genet 2007 15 (S1) : 263.

PERDRY H, BABRON MC, CLERGET-DARPOUX F, REFGENSEP. Searching for factors modifying disease expression : Application to multiple sclerosis. European Society of Human Genetics 2007, Nice, 16-19 juin 2007 (P1038). Eur J Hum Genet 2007 15 (S1) : 264.

BABRON MC, GÉNIN E, COURNU-REBEIX I, PERDRY H, FONTAINE B, CLERGET-DARPOUX F. Investigation of the IL4-IL13/IL4R pathway in French Multiple Sclerosis patients. 16th annual meeting of the International Genetic Epidemiology Society, York (UK), 8-9 septembre 2007. Genetic Epidemiology 2007 31(6) :616-00. (abstract 39)

PERDRY H, BABRON MC, CLERGET-DARPOUX F. The Ordered Transmission Disequilibrium Test : a method for modifier gene detection. 16th annual meeting of the International Genetic Epidemiology Society, York (UK), 8-9 septembre 2007. Genetic Epidemiology 2007 31(6) :641-00 (abstract 126).

BABRON MC, GÉNIN E, COURNU-REBEIX I, PERDRY H, CLERGET-DARPOUX F, FONTAINE B. Rôle des interleukines IL4 et IL13 et de leur récepteur dans la susceptibilité à la Sclérose en Plaques. 4^e Assises de génétique, Lille, 17-19 janvier 2008 (abstract)

PERDRY H, BABRON MC, CLERGET-DARPOUX F. L'Ordered Transmission Disequilibrium Test : recherche de gènes modificateurs pour la Sclérose en Plaques. 4^e Assises de génétique, Lille, 17-19 janvier 2008 (**communication orale**)

PERDRY H, BABRON MC, COURNU-REBEIX I, GÉNIN E, FONTAINE B, CLERGET-DARPOUX F, et le REFGENSEP. Testing the interaction between two genes of a same pathway : haplotypic and genotypic approaches. 17^e rendez-vous de l'ARSEP, Paris, 28 mars 2008.

CROISEAU P, PERDRY H. Effects of the underlying model in multiple imputation : type I error and risks estimates. European Mathematical Genetic Meeting 2008, Rotterdam, 10-11 avril 2008. (**communication orale**)

BABRON MC, PERDRY H, COURNU-REBEIX I, MÜLLER-MYHSOK, FONTAINE B, CLERGET-DARPOUX F, et le REFGENSEP. Towards a finer evaluation of the role of IL2RA in Multiple Sclerosis, 18^e rendez-vous de l'ARSEP, Paris, 6 mars 2009.

PERDRY H, SPERANDEO MP, TURNER G, BABRON MC, RYAN W, MCMANUS R, CLERGET-DARPOUX F, GRECO L. Several genes on chromosome 4q27 are involved in Coeliac Disease susceptibility. European Society of Human Genetics 2009, Vienne, 23-26 mai 2009.

BABRON MC, PERDRY H, COURNU-REBEIX I, MÜLLER-MYHSOK, FONTAINE B, CLERGET-DARPOUX F, et le REFGENSEP. Towards a finer evaluation of the role of IL2RA in Multiple Sclerosis. European Society of Human Genetics 2009, Vienne, 23-26 mai 2009.

DANDINE-ROULLAND, CLERGET-DARPOUX F, PERDRY H. Stratégies de discrimination entre deux SNPs dans les études d'association génétiques : études cas-témoins et études familiales. Assises de Génétique, Bordeaux, 2014. (**communication orale de Claire Dandine-Roulland, session plénière**)

ALARCON F, PLANTÉ-BORDENEUVE V, PERDRY H. Non-parametric estimation of the age-dependent penetrance of a mutation using familial data. EMGM 2014 (abstract publiés dans Hum Hered). (**communication orale**)

DANDINE-ROULLAND C, PERDRY H. GASTON, un package R pour les données génomes entier. Assises de Génétique, Lyon, 2016. (poster)

DANDINE-ROULLAND C, CLERGET-DARPOUX F, PERDRY H. Discrimination between correlated SNPs in genetic association studies : comparison between case-control and familial studies. EMGM 2014 (poster, abstract publié dans Hum Hered).

DANDINE-ROULLAND C, PERDRY H. The impact of population stratification on genomic heritability estimation. EMGM 2015 (**communication orale de Claire Dandine-Roulland, abstract publié dans Hum Hered**).

DANDINE-ROULLAND C, PERDRY H. Gaston, an R Package for Genome-Wide Data Manipulation. EMGM 2016 (poster, abstract publié dans Hum Hered).

MILET J, LUISI P, SABBAGH P, SADISSOU I, SONON P, PAULIN A, COURTIN D, DELEUZE JF, GARCIA A, PERDRY H. Genome-wide association study of susceptibility to mild Malaria in infants. IGES 2017 (poster).

HERZIG AF, NUTILE T, CIULLO M, PERDRY H, LEUTENEGGER AL. Revisiting Broad-sense Heritability Estimation in a Population Isolate. IGES 2017 (poster)

HERZIG AF, NUTILE T, CIULLO M, PERDRY H, LEUTENEGGER AL. Estimations de l'héritabilité au sens large dans une population isolée. Assises de Génétique 2018 (poster) (**Prix J. Feingold du meilleur poster**)

HERZIG AF, NUTILE T, RUGGIERO D, CIULLO M, PERDRY H, LEUTENEGGER AL. What insights can be gained through comparisons of broad-sense heritability estimates in isolated and outbred populations? EMGM 2018 (**communication orale d'Anthony Herzig, abstract publié dans Hum Hered**).

