

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
Étude 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 Rumén 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, prédiction 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 Magistère 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 Bi-bliome
- 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 stagiaires (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 *E. coli*
- Juin 2005** **Séminaire Symbiose, Rennes**
Réseaux biologiques : comparaison de deux états d'équilibre