

Nicolas JEANNE | Bioinformaticien

25, place Dupuy – 31000 Toulouse

☎ 06 50 77 65 31 • ☎ 05 67 69 04 57 • ✉ jeanne.n@chu-toulouse.fr

Né le 29/09/1976 à Angers. Titulaire de la Fonction publique hospitalière.

Compétences

Programmation: R et Bioconductor, JAVA, Python, Shell, HTML/CSS, Qt, \LaTeX , SQL.

Data mining: SVM, réseaux de neurones, clustering hiérarchique, arbres décisionnels, règles d'association.

Séquençage haut-débit: Technologies Illumina et 454 : De Novo, Amplicons, RNA-Seq.

Biologie Moléculaire: Séquençage Sanger, PCR, PCR temps réel, extractions.

Expérience professionnelle

Virologie - CHU Purpan

Toulouse

Bioinformaticien

depuis 08/2015

- Adaptation et mise en œuvre d'un pipe-line de découverte de variants de résistances minoritaires sur des données de séquençage haut-débit des virus de l'hépatite C.
- Recherche de motifs induisant un tropisme X4 sur les séquences du gène de l'enveloppe du VIH-1 par apprentissage automatique supervisé.
- Développement de programmes à façon pour le traitement de données biologiques.
- Assemblage de génomes De Novo à partir de données de séquençage haut-débit.
- Étude de variants à partir de données de séquençage haut-débit amplicons.
- Adaptation du logiciel PyroVir aux données de séquençage haut-débit Illumina et Ion-Torrent.
- Biostatistiques et visualisation de données.
- Utilisation de services distants et lancements de calculs haute performance sur le cluster de calcul de l'INRA.

Laboratoire de Microbiologie et Génétiques Moléculaires - CNRS

Toulouse

Stage de bioinformatique

01/2015 - 07/2015

Étude par RNA-Seq du métabolisme de l'ARN messager dans les opérons : Rôle des BIME chez *E. Coli*.

- Exploration et sélection de données publiques de RNA-Seq.
- Mapping et normalisation des données d'expression chez *E. coli*.
- Étude statistique de variation de taux d'expression par différentes méthodes (corrélation de profils, segmentation...).
- Étude de la stabilité des structures secondaires des BIME par rapport à leurs séquences ancêtres reconstruites.

Virologie - CHU Purpan

Toulouse

Technicien de biologie moléculaire

08/2010 - 08/2013

- Développements en bioinformatique :
 - Logiciel **PyroVir** d'analyse de données de pyroséquençage (454) pour la détermination du Tropisme du VIH (**Brevet**).
 - Logiciel de calcul de taux d'erreurs des séquençages haut-débit.
 - Logiciel de calcul de taux d'évolution de séquences de VIH issues de Pyroséquençage.
- Étude de variants à partir de données de pyroséquençage amplicons.
- Biostatistiques et visualisation de données.
- Utilisation de services distants et lancements de calculs haute performance sur le cluster de calcul de l'INRA.
- Mise en œuvre de séquençage haut-débit (technologies Illumina et 454).
- Étude du tropisme du VIH par séquençage haut-débit.
- Phylogénétique et recherche de résistances du VIH-1 et des virus des hépatites.
- Mise en œuvre de séquençage Sanger.

Neurogénétique - Hôpital A. Trousseau (APHP)**Paris***Technicien de biologie moléculaire, Centre de référence maladies rares.*

2005 - 07/2010

- Recherche de mutations par séquençage Sanger dans le cadre du diagnostic de maladies touchant le système nerveux central chez l'enfant
- Diagnostics prénataux.
- Gestion d'un séquenceur Sanger 96 capillaires.
- Mise en œuvre d'une technique HRM (High Resolution Melting) pour la détection de la présence de variants.

Divers laboratoires**Paris***Technicien de laboratoire*

2003 - 2005

- Biologie moléculaire en endocrinologie.
- Virologie.

Institut A. Frappier**Montréal Canada***Technicien d'histocompatibilité*

2002 - 2003

- Typage HLA.
- Gestion de banque de patients en attente de greffe.

Immunologie - Hôpital St. Louis (APHP)**Paris***Technicien d'immunologie*

2001 - 2002

Suivi d'une cohorte de patients sous traitement anti-rétroviral.

- Cytométrie de flux.
- Culture cellulaire.

Hématologie - Hôpital militaire Percy**Paris***Technicien d'hématologie, Service national*

2000 - 2001

- Cytométrie de flux.
- Analyses de routine.

