

## Expériences de recherche et éducation

- Novembre 2017–Présent **GenPhySE, INRA, Chargé de Recherche**, Toulouse.  
Génétique et épigénétique moléculaires des espèces animales utilisées en croisement, notamment analyses de données multi-omics pour étudier l'adaptation à la chaleur chez le porc.
- Janvier 2015–Octobre 2017 **Roslin Institute, Université d'Édimbourg, Post-doctorat**, Édimbourg.  
Analyses de jeux de données haut-débit sur la régulation transcriptionnelle, sous la supervision d'Anagha Joshi. Une semaine de formation à l'analyse de données protéomiques à l'*European Bioinformatics Institute* (2016).
- Septembre 2011–  
Décembre 2014 **Centre de Recherche en Cancérologie de Lyon, Doctorat**, Lyon.  
Thèse en épigénétique et cancer sous la direction de Robert Dante, dans l'équipe de Patrick Mehlen. Titre : *Les protéines MBD2 et ZBTB4 répriment la transcription de nombreux gènes méthylés*. Préparation d'échantillons pour ChIP-seq et RNA-seq, et analyse des données générées.
- 2010–2011 **ENS de Lyon, Master 2**, Lyon.  
Master 2 Biosciences, mention *très bien*. Modules de génomique comparative et d'homéostasie cellulaire. Stage au CRCL avec Robert Dante en épigénétique et cancer.
- 2009–2010 **ENS de Lyon, Préparation à l'Agrégation SV-STU**, Lyon.  
Agrégé de SV-STU, option biologie cellulaire et moléculaire. Admis 16<sup>ème</sup> sur 1 354 candidats.
- 2008–2009 **ENS de Lyon, Master 1**, Lyon.  
Entre autres, modules d'épigénétique, d'immunologie et de biophysique. Stage de 4 mois au *Ludwig Institute for Cancer Research* d'Oxford sous la direction de Colin Goding, sur la régulation post-traductionnelle du facteur de transcription MITF
- 2007–2008 **ENS de Lyon, Licence 3**, Lyon.  
Licence en Biologie Fondamentale. Stage de 2 mois dans l'équipe Régulation transcriptionnelle et cancer à l'Institut de Génétique et de Développement de Rennes sous la direction de Marie-Dominique Galibert, sur la réponse transcriptionnelle de kératinocytes suite à une exposition aux UV.
- 2005–2007 **Chateaubriand, Classe préparatoire BCPST-Véto**, Rennes.  
Admis en temps que normalien à l'École Normale Supérieure de Lyon.

## Encadrement et enseignement

### Encadrement

- Étudiante en Thèse, stage d'échange, 5 mois (2017), sur un projet de méta-analyses de plusieurs centaines de puces d'expressions sur des échantillons de foies de souris et de rat.
- Etudiante de Master, stage de deux mois (2017), sur un package R d'une étape d'analyse de données de séquençage ARN en cellule unique.
- Lycéen, stage d'initiation à la recherche, un mois (2016), sur un outil de visualisation des données d'hybridation in situ de la base de données GEISHA.

### Enseignement

- Monitorat : 64 heures d'enseignement par an pendant 3 ans à l'Université Claude Bernard Lyon 1 (2011-2014), niveau Licence 1 et 2 : travaux dirigés en génétique et recherche documentaire, travaux pratique en génétique et développement embryonnaire.
- Trois présentations au groupe des utilisateurs de R d'Edimbourg (EdinbR, 2015-2016).
- Travaux dirigés de signalisation cellulaire aux étudiants vétérinaires, Université d'Edimbourg (2016).
- Un an de soutien scolaire (40 h) en Français et Mathématiques au centre social de Gerland (Lyon) auprès de collégiens (Lyon, 2007-2008).

## Financements obtenus

- 2015 : **Cascade Fellows**, 40 000 £ sur deux ans pour financer une recherche postdoctorale.
- 2014 : Ligue contre le cancer, financement de 6 mois de la 4<sup>ème</sup> année de thèse.

## Compétences

- **Biologie moléculaire et cellulaire** : Immuno-précipitation de chromatine, précipitation d'ADN méthylé, PCR quantitative, traitement au bisulfite, culture cellulaire, clonage, immuno-blot, coIP, microscopie à fluorescence, microscopie confocale.
- **Analyses bio-informatiques** : Analyses de données de puces (transcriptome, *tiling array*, 450k), RNA-seq, ChIP-seq, MeDP-seq, DNase/ATAC-seq, CAGE, WGBS, RRBS. R/Bioconductor, notamment GenomicRanges, limma, aroma.affymetrix, Repitools, seqplots, DESeq2, EdgeR, biomaRt. Programmes en lignes de commandes, notamment bedtools et samtools. *Genome Browsers* IGV, IGB, UCSC, Zenbu. Ressources web : Ensembl, EBI-ENA/NCBI-GEO, IHEC, ENCODE, etc.
- **Data science** : Compétences avancées en R, notamment ggplot2, dplyr, purrr, future, plot.ly, shiny.
- **Autre** : Suites offices,  $\LaTeX$ , Markdown, OS Linux, Windows, MacOS.

