

# Curriculum Vitæ

Franck Picard\*

\*LBBE, UMR CNRS 5558 Univ. Lyon 1, F-69622 Villeurbanne, France

## État civil

---

Né le 18 avril 1978, Châteauroux, France.

Contact : [franck.picard@univ-lyon1.fr](mailto:franck.picard@univ-lyon1.fr)

Page Web : <http://lbbe.univ-lyon1.fr/~Picard-Franck-.html>

## Études et Parcours professionnel

---

- 2014           Création d'équipe **Statistique en grande dimension pour la génomique**  
Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, Université Lyon 1,
- 2014           **Habilitation à diriger des recherches**, Université Lyon 1  
▷ A statistical tour of genomic data.  
Après avis de J.-P. Vert (MinesParisTech), I. Eckley (Lancaster), W. Huber (EMBL). Jury: A.-L. Fougères (Lyon), J.-M. Poggi (Paris 5), C. Matias (CNRS), M. Rattray (Manchester)
- 2007-           **Chargé de recherche CNRS**, recruté en CID 51, rattaché à la section 41 (Mathématiques et interactions des mathématiques)  
Laboratoire de Biométrie et Biologie Évolutive, Université Lyon 1,
- 2005-2007    **Stage Post-doctoral**, Université d'Évry  
▷ Réseaux biologiques et graphes aléatoires.  
Laboratoire Statistiques et Génome.
- 2005           **Thèse de Doctorat en Statistique**, Université Paris-XI  
▷ Segmentation/classification de processus.  
Encadrants : J.-J. Daudin, S. Robin, AgroParisTech
- 2001-2002    **DEA Modélisation stochastique et statistique**, Université Paris-XI
- 1999-2002    **Institut National Agronomique Paris-Grignon**, (AgroParisTech)
- 1996           **Baccalauréat, Spécialité Mathématique, Mention Bien.**

## Contrats de recherche

---

OriMolMech	New molecular insights into the regulation of the spatiotemporal program of DNA replication (ANR, 2015-2019) M.-N. Prioleau (Institut Jacques Monod)
ARC	Labélisation de la fondation pour la recherche contre le cancer sur la Régulation des origines de réplication et instabilité génétique (400kE, 2016-2019) M.-N. Prioleau (Institut Jacques Monod)
NGSex	A NGS approach to study plant sex chromosomes (ANR, 2014-2018) G. Marais (LBBE)
ABS4NGS	Algorithmic, Bioinformatic and Software Solutions for the Analysis of Next Generation Sequencing Data , (Investissements d’Avenir, 2012-2016) E. Barillot (Institut Curie), <a href="https://sites.google.com/site/abs4ngs/">https://sites.google.com/site/abs4ngs/</a>
Redux	Réduction de dimension pour le traitement de données de biologie à haut débit (Univ. Grenoble, 2012-2013), S. Lambert-Lacroix (TIMC-IMAG Grenoble)
PEPII	Processus ponctuels pour l’analyse des données de séquençage à haut débit, (projet CNRS, 2011-2013), F. Picard (CNRS, Lyon)
SeqAHead	Next Generation Sequencing Data Analysis Network, COST Action, 2011-2013), Erik Bongcam-Rudloff (Uppsala, Suède), <a href="http://www.nextgensequencing.eu/">http://www.nextgensequencing.eu/</a>
NEMO	Network Motifs, (ANR, 2009-2011) S. Robin (AgroParistech, Paris) <a href="http://nemo.ssbgroup.fr/">http://nemo.ssbgroup.fr/</a>
Chromonet	Computational Analysis of Inter-Chromosomal Interaction Networks (projet INRIA 2007-2009), INRIA, M.-F. Sagot (INRIA, Lyon)

## Logiciels

---

sexdetector	workflow Galaxy pour l’inférence probabiliste des gènes liés au sexe <a href="http://lbbe.univ-lyon1.fr/sexdetector">http://lbbe.univ-lyon1.fr/sexdetector</a>
geoclust	Analyse des réseaux écologiques spatiaux <a href="http://lbbe.univ-lyon1.fr/geoclust">http://lbbe.univ-lyon1.fr/geoclust</a>
curvclust	package R pour la classification de courbes <a href="http://cran.r-project.org/web/packages/curvclust/index.html">http://cran.r-project.org/web/packages/curvclust/index.html</a>
cghseg	package R pour la segmentation de profils CGH <a href="http://cran.r-project.org/web/packages/cghseg/index.html">http://cran.r-project.org/web/packages/cghseg/index.html</a>
MixNet	Modèles de mélange dans les graphes aléatoires.
Mixer	<a href="http://stat.genopole.cnrs.fr/logiciels/mixnet">http://stat.genopole.cnrs.fr/logiciels/mixnet</a> <a href="http://cran.r-project.org/web/packages/mixer/index.html">http://cran.r-project.org/web/packages/mixer/index.html</a>

