

# Xavier Grand

## Ingénieur de recherche en Bioinformatique

1568 rue de la Gare  
01150 Leyment.  
+33(0)6 11 22 19 60  
xavier.grand30@gmail.com



### EXPÉRIENCES PROFESSIONNELLES

---

- 3.2021 - en poste **Ingénieur de recherche en Bioinformatique**, CRCL & ENS Lyon.  
*Bioinformaticien, RNAseq, ChIP-seq, alternative splicing, Cancers humains, Virus de l'Hépatite B.*  
*Supervision: Barbara Testoni, Directrice de recherche (CRCL) & Cyril Bourgeois, Chargé de recherche (ENS).*
- 4.2020 - 08.2020 **Bioinformaticien**, Institut de Mathématiques de Toulouse.  
*Analyse de données biologiques hétérogènes à l'aide de méthodes à noyaux.*  
*Supervision: Sébastien Déjean, Ingénieur de recherche en Biostatistiques (IMT) & Jérôme Mariette, Ingénieur de recherche en Bioinformatique (INRAe).*
- 5.2016 - 11.2017 **Chargé de recherche**, Biogemma Toulouse.  
*Caractérisation génétique et biologique de la résistance du tournesol à la plante parasite Orobanche cumana.*  
*Supervision: Marie Coque, Chef de projet Tournesol & coordinatrice recherche pour la génétique des oléagineux et le phénotypage.*
- 9.2014 - 4.2015 **Biostatisticien**, Limagrain Europe.  
*Simulation de plans de sélection variétale.*  
*Supervision: Nicolas Heslot, Responsable d'équipe Biométrie.*
- 5.2014 - 8.2014 **Chargé de recherche en Bioanalyse**, Limagrain Europe.  
*Développement d'un explorateur (Gbrowse) de génome pour l'orge.*  
*Supervision: Anne-Marie Bochar, Chef de projet sélection variétale de l'orge.*
- 10.2012 - 3.2014 **Chargé de recherche en Bioanalyse**, Biogemma Auvergne.  
*Recherche de gènes candidats d'intérêts agronomique pour la sélection variétale basée sur l'analyse de jeux de données complexes omiques.*  
*Supervision: Stéphane Lafarge, Chef de projet "Gene Discovery".*
- 10.2008 - 12.2011 **Doctorat**, INRA Montpellier/Bayer Cropscience Gand  
*Analyse biologique, génétique et moléculaire de la résistance partielle du riz à Magnaporthe oryzae.*  
*Supervision: Jean-Benoît Morel, Responsable d'équipe (INRA) & John Jacobs, Directeur de recherche (Bayer).*

## LANGUES

---

<i>Français</i>	Maternelle.
<i>Anglais</i>	Courant.
<i>Espagnol</i>	Niveau scolaire, compréhension et expression basique.

## COMPÉTENCES

---

### BIOLOGIE

<i>Génétique moléculaire</i>	Cartographie génétique, GWAS, QTLs.
<i>Génétique inverse</i>	Analyse de mutants.
<i>Omiques</i>	NGS, Transcriptomique.
<i>Laboratoire</i>	Biologie moléculaire (PCR, qPCR, DNA/RNA library, NGS).
<i>Biologie Végétale</i>	Phytopathologie, Biologie cellulaire, croisement/polinisation.

### PROGRAMMATION INFORMATIQUE

<i>Langages de programmation</i>	R, Python, (Java, C++).
<i>Database Management</i>	SQL, MySQL and NoSQL, Neo4J/CYPHER.
<i>Data Mining</i>	Scikit-learn, Numpy, Scipy, Pandas.
<i>Environnements et IDE</i>	UNIX, tmux, VSCode, Rstudio, PyCharm.
<i>Container/pipeline</i>	Nextflow, nfcore singularity, docker.
<i>Développement d'UI</i>	R-shiny, R-shiny Dashboard, tkinter, Django (in progress).

### BIOINFORMATIQUE & STATISTIQUES

<i>NGS data analysis</i>	Minimap2, STAR, StringTie2, Salmon, FastQC, SamTools...
<i>RNA-seq</i>	Illumina, Nanopore (Direct-mRNA, genomic, cDNA).
<i>Outils de bioinformatique</i>	Bioconductor, Biopython, NCBI and biological databases...
<i>MultiOmiques</i>	mixOmics, mixKernel.

