



Magali Richard Génétique computationnelle

Activités de recherche

- 2018-2020 **TIMC - IMAG**, Univ. Grenoble Alpes, Grenoble, France.
Chaire de recherche l'Institut des Données de l'Univ. Grenoble Alpes, *Caracterisation de l'hétérogénéité cellulaire dans le contexte du cancer du poumon.*
- 2017 **TIMC - IMAG**, CNRS, Grenoble, France, 1 an.
Post-doc dans l'équipe Biologie Computationnelle et Mathématique, en collaboration avec Daniel Jost, *Identification et modélisation de la régulation épigénétique du cancer du poumon.*
- 2013-2016 **LBMC - École Normale Supérieure**, CNRS, Lyon, France, 3 ans et 7 mois.
Post-doc dans l'équipe Génétique des variations inter-espèces, en collaboration avec Gael Yvert, *Analyse de la fitness en environnement dynamique et génétique des systèmes sur un réseau de régulation.*
- 2008-2012 **IBENS - École Normale Supérieure**, INSERM, Paris, France, 4 ans.
Thèse dans l'équipe Génétique et neurobiologie de *C. elegans*, sous la direction de Jean-Louis Bessereau, *Biosynthèse des récepteurs cholinergiques chez le nématode.*
- 2008 **IBENS - École Normale Supérieure**, INSERM, Paris, France, 8 mois.
Stage de M2 dans l'équipe Génétique et neurobiologie de *C. elegans*, sous la direction de Jean-Louis Bessereau, *Biosynthèse des récepteurs cholinergiques chez le nématode.*
- 2007 **Skirball Institute**, NYU, New York, USA, 5 mois.
Stage de M1 dans l'équipe Cell Communication in Drosophila Eye Development, sous la direction de Jessica Treisman, *Identification de gènes requis dans la différenciation des photorécepteurs chez la mouche par un crible génétique.*
- 2006 **Welcome Trust Biocenter**, Dundee, UK, 3 mois.
Stage de L3 dans l'équipe Understanding the Molecular Mechanism of Biofilm Formation, sous la direction de Nicola Stanley-Wall, *Formation des biofilms chez la bactérie.*

Diplômes et formation

- 2017 **Ecole scientifique**, Aussois, France, Biologie computationnelle des systèmes, 40 heures.
Ecole scientifique, Grenoble, France, R avancé, 30 heures.
- 2015 **Diplôme Universitaire en Statistiques**, Université de Strasbourg, Strasbourg, France, Mention bien.
- 2008-2012 **Doctorat en Génétique et Biologie Cellulaire**, Université Paris VI, Paris, France.
- 2005-2008 **Magistère de génétique**, Université Paris VII, Paris, France.
2nd year of master, Mention très bien, 1^{re}/22.
1st year of master, Mention très bien, 1^{re}/45.
Licence, Mention bien, 2^{eme}/34.
Diplôme de l'institut Pasteur en Biologie Cellulaire, Institut Pasteur, Paris.
- 2003-2005 **Classes préparatoires BCPST**, Lycée Clémenceau, Nantes, France, Spécialités : Biologie, Chimie, Physique, Mathématiques and Géologie.
- 2003 **Baccalauréat scientifique**, Lycée Clémenceau, Nantes, France, Mention très bien.

Activités d'enseignement

- 2017 **Vacations**, ENSIMAG, Grenoble, 6 heures.
Travaux pratiques en Statistiques (logiciel R), niveau Master.
- 2016 **Vacations**, Université Grenoble Alpes, Grenoble, 18 heures.
Travaux pratiques en Statistiques (logiciel R), niveau Licence.
Vacations, Université Grenoble Alpes, Grenoble, 18 heures.
Travaux dirigés en Génétique Eucaryote, niveau Licence.
- 2014 **Vacations**, Ecole Normale Supérieure, Lyon, 40 heures.
Travaux pratiques en Génétique des nématodes, niveau Licence
- 2009 **Bénévolat**, Ecole Normale Supérieure, Paris.
Création et participation à un module d'enseignement initiation à la recherche à l'ENS de Paris, niveau Master
- 2008-2011 **Monitorat**, Université Paris VI - Pierre et Marie Curie, Paris, 64 heures par an.
Travaux dirigés et pratiques en Génétique et Biologie Cellulaire, niveau Licence.