Aventis R&D**Paris***Technicien de biologie moléculaire*

1999 - 2000

- Projet de séquençage d'un cosmide par méthode shotgun.

Aventis et Sipsy**Lyon et Angers***Technicien qualité*

1997 - 1999

- Rédaction de procédures qualité.
- Validation de méthodes.

Formation**Université Paul Sabatier, formation continue****Toulouse***Master 2 Bioinformatique et Biologie des Systèmes, major de promotion*

09/2014 - 07/2015

- Rapport de stage : Étude par RNA-Seq du métabolisme de l'ARN messager dans les opérons, rôle des BIME chez *E. coli*.
- Revue : Common tools comparison for differential expression analysis : edgeR, DESeq and DESeq2.

Université Paul Sabatier, formation continue**Toulouse***Master 1 Microbiologie Agrobioscience Bioinformatique Biologie des Systèmes*

09/2013 - 07/2014

CNAM, cours du soir**Paris***Licence Bioinformatique*

09/2009 - 07/2012

- Rapport de stage : PyroTrop, Logiciel d'interprétation de l'analyse du tropisme du VIH-1 par pyroséquençage.
- Projet tuteuré : Phylog, Logiciel de reconstruction d'arbres phylogénétique par les méthodes basées sur les distances.
- Obtention du Business Language Testing Service (BULATS).

IFTAB, La Pitié Salpêtrière**Paris***D.U. de Biologie Moléculaire*

09/2007 - 06/2008

ESTBA, formation en alternance**Paris***Licence Professionnelle Microbiologie Industrielle et Biotechnologie*

09/1999 - 06/2000

Alternance effectuée au centre de recherche et développement d'Aventis.

IUT**Angers***Licence Professionnelle Assurance et Gestion de la Qualité*

09/1996 - 06/1997

Brevets

PyroVir: Logiciel d'analyse de données de séquençage haut-débit pour la détermination du tropisme du VIH-1. Déposé à l'Agence pour la Protection des Programmes via INSERM transfert (IDDN.FR.001.160011.000.S.P.2012.000.31230).

Publications

1. **Jeanne Nicolas**, Adrien Saliou, Romain Carcenac, Caroline Lefebvre, Martine Dubois, Michelle Cazabat, Florence Nicot, Claire Loiseau, Stéphanie Raymond, Jacques Izopet, and Pierre Delobel. Position-specific automated processing of V3 env ultra-deep pyrosequencing data for predicting HIV-1 tropism. *Nature Publishing Group*, (November) :1–10, 2015.
2. *Nicot, F*, K Sauné, S Raymond, **Jeanne Nicolas**, R Carcenac, C Lefebvre, L Cuzin, B Marchou, P Delobel, and J Izopet. Minority resistant HIV-1 variants and the response to first-line NNRTI therapy. *Journal of clinical virology : the official publication of the Pan American Society for Clinical Virology*, 62 :20–4, 2015.
3. *Raymond, Stéphanie*, Adrien Saliou, Pierre Delobel, Michelle Cazabat, Christophe Pasquier, **Jeanne Nicolas**, K. Saune, Patrice Massip, Bruno Marchou, Jacques Izopet, Karine Sauné, Patrice Massip, Bruno Marchou, and Jacques Izopet. Evolution of HIV-1 quasispecies and coreceptor use in cell reservoirs of patients on suppressive antiretroviral therapy. In *The Journal of antimicrobial chemotherapy*, volume 69, pages 2527–30, Seattle, sep 2014.
4. *Saugier-Weber, Pascale*, Céline Bonnet, Alexandra Afenjar, Valérie Drouin-Garraud, Christine Coubes, Séverine Fehrenbach, Muriel Holder-Espinasse, Joëlle Roume, Valérie Malan, Marie-France Portnoi, **Jeanne Nicolas**, Clarisse Baumann, Delphine Héron, Albert David, Marion Gérard, Dominique Bonneau, Didier Lacombe, Valérie Cormier-Daire, Thierry Billette de Villemeur, Thierry Frébourg, and Lydie Bürglen. Heterogeneity of NSD1 alterations in 116 patients with Sotos syndrome. *Human Mutation*, 28(11) :1098–1107, nov 2007.

Langues

Anglais: Lu, parlé, écrit

BULATS CEF/ALTE Level : C1/4

Espagnol: Lu, parlé, écrit

9 mois en Espagne

Centres d'intérêt

Photographie

Travail du bois

Moto

Aviation