## Enseignement

---

Statistique	9h Master 2 Mathématique en Action, Univ. Lyon 1 (2013-.) ▷Statistique en grande dimension pour la génomique 14h License 3 Biologie, ENS Lyon (2012-.) ▷Module de Biostatistique 60h Master 2 Statistique Informatique et Techniques numériques, Univ. Lyon 1 (2011), ▷Modèles linéaires mixtes, classification 12h Master 2 Santé Publique, Univ. Lyon 1 (2007-2011), ▷Modèles linéaire
Bioinfo.	10h Master 1 INSA de Lyon (2008-2011), ▷Analyse de séquence, étude des variations du nombre de copies

## Encadrement

---

### Encadrement de thèses

- 2015-2018 Magali Dancette (25%), Université de Lyon/Biomérieux,  
▷ Vers une cartographie fine du polymorphisme lié à la résistance aux antimicrobiens, avec Jean-Baptiste Veyrieras, Biomérieux, Laurent Jacob, LBBE
- 2014-2017 Stéphane Ivanoff (50%), Université Paris Dauphine,  
▷ Statistique en grande dimension pour les processus de comptage, avec Vincent Rivoirard, université Paris-Dauphine.
- 2013-2016 Ghislain Durif (50%), Université de Lyon,  
▷ Réduction de dimension pour l'analyse de données NGS, avec Sophie Lambert-Lacroix, TIMC-IMAG Grenoble.
- 2013-2016 Elisabetta Bonafede (25%), université de Bologne (Italie),  
▷ Modèles de mélange pour l'analyse des données de RNA-Seq, avec Stéphane Robin, AgroParisTech (Paris), et Cinza Viroli, université de Bologne (Italie).
- 2009-2013 Joyce Giacomini (50%), Université Joseph Fourier, Grenoble,  
▷ Classification de courbes et identification de biomarqueurs pour le cancer, avec Sophie Lambert-Lacroix, TIMC-IMAG Grenoble.

### Encadrement de doctorants (sans co-direction)

- 2012-2013 Aline Muyle (doctorante), Université Lyon 1,  
▷ Une méthode de détection des chromosomes sexuels et étude de la détermination par le sexe dans des organismes non modèles par NGS, avec Gabriel Marais, LBBE, Université Lyon 1  
▷ Prix Fitch, SMBE 2015
- 2011-2013 Laurent Modolo (doctorant), Université Lyon 1,  
▷ Modèles de chaînes de Markov pour les tests multiples sous dépendance génomique, avec Emmanuelle Lerat, LBBE

### Encadrement de postdocs

- 2016-2017 Florian Massip, LBBE, ANR OriMolMech  
▷ Evolution du programme spatial de réplication, avec L. Duret, LBBE, M.-N. Prioleau, Institut Jacques Monod, Paris.
- 2015-2017 Jos Käfer, LBBE, ANR NGSex  
▷ Détection des chromosomes sexuels chez les plantes, avec G. Marais et N. Lartillot, LBBE.
- 2015-2017 Laurent Modolo, LBBE / Karolinska Institutet  
▷ Analyse de données d'expression cellules uniques et réponse immunitaire, avec J. Mold et J. Frisen, Karolinska Institutet, Stockholm, Suède.
- 2009-2010 Guillemette Marot (50%), projet BAMBOO (INRIA) LBBE, maintenant Maître de Conférences en Statistique, Université de Lille  
▷ Classification de courbes et identification de biomarqueurs pour le cancer, avec Sophie Lambert-Lacroix, TIMC-IMAG Grenoble.

## Encadrement d'étudiants en master

- 2015 Cervin Guyomar (75%), AgroCampus Ouest (6 mois)  
▷ Régression fonctionnelle de Poisson pour l'analyse de données NGS, avec Vincent Rivoirard (Paris Dauphine) et Philippe Veber (LBBE)
- 2013 Ghislain Durif (50%), Master 2 SITN Univ. Lyon 1 (6 mois)  
▷ Régression PLS, avec Sophie Lambert-Lacroix, TIMC-IMAG Grenoble.
- 2013 Francois Mifsud, Faculté de médecine de Lyon (100%) (6 mois)  
▷ Etude du transcriptome des neurones répondant à la leptine par RNA-Seq, avec Christian Vaisse, Diabetes Center, UCSF, USA.
- 2012 Carlos Correa-Shokiche (100%), Master 2 SITN Univ. Lyon 1 (6 mois)  
▷ Classification de courbes et régression pénalisée.
- 2011 Ivan Bardet (50%), ENS Lyon, (6 mois)  
▷ Statistiques de scan pour les processus de Poisson marqués et applications à l'analyse des données de séquençage haut débit, avec Anne-Laure Fougères (Univ. Lyon 1), Nancy Zhang (Stanford), D. Siegmund (Stanford)
- 2010 Ivan Bardet (50%), ENS Lyon, (5 mois)  
▷ Scan statistics for weighted observations, avec Anne-Laure Fougères (Univ. Lyon 1).
- 2010 Jonathan Legrand (25%), Master 2 Biostatistiques Université de Montpellier (6 mois)  
▷ Analyse des réseaux d'interactions de protéines (avec Yann Guédon, CIRAD).
- 2009 Joyce Giacofci (50%), Master 2 Ingénierie Statistique, Université Joseph Fourier, Grenoble, (6 mois)  
▷ Classification de courbes (avec Sophie Lambert-Lacroix, TIMC). (6 mois)