DANDINE-ROULLAND C, PERDRY H. Genome-wide data manipulation, association analysis and heritability estimates with Gaston 1.5. EMGM 2018 (poster, abstract publié dans Hum Hered).

GÉNIN E, BOCHER O, SAINT-PIERRE A, PERDRY H, MARENNE G. Accounting for sub-phenotyping in rare variant association tests. ASHG 2018 (poster).

(À venir)

HERZIG AF, CIULLO M, LEUTENEGGER AL, PERDRY H. Estimating relatedness from orthogonal components of shallow sequencing data. EMGM 2019 (poster).

BOCHER O, MARENNE G, GÉNIN E, PERDRY H. An extension of SKAT to account for several groups of cases in rare variant association tests. EMGM 2019 (**communication orale**).

BOCHER O, MARENNE G, BOULLING A, LUDWIG T, LE GAC G, PERDRY H, GÉNIN E. How useful are external controls in the search for modifier genes of monogenic diseases. EMGM 2019 (**communication orale d'Ozvan Bocher**).

DANDINE-ROULLAND C, PERDRY H. GEnX : Gene-environment analysis with Gaston. EMGM 2019 (poster).

Logiciels

ElstonStewart. Package R (déposé sur le CRAN) contenant une implémentation souple de l'algorithme d'Elston-Stewart qui permet de calculer des fonctions de probabilités (en particulier, des vraisemblances) dans les pedigrees. <https://CRAN.R-project.org/package=ElstonStewart>

Gaston. (Créé avec Claire Dandine) Package R (déposé sur le CRAN) pour la manipulation de données génomiques massives et les modèles mixtes en grande dimension. Ce logiciel est comparable en termes de performances aux outils de référence créés par les grandes équipes anglo-saxonnes (Plink, GCTA), et beaucoup plus souple puisque l'utilisateur est dans l'environnement interactif de R. Nous projettons avec plusieurs collaborateurs d'y ajouter progressivement des outils originaux. <https://CRAN.R-project.org/package=gaston>

Fantasio. (Créé avec Isuru Haupe et Anne-Louise Leutenegger). Package R pour la recherche de régions consanguines, en utilisant des données de génome entier. <https://github.com/genostats/Fantasio>

Ravages. (Créé avec Ozvan Bocher). Package R pour l'analyse de variants rares. <https://github.com/genostats/Ravages>

Responsabilités, etc

Conférences, ateliers

2014. Co-organisation (avec Ph. Broët) de l'atelier Inserm 229, Methodological issues in personalized and predictive medicine.

2015. Membre du comité scientifique de l'European Mathematical Genetics Meeting

Édition scientifique

Depuis juin 2015. Membre du *Board* et *Associate editor* du journal *Human Heredity*.

Participation à des projets de recherche

Projet européen Abirisk 2012-2017 (programme européen IMI), participation au work package 4 .

Projet PestiBG 2014-2018 (financement obtenu sur appel à projets INCa-Aviesan, AAP Cancer Environnement 2014 ; PI : Élixa Boutet, Toulouse).

Jury de thèse

Juillet 2011. Membre du jury de thèse de Daniel Bembé (Algebraic certificates for Budan's theorem).

Mars 2013. Rapporteur et examinateur de la thèse de Rungruttikarn Moungrai (Family-based association analysis in a likelihood framework), Reading University, Royaume-Uni.

Juillet 2015. Membre du jury de thèse de Romuald Kiando (Génétique de la Dysplasie fibromusculaire), Paris Descartes.

Décembre 2018. Rapporteur et membre du jury de la thèse de Mériel Massot (Étude de la dynamique temporelle du microbiote digestif des bovins domestiques pour la compréhension du portage des clones d'*Escherichia coli* pathogènes et résistants aux antibiotiques), Université Sorbonne Paris Cité.

Comités de sélections

(2011) MCF 0392, Probabilité et Statistiques, Université de Franche-Comté.

(2011) MCF 0670, Interactions des mathématiques pures et appliquées, Université de Provence.

(2013) MCF 4166, Biostatistiques, Université Paris-Sud.

(2015) MCF 0864, Statistiques appliquées à la médecine et à la génétique, Université de Bretagne Occidentale.

Responsabilité de formation

Co-responsable (avec Ph. Broët) du DU Statistiques et Sciences de la Vie depuis 2014.

Co-responsable (avec Ph. Broët) du M2 Génétique et Génomique Statistique, puis M2 Génétique Épidémiologique et Biomarqueurs, depuis 2010.

Vulgarisation et participation au débat public

La mathématisation de l'hérédité, article de 20 pages sur l'héritabilité, soumis à la Gazette de la Société Mathématique de France

Co-signataire de la tribune *Halte aux « fake news » génétiques*, journal *Le Monde*, avril 2018
<https://goo.gl/L2Cfuf>

Co-signataire d'une tribune sur l'évolution du FNAEG, *Le Nouvel Observateur*, novembre 2018
<http://goo.gl/82smP7>

Membre du comité d'organisation du colloque transdisciplinaire « Un siècle de Fisher » qui se tiendra à Paris en septembre 2019