



Annexe Évaluation Chercheur·se·s 2023-2024 Évaluation Allégée ou Approfondie

CSS : GVA


Nom : FOISSAC	Prénom : Sylvain
---------------	------------------

Corps-Grade : CRCN	Unité : Génétique, Physiologie et Systèmes d'Élevage
Matricule : 137753G	Centre : Occitanie-Toulouse
N° téléphone :	N° codique Unité : 1388
Adresse électronique : sylvain.foissac@inrae.fr	Nom Directeur d'Unité : RIQUET Juliette
Département : GA	

I SYNTHÈSE ET AVIS À L'INTENTION DE LA CSS DU DIRECTEUR OU DE LA DIRECTRICE D'UNITÉ OU, PAR DÉLÉGATION, DU OU DE LA RESPON- SABLE D'ÉQUIPE

Avis :

Depuis son recrutement Sylvain s'est très fortement impliqué dans des travaux portant sur l'annotation des génomes. Il a été co-responsable du projet Fr-AgENCODE, contribution française à l'initiative internationale d'annotation des génomes animaux (FAANG). Le succès de ce projet, en termes de connaissances, de données acquises et de pipelines d'analyse est en grande partie due au travail de Sylvain et aux collaborations qu'il a su construire. Au cours de la période évaluée Sylvain a exprimé le souhait de progressivement réduire son implication dans l'analyse de données (travaux de type ingénierie) afin de pouvoir se saisir d'une question de recherche. Dans le cadre de la thématique structure (architecture 3D) et fonction (régulation) du génome, Sylvain a choisi de s'investir sur l'analyse comparative de données « Hi-C ». Je soutiens sans réserve le choix fait par Sylvain. Son investissement dans de nombreux projets, où son expertise sur l'annotation des génomes a été majeure, se reflète à travers la diversité des sujets des articles dont il est co-auteur. La thématique de recherche qu'il aborde désormais lui permettra d'asseoir ses travaux sur une thématique plus restreinte mais novatrice. Ce changement de positionnement a été progressivement construit par Sylvain via (1) la mise en place d'un réseau informel local sur la thématique «structure et fonction» (CHROCOGEN), (2) la mise en place réseau "officiel" (CHROCONET – DigitBio) (3) le co-encadrement d'une thèse à partir de cette année sur sa thématique de recherche et (4) la soutenance de son HDR prévue en 2024. Je remercie grandement Sylvain pour tout ce qu'il a apporté à la communauté scientifique sur la connaissance des génomes et le félicite sur la manière très construite et pertinente dont il a fait évoluer son activité de recherche.

	Responsable de l'entretien	Directeur ou directrice d'unité
Prénom, Nom	Juliette RIQUET	Juliette RIQUET
Date		06/10/2023
Signature		

I-Bis AVIS RESPONSABLE D'UN PROJET TRANSVERSAL (LE CAS ÉCHÉANT), À L'INTENTION DE LA CSS

Avis :

Titre du projet :
Prénom, Nom
Date
Signature

II LISTE DES RÉALISATIONS ET ACTIVITÉS sur la période d'évaluation

A. Production de connaissances

A.1 Production de connaissances originales reconnues dans la/les communauté(s) scientifique(s) de référence

A.1.1 Articles à destination des communautés scientifiques, validés par les pairs et publiés dans une revue à comité de lecture ou dans un entrepôt de documents en accès libre (comme par exemple les Peer Community In)

Hoellinger, Tristan, Camille Mestre, Hugues Aschard, Wilfried Le Goff, Sylvain Foissac, Thomas Faraut et Sarah Djebali. "Enhancer/gene relationships : need for more reliable genome-wide reference sets". In : *Frontiers in Bioinformatics* 3 (2023), p. 1092853. DOI : [10.1093/nar/gkx920](https://doi.org/10.1093/nar/gkx920). URL : <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fbinf.2023.1092853>.

Kurylo, Cyril, Cervin Guyomar, Sylvain Foissac et Sarah Djebali. "TAGADA : a scalable pipeline to improve genome annotations with RNA-seq data". In : *NAR Genomics And Bioinformatics*, in press (2023). DOI : [10.1093/nargab/lqad089](https://doi.org/10.1093/nargab/lqad089).

- Jehl, Frédéric, Fabien Degalez, Maria Bernard, Frédéric Lecerf, Laetitia Lagoutte, Colette Désert, Manon Coulée, Olivier Bouchez, Sophie Leroux, Behnam Abasht, Michèle Tixier-Boichard, Bertrand Bed'hom, Thierry Burlot, David Gourichon, Philippe Bardou, Hervé Acloque, Sylvain Foissac, Sarah Djebali, Elisabetta Giuffra, Tatiana Zerjal, Frédérique Pitel, Christophe Klopp et Sandrine Lagarrigue. “RNA-Seq Data for Reliable SNP Detection and Genotype Calling : Interest for Coding Variant Characterization and Cis-Regulation Analysis by Allele-Specific Expression in Livestock Species”. In : *Frontiers in Genetics* 12 (2021), p. 1104. ISSN : 16648021. DOI : [10.3389/fgene.2021.655707](https://doi.org/10.3389/fgene.2021.655707). URL : <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.655707>.
- Marti-Marimon, Maria, Nathalie Vialaneix, Yvette Lahbib-Mansais, Matthias Zytnecki, Sylvie Camut, David Robelin, Martine Yerle-Bouissou et Sylvain Foissac. “Major Reorganization of Chromosome Conformation During Muscle Development in Pig”. In : *Frontiers in Genetics* 12 (2021), p. 1895. ISSN : 16648021. DOI : [10.3389/fgene.2021.748239](https://doi.org/10.3389/fgene.2021.748239). URL : <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.748239>.
- Jehl, Frédéric, Kévin Muret, Maria Bernard, Morgane Boutin, Laetitia Lagoutte, Colette Désert, Patrice Dehais, Diane Esquerré, Hervé Acloque, Elisabetta Giuffra, Sarah Djebali, Sylvain Foissac, Thