

Philippe Veber
UMR CNRS 5558 - LBBE
UCB Lyon 1 - Bât. Grégor Mendel
43 bd du 11 novembre 1918
69622 VILLEURBANNE cedex
E-mail : philippe.veber@univ-lyon1.fr
Web : <http://pbil.univ-lyon1.fr/members/veber/>

Recherche

Je m'intéresse au fonctionnement des génomes, notamment à la façon dont les **séquences non-codantes** régulent l'expression des gènes, et implémentent des réseaux de régulations capables de mettre en place des **réponses transcriptionnelles cohérentes**. Dans cette optique je travaille sur l'analyse des données de **séquençage haut-débit** (ChIP-seq et RNA-seq), ainsi que sur des techniques d'**extraction d'information** dans les publications scientifiques. L'objectif est de rassembler suffisamment de données pour produire des **modèles prédictifs** reliant séquences génomiques et transcription. Ces travaux font appel aux techniques d'**apprentissage statistique**, de **raisonnement automatique**, et d'**optimisation combinatoire**.

Depuis 2012	Ingénieur de Recherche CNRS, LBBE UMR CNRS 5558 Etude de données NGS, régulation de la transcription
2009–2011	Ingénieur de Recherche INRA, groupe Bibliome, unité MIG à Jouy-en-Josas Extraction d'information, méthodes à noyaux
2008–2009	Post-doctorat INSERM à l'Institut Cochin sous la direction scientifique de Sabine Colnot Étude de données ChIP-seq et RNA-seq
2008–2009	Post-doctorat à l'Institut de Génomique Fonctionnelle de Lyon (financement FRM) sous la direction scientifique de Gérard Benoit Étude de données ChIP-chip
2007–2008	Post-doctorat à l'université de Potsdam dans le groupe de Torsten Schaub (de juin 2007 à février 2008) Programmation par ensemble réponse, modélisation qualitative
2004–2007	Doctorat en informatique (Bourse INRIA), dans l'équipe SYMBIOSE (IRISA Rennes), sous l'encadrement de Rumen Andonov et Michel Le Borgne Modèles discrets de réseaux biologiques, analyse de données transcriptomiques

Stages

- 2004** Stage de DEA dans l'équipe Mathématiques et Informatique du Génome (INRA Jouy en Josas), sous l'encadrement d'Antoine Marin et Rumen Andonov
Optimisation combinatoire, programmation linéaire en nombres entiers, protein threading
- 2003** Internship au Max Planck Institute de Tübingen (Allemagne), sous l'encadrement d'Alexander Zien
Support Vector Machines, prédition de la structure secondaire des protéines
- 2002** Stage d'été dans l'équipe SYMBIOSE, sous l'encadrement de Rumen Andonov, Dominique Lavenier et Nicola Yanev
Optimisation combinatoire, fragmentation de séquences génomiques

Enseignement

- 2012, 2013** TD de statistiques (24 heures) à l'université de Lyon 1, L1 Biologie.
- 2011** Programmation C (responsable de module, 33 heures) à l'université d'Evry, L2 Mathématiques.
- 2010** TP introduction à la bioinformatique (12 heures) à l'université d'Evry, L1 Biologie.
- 2007** Cours et TP de programmation Python (18 heures) dans le cadre du PhD Program in Computational Biology (Instituto Gulbenkian de Ciencia, Lisboa).
- 2006** TD et TP de programmation Java (28 heures) à l'École Nationale de la Statistique et de l'Analyse de l'Information, cycle ingénieur 1ère année.
- 2005** TD de recherche opérationnelle (16 heures), à l'université de Rennes 1, IUP MIAGE 2e année.

Formation

- 2004–2007** Doctorat en Informatique (mention Très honorable) à l'université de Rennes 1
- 2003–2004** DEA Génomique et Informatique (mention Bien) à l'université de Rennes 1
- 2002–2003** Maîtrise Informatique (mention Bien) à l'université de Rennes 1
- 2001–2002** Licence de Mathématiques (mention Très Bien) et première année de Maîtrise Modélisation Mathématique et Méthodes Informatiques (université de Rennes 1, École Normale Supérieure Ker Lann)
- 1999–2001** Classes préparatoires PCSI-PC* au Lycée Clemenceau de Nantes

Bourses et financements

- 2013** Projet ANR ARREPRESS
- 2008** Bourse post-doctorale de la Fondation pour la Recherche Médicale (FRM)
- 2007** Bourse de l'office allemand d'échanges universitaires (DAAD) pour une visite à l'université de Potsdam
- 2004** Bourse de doctorat INRIA

Animation et encadrement d'activités de recherche

- Encadrement technique et scientifique des ingénieurs et doctorants du groupe Biobliome
- Organisation d'une réunion de l'ACI VicAnne sur le thème « Réseaux booléens et automates cellulaires en biologie moléculaire » (<http://www.irisa.fr/symbiose/seminaire/Vicanne.html>)
- Encadrement de deux doctorants lors de mon post-doctorat à Potsdam.
- Encadrement de deux stagiaire (Master 1 et Master 2) durant ma thèse à Rennes.

Séminaires

Octobre 2010	Workshop QUAERO, ENSTA, Paris Machine learning for ontology population of a domain specific relation
Octobre 2008	Séminaire de l'équipe Zoologie moléculaire, IGFL, Lyon RAR-RXR targets and their promoter sequence
Décembre 2007	Séminaire de l'IGFL, Lyon Modèles qualitatifs pour l'analyse de donnée d'expression
Novembre 2007	Groupe Mathematics in Life Science, Freie Universität Berlin Improving model consistency using qualitative equations
Juillet 2007	Séminaire GoForSys, Max Planck Institute Golm-Potsdam Improving model consistency using qualitative equations
Juin 2007	Séminaire Symbiose, Rennes Comparaison ASP/BDD pour vérifier la cohérence dans les graphes d'interaction
Juin 2007	Séminaire de l'équipe ComBi, LINA, Nantes Modélisation qualitative et inférence dans les réseaux de régulation
Décembre 2006	Séminaire du LBBE, Lyon Vérifier la consistance entre données d'expression et réseaux d'interactions
Novembre 2006	Séminaire de l'unité INSERM U456, Rennes Construction et analyse d'un réseau de régulation pour <i>E. coli</i>
Juin 2005	Séminaire Symbiose, Rennes Réseaux biologiques : comparaison de deux états d'équilibre