## Formations professionnelles

- Systems biology and gene networks inference : Application to livestock breeding and genetics, Tony Reverter (CSIRO), du 19 au 23 Novembre 2018
- Formation SLURM avancé, Bull/ATOS, 2018-11-08, un jour
- Formation FAIR, FAIRDOM, SEEK (satellite ICSB2018), 2018-10-27, un jour
- Formation à l'expérimentation animale Felasa (UPAL, ENVT), du 10 au 21 Septembre 2018
- Formation Git GitLab, Nathalie Vialaneix, 2018-03-29, une demi journée
- Proteomics Bioinformatics, EBI, du 4 au 9 Décembre 2016

## Responsabilités diverses

- Responsable financier de la société des post-doctorants du *Roslin Institute*. (2015–2017).
- Rédacteur pour le blog [bioinfo-fr.net](http://bioinfo-fr.net).
- Révisions d'articles pour *F1000Research*, *Scientific Reports*, *Genomics*, *Bioinformatics*, *PLOS ONE*.
- Membre du groupe des utilisateurs de R d'Édimbourg [EdinbR](http://EdinbR). (2015–2017)
- Fondateur et organisateur du groupe des utilisateurs de R de Toulouse [R-Toulouse](http://R-Toulouse). (2018–.)

## Publications

- **Guillaume Devailly** and Anagha Joshi. Insights into mammalian transcription control by systematic analysis of ChIP sequencing data. *BMC bioinformatics*, 19(Suppl 14) :409, nov 2018.
- Pía Francesca Loren Reyes, Tom Michoel, Anagha Joshi, and **Guillaume Devailly**. Meta-analysis of liver and heart transcriptomic data for functional annotation transfer in mammalian orthologs. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 15 :425–432, 2017.
- **Guillaume Devailly** and Anagha Joshi. Transcription control in human cell types by systematic analysis of ChIP sequencing data from the ENCODE. In *Bioinformatics and Biomedical Engineering*, pages 315–324. Springer International Publishing, 2017.
- **Guillaume Devailly**, Anna Mantsoki, and Anagha Joshi. Heat\*seq : an interactive web tool for high-throughput sequencing experiment comparison with public data. *Bioinformatics (Oxford, England)*, 32(21) :3354–3356, nov 2016.
- **Guillaume Devailly**, Anna Mantsoki, Tom Michoel, and Anagha Joshi. Variable reproducibility in genome-scale public data : A case study using ENCODE ChIP sequencing resource. *FEBS letters*, nov 2015.
- **Guillaume Devailly**, Mélodie Grandin, Laury Perriaud, Pauline Mathot, Jean-Guy Delcros, Yannick Bidet, Anne-Pierre Morel, Jean-Yves Bignon, Alain Puisieux, Patrick Mehlen, and Robert Dante. Dynamics of MBD2 deposition across methylated DNA regions during malignant transformation of human mammary epithelial cells. *Nucleic acids research*, 43(12) :5838–54, 2015.
- Deepthi Vipin, Lingfei Wang, **Guillaume Devailly**, Tom Michoel, and Anagha Joshi. Causal Transcription Regulatory Network Inference Using Enhancer Activity as a Causal Anchor. *International Journal of Molecular Sciences*, 19(11), nov 2018.
- Angeles Arzalluz-Luque, **Guillaume Devailly**, and Anagha Joshi. scFeatureFilter : Correlation-based feature filtering for single-cell RNAseq. In *Bioinformatics and Biomedical Engineering*, pages 364–370. Springer International Publishing, 2018.
- Anna Mantsoki, **Guillaume Devailly**, and Anagha Joshi. Dynamics of promoter bivalency and RNAP II pausing in mouse stem and differentiated cells. *BMC Developmental Biology*, 18(1), feb 2018.
- P Mathot, M Grandin, **G Devailly**, F Souaze, V Cahais, S Moran, M Campone, Z Herceg, M Esteller, P Juin, P Mehlen, and R Dante. DNA methylation signal has a major role in the response of human breast cancer cells to the microenvironment. *Oncogenesis*, 6(10) :e390, oct 2017.
- Ángeles Arzalluz-Luque, **Guillaume Devailly**, Anna Mantsoki, and Anagha Joshi. Delineating biological and technical variance in single cell expression data. *The International Journal of Biochemistry & Cell Biology*, 90 :161–166, sep 2017.
- Mélodie Grandin, Pauline Mathot, **Guillaume Devailly**, Yannick Bidet, Akram Ghantous, Clementine Favrot, Benjamin Gibert, Nicolas Gadot, Isabelle Puisieux, Zdenko Herceg, Jean-Guy Delcros, Agnès Bernet, Patrick Mehlen, and Robert Dante. Inhibition of DNA methylation promotes breast tumor sensitivity to netrin-1 interference. *EMBO molecular medicine*, 8(8) :863–77, aug 2016.
- A Griveau, **G Devailly**, L Eberst, N Navaratnam, B Le Calvé, M Ferrand, P Faull, A Augert, R Dante, J M Vanacker, D Vindrieux, and D Bernard. The PLA2R1-JAK2 pathway upregulates ERR $\alpha$  and its mitochondrial program to exert tumor-suppressive action. *Oncogene*, 35(38) :5033–42, sep 2016.
- Anna Mantsoki, **Guillaume Devailly**, and Anagha Joshi. Gene expression variability in mammalian embryonic stem cells using single cell RNA-seq data. *Computational biology and chemistry*, 63 :52–61, aug 2016.