Activités d'encadrement

- 2017 **Encadrement d'un étudiant de M2**, stage de 6 mois.
- 2016 **Encadrement d'un Assistant Ingénieur**, CDD un an.
Encadrement d'une Ingénieure de Recherche, projet de 6 mois.
- 2014 **Supervision d'un étudiant en thèse**, 1^{ère} année de thèse, pratique expérimentale.

Responsabilités collectives

- 2017 **Création et animation d'une communauté R-users**, Grenoble, France.
Membre du comité d'organisation du challenge : Epigenetic and High-Dimension Mediation Data Challenge, Aussois, France.
- 2015-2016 **Responsable et animatrice du club Biocomputing**, LBMC - École Normale Supérieure, Lyon, France.
- 2013 **Responsable et animatrice du journal club Evolution**, LBMC - École Normale Supérieure, Lyon, France.
- 2011 **Membre du comité d'organisation du congrès Jeunes Chercheurs YRLS**, Young Researchers in Life Sciences, Paris, France, <http://yrls.fr/>.
Organisation de petit-déjeuners d'insertion professionnelle, IBENS - École Normale Supérieure, Paris, France, <http://yrls.fr/>.
- 2009-2010 **Co-fondatrice and présidente de l'association SPIBENS**, IBENS - École Normale Supérieure, Paris, France, Student and Post-doc association of Institut of Biology of Ecole Normale Supérieure. <http://www.biologie.ens.fr/depbio/?article23>.
Bénévolat à l'association Paris-Montagne, IBENS - École Normale Supérieure, Paris, France, Communication scientifique auprès du jeune public. <http://www.paris-montagne.org/>.
- 2005-2007 **Elue représentante étudiante au Conseil d'Administration de l'Université**, Université Paris VII - Denis Diderot.
- 2005-2006 **Vice-Présidente de l'association BGA**, Université Paris VII - Denis Diderot, association des étudiants du Magistère de Genetique. <http://bga.asso.free.fr/index.html>.

Publications

- 2017 **Assigning function to natural allelic variation via dynamic modeling of gene network induction.**
M. Richard, F. Chuffart, H. Duplus-Bottin, F. Pouyet, M. Spichty, E. Fulcrand, M. Entrevan, A. Barthelaix, M. Springer, D. Jost and G. Yvert, *In press at Mol Syst Biol*
Genomics of cellular proliferation under periodic stress.
J. Salignon[§], M. Richard[§], E. Fulcrand, H. Duplus-Bottin and G. Yvert, *In revision at Mol Syst Biol*
- 2016 **Exploiting Single-Cell Quantitative Data to Map Genetic Variants Having Probabilistic Effects.**
F. Chuffart, M. Richard, D. Jost, C. Burny, H. Duplus-Bottin, Y. Ohya and G. Yvert, *PLoS Genet*
- 2014 **How does evolution tune biological noise.**
M. Richard and G. Yvert, *Front Genet*
- 2013 **Biosynthesis of ionotropic acetylcholine receptors requires the evolutionarily conserved ER membrane complex.**
M. Richard, T. Boulin, V. Robert, J. Richmond, and J-L. Bessereau, *PNAS*
- 2012 **A Screen for X-linked mutations affecting drosophila photoreceptor differentiation identifies casein kinase 1 α as an essential negative regulator of wingless signaling.**
K. Legent, J. Steinhauer, M. Richard, and J.E. Treisman, *Genetics*

R packages

- 2017 **dmprocr**, R package to perform differential methylation profiles clustering,
<https://github.com/bcm-uga/dmprocr>.
F. Chuffart, P. Terzian, D. Jost, M. Richard
- penda**, R package to calculate personalized differential analysis of omics data,
<https://github.com/bcm-uga/penda>.
D. Jost, M. Richard
- 2015 **facsticor**, R method to analyse flow cytometry single cell data during time course experiments,
<https://github.com/magrichard/facsticor>.
F. Chuffart, G. Yvert, M. Richard
- 2013 **h4decoder95**, R package to generate error-correcting DNA barcodes,
<https://github.com/magrichard/h4decoder95>.
M. Richard

Conférences

- 2017 **Epigenetic and Mediation data challenge**, *Invited speaker*, Aussois, France.
Epigenetic in biology
Epigenetics and Cancer, *Poster*, Heidelberg, Allemagne.
Identification of epigenetic hotspot in lung cancer
Advanced lecture course on computational systems biology, *Talk*, Aussois, France.
Functional Genetic Diversity of the Yeast Galactose Network
- 2016 **JOBIM**, *Poster*, Lyon, France.
Functional Genetic Diversity of the Yeast Galactose Network
- 2015 **Design optimization and control in system and synthetic biology**, *Poster*, Paris, France.
Functional Genetic Diversity of the Yeast Galactose Network
BCM Seminar, *Invited speaker*, Grenoble, France.
Functional Genetic Diversity of the Yeast Galactose Network
JOBIM, *Poster*, Clermont-Ferrand.
Identification of fitness advantage in dynamic environment by modelisation of BAR-seq data

- Quatrièmes Rencontres R**, *Talk*, Grenoble, France.
A general method to map single-cell probabilistic trait loci of the genome
- 2014 **Experimental Approaches to Evolution and Ecology using Yeast and other Model Systems**, *Poster*, Heidelberg, Germany.
Genetics of fitness in dynamic environments
Single cells genomics, *Poster*, Stockholm, Sweden.
Competition between cells in dynamic environments
- 2012 **Young Researcher in Life Sciences**, *Talk*, 3rd prize, Paris, France.
Control of acetylcholine receptor maturation and ER homeostasis by a new transmembrane complex
LBMC Seminar, *Invited speaker*, Lyon, France.
Control of acetylcholine receptor maturation and ER homeostasis by a new transmembrane complex
Ver midi, *Talk*, Paris, France.
Control of acetylcholine receptor maturation and ER homeostasis by a new transmembrane complex
- 2011 **18th International Worm Meeting**, *Poster*, Los Angeles, USA.
Control of acetylcholine receptor maturation and ER homeostasis by a new transmembrane complex
- 2010 **Neuronal development, synaptic function and behaviour in C. elegans**, *Poster*, Madison, USA.
TMEM-93 is a conserved transmembrane protein required for assembly or stability of acetylcholine receptors
- 2009 **17th International Worm Meeting**, *Poster*, Los Angeles, USA.
TMEM-93 is a conserved transmembrane protein required for assembly or stability of acetylcholine receptors

Compétences en biologie expérimentale

Genétique mendélienne, Génétique expérimentale classique, analyse et cribles chez *D. Melanogaster*, *C. elegans* et *S. cerevisiae*.

Génétique quantitative, Whole genome sequencing, RNA-Seq, BAR-Seq, cartographie QTL.

Biologie moléculaire, modification de l'ADN, PCR quantitative, extraction d'ADN, extraction d'ARN.

Biochimie, Western Blot, purification d'anticorps, extraction de protéine, SILAC.

Imagerie, microscopie confocale, cytométrie en flux, microfluidique.

Robotique et automatisation, TECAN Evoware200.

Compétences en biologie computationnelle

Bioinformatique, ssh, bash, python, batch-queuing systems (OAR, PBS), traitement des données biologiques (FastQC, Bowtie, STAR, SAMtools, HT-Seq, etc).

Biostatistiques, R, Statistique inférentielle, Analyses Multivariées, Modèles linéaires, Analyse en composantes principales.

Autres, L^AT_EX, Sweave.

Langues parlées et hobbies

Français, Langue maternelle.

Anglais, Scientifique, écrit et parlé.

Allemand, Notions.

Arts, Théâtre classique et d'improvisation. Photographie..

Sports, Randonnée. Course à pied.