



# Magali Richard Génétique computationnelle

## Activités de recherche

- 2018-2020 **TIMC - IMAG**, Univ. Grenoble Alpes, Grenoble, France.  
Chaire de recherche à 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.  
**2<sup>nd</sup> year of master**, Mention très bien, 1<sup>re</sup>/22.  
**1<sup>st</sup> year of master**, Mention très bien, 1<sup>re</sup>/45.  
**Licence**, Mention bien, 2<sup>eme</sup>/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<sup>ère</sup> 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

- 2018 **Genomics of cellular proliferation under periodic stress.**  
J. Salignon<sup>§</sup>, M. Richard<sup>§</sup>, E. Fulcrand, H. Duplus-Bottin and G. Yvert, *In press at Mol Syst Biol*  
**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, *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 $\alpha$  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*, 3<sup>rd</sup> 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 **18<sup>th</sup> 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 **17<sup>th</sup> 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<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X, 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.