## Comités et Jurys

---

- 2015 Rapporteur de thèse (Evry, Institut Curie)
- 2015 Comité de sélection, poste de maître de conférence en statistique, Dijon
- 2012 Examineur, jury de thèse, Univ. Evry
- 2011 Comité de sélection, chaire d'excellence en Bioinformatique, Evry
- 2011 Comité de sélection, poste de maître de conférence en statistique, Marseille
- 2010 Examineur, jury de thèse, Univ. Grenoble
- 2009 Comité de sélection, poste de maître de conférence en bioinformatique, Paris 7

## Visites

---

- 2015 Université de Lancaster, I. Eckley (1 semaine)
- 2011 Université de Nice, P. Reynaud-Bouret (1 semaine)
- 2010 Istituto per le applicazioni del calcolo "Mauro Picone", CNR Naples, Italie, Claudia Angellini (1 semaine)
- 2008 University of California Berkeley (Sandrine Dudoit) / University of Stanford (Nancy Zhang), Etats-unis (1 semaine)
- 2002-2005 Thèse en collaboration avec l'université de Californie San Francisco (UCSF), Diabetes center, Christian Vaisse (approximativement un an de présence aux Etats-Unis)

## Principaux collaborateurs

---

LBBE	L. Duret, G. Marais, N. Lartillot, V. Miele
Nationaux	S. Bernard (Lyon), S. Lambert-Lacroix (Grenoble), V. Viallon (Lyon), P. Reynaud-Bouret (Nice), E. Roquain (Paris 6), M.-N. Prioleau (Paris 7), S. Robin (AgroParisTech), V. Rivoirard (Dauphine)
Internationaux	H. Hoefling (Suisse), C.Vaisse (USA), M. van de Wiel (Pays-Bas), C. Viroli (Italie), J. Frisen (Suède), Jeff Mold (Suède)

## Activités de relecture

---

Bioinformatics, Archive of medical research, Journal of Biomedical informatics, Statistics in Medicine , RECOMB, Statistics Applications in Genetics and Molecular Biology, Transactions in Computational Biology and Bioinformatics, Bayesian Analysis, BMC Bioinformatics, Gene , Journal of Experimental Algorithmics, PLOS One, Journal of the American Statistical Association.

## Organisation de conférences

---

2016	<b>Journées Ouvertes de Biologie Informatique et Mathématiques (JO-BIM)</b> , président du comité d'organisation
2016	<b>Journées de Statistique</b> (congrès de la SFdS), membre du comité scientifique
2015	<b>Computational Intelligence Methods for Bioinformatics and Biostatistics, CIBB</b> (congrès de la société italienne de bioinformatique), membre du comité scientifique, organisateur d'une session high dimensional statistics for genomics
depuis 2012	<b>Atelier Jeunes probabilistes et statisticiens (SMAI)</b> , membre du comité d'organisation
depuis 2010	<b>GdR BioInformatique</b> (3003), animation de l'axe analyse des données haut débit <a href="http://www.gdr-bim.u-psud.fr/">http://www.gdr-bim.u-psud.fr/</a>
depuis 2010	<b>Statistical Methods for Post-Genomic Data</b> . Membre du comité d'organisation, organisateur de l'édition 2012, <a href="http://www.smpgd.fr/">www.smpgd.fr/</a>
2010	<b>Rencontres Statistiques Lyonnaises</b> , organisation conjointe des séminaires mensuels, avec Anne-Laure Fougères, Université Lyon 1
2009-2014	<b>Analyse des données de NGS</b> , Organisateur du séminaire mensuel LBBE, Lyon
Jan. 2009	<b>Statistical Methods for Post-genomic Data workshop</b> , Paris. Organisation de la session <i>Heavy Datasets</i>
Nov. 2009	<b>Integrative Post-genomic</b> , Lyon. Membre du comité scientifique
Sep. 2008	<b>Change-Point Detection Methods and Applications</b> , Paris. Organisation de l'atelier avec E. Lebarbier (AgroParisTech)
Dec. 2007	<b>Mathematics for Biological networks</b> , Paris. Membre du comité scientifique
Sep. 2006	<b>Journées MAS</b> , Lille, <i>Mathematical methods for biological network analysis</i> ,
Sep. 2006	<b>Journées Jeunes chercheurs</b> , Société Française de Biométrie, Villejuif. Membre du comité scientifique