Anna Mantsoki, **Guillaume Devailly**, and Anagha Joshi. CpG island erosion, polycomb occupancy and sequence motif enrichment at bivalent promoters in mammalian embryonic stem cells. *Scientific reports*, 5 :16791, 2015.

Roxane M Pommier, Johann Gout, David F Vincent, Lindsay B Alcaraz, Nicolas Chuvin, Vanessa Arfi, Sylvie Martel, Bastien Kaniewski, **Guillaume Devailly**, Geneviève Fourel, Pascal Bernard, Caroline Moyret-Lalle, Stéphane Ansieau, Alain Puisieux, Ulrich Valcourt, Stéphanie Sentis, and Laurent Bartholin. TIF1- $\gamma$  Suppresses Tumor Progression by Regulating Mitotic Checkpoints and Chromosomal Stability. *Cancer research*, 2015.

David Vindrieux, **Guillaume Devailly**, Arnaud Augert, Benjamin Le Calvé, Mylène Ferrand, P Pigny, L Payen, Gérard Lambeau, Michael Perrais, Sebastien Aubert, Hélène Simonnet, R Dante, and David Bernard. Repression of PLA2R1 by c-MYC and HIF-2 $\alpha$  promotes cancer growth. *Oncotarget*, 5(4) :1004–1013, 2014.

Andrea Paradisi, Marion Creveaux, Benjamin Gibert, **Guillaume Devailly**, Emeline Redoulez, David Neves, Elsa Cleysac, Isabelle Treilleux, Christian Klein, Gerhard Niederfellner, Philippe A. Cassier, Agnès Bernet, and Patrick Mehlen. Combining chemotherapeutic agents and netrin-1 interference potentiates cancer cell death. *EMBO Molecular Medicine*, 5(12) :1821–1834, 2013.

## Conférences et workshops

### Présentations invités

Adebiotech Epigen (Romainville, Mars 2018)

### Présentations orales

Epihase INRA (Tour, Avril 2018) – EpiBrest (Brest, Décembre 2016) – Computational and Molecular Biology Symposium (Dublin, Décembre 2016) – Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques (Lyon, Juin 2016) – Game of Epigenomics, (Dubrovnik, Croatie, Avril 2016) – 10th Edinburgh Bioinformatics Meeting (Edimbourg, Février 2016) – Next Gen Bug 45 (Edimbourg, Février 2016) – 5th Bioinformatics Workshop des Cancéropôles CLARA – PACA – GRAND-EST (Lyon, Septembre 2012)

### Posters

Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques (Lille, Juillet 2017) – Second prix du meilleur poster, Edinburgh Genomics conference (Edimbourg, Mars 2016) – Coming of Age : The Legacy of Dolly at 20, scientific symposium (Edimbourg, Septembre 2016) – Epigenetics : in dialog with the genome, (Edimbourg, Juin 2015) – Gordon Conference Cancer Genetics & Epigenetics Gordon Conference (Italie, Avril 2013) – 1er Symposium du Centre de Recherche en Cancérologie de Lyon (Février 2013)

Dernière mise à jour : 2018/12/04