## SITES ET DÉPÔTS

---

<i>GitHub</i>	<a href="https://github.com/XavierGrand">https://github.com/XavierGrand</a>
<i>Shiny Dashboard</i>	<a href="https://xavier-grand.shinyapps.io/K-PCA_Machine/">https://xavier-grand.shinyapps.io/K-PCA_Machine/</a>

## DIPLÔMES

---

<i>2019 - 2020</i>	<b>Master en Bioinformatique</b> Université de Montpellier. <i>Bioinformatique, Connaissances, Données.</i>
<i>2008 - 2011</i>	<b>Doctorat en biologie intégrative des plantes</b> Montpellier Supagro.
<i>2006 - 2008</i>	<b>Master en biologie intégrative des plantes</b> Université de Montpellier.
<i>2006 - 2008</i>	<b>Licence de Biochimie</b> Faculté des sciences de Nîmes.

## PUBLICATIONS ET COMMUNICATIONS

---

1. Grand X., Kim D., Bousquet D., Giraud G., Bourgeois C., Zoulim F. and Testoni B. A new bioinformatics pipeline for the analysis of hepatitis B virus transcriptome by Nanopore sequencing coupled to 5'RACE. JOBIM2022, 5-8 July 2022, Rennes, France.
2. Calderón-González A., Pouilly N., Muños S., Grand X., Coque M., Velasco L., Pérez-Vich B. An SSR-SNP Linkage Map of the Parasitic Weed *Orobancha cumana* Wallr. Including a Gene for Plant Pigmentation. *Frontiers in Plant Science* 2019; 10, 797.
3. Grand, X., Gauthier, A., André, I., Loras, S., Legrand, L., Gouzy, J., Grezes-Besset, B., Coque, M., Muños, S. Genetic and biological approach to decipher *O. cumana* resistance in sunflower wild relatives. Presented at The 14th World Congress on Parasitic Plants, Asilomar, CA, USA (2017-06-24 to 2017-06-30). Book of abstracts (p. 23).
4. Kroj, T., Chanclud, E., Michel, C., Grand, X., Morel, J.-B. Integration of decoy domains derived from protein targets of pathogen effectors into plant immune receptors is widespread. *New Phytol* 2016.
5. Grand, X., Espinoza, R., Michel, C., Cros, S., Chalvon, V., Jacobs, J. et Morel, J.-B. Identification of positive and negative regulators of disease resistance to rice blast fungus using constitutive gene expression patterns. *Plant Biotechnology Journal* 2012, 10, 840–850.
6. Vergne, E., Grand, X., Ballini, E., Chalvon, V., Saindrenan, P., Tharreau, D., Nottéghem, J.-L., Morel, J.-B. Preformed expression of defense is a hallmark of partial resistance to rice blast fungal pathogen *Magnaporthe oryzae*. *BMC Plant Biology* 2010, 10, 206-206.
7. Grand, X., Tharreau, D., Nottéghem, J.-L., Brunner, S., Jacobs, J., Morel, J.-B. Forward and reverse genetic approaches in rice to unravel control of partial resistance to pathogens. 6th International Rice Genetics Symposium, 16-19 November 2009; Manila, Philippines.

## CENTRES D'INTERETS

---

<i>Clarinete/Saxo</i>	XXS trio, Union musicale d'Ambérieu en Bugey.
<i>Sport</i>	VTT: Transvolcanique 2014, trekking, Ski: Derby Mont-Dore 2014.
<i>Autres</i>	Animation Capacity Diploma, First Aid Certificate.
<i>Voyage</i>	6.2015 - 12.2015 "Working Holiday" en Australie.

## REFERENCES

---

<i>Barbara Testoni</i>	<b>Directrice de recherche</b> Centre de Recherche en Cancérologie de Lyon, <i>e-mail: barbara.testoni@inserm.fr,</i> <i>tel: +33 (0)4 72 68 19 65.</i>
<i>Hélène Polvéche</i>	<b>Ingénieur de recherche en Bioinformatique</b> I-STEM/ENS Lyon, <i>e-mail: helene.polveche@ens-lyon.fr,</i> <i>tel: +33 (0)4 72 72 80 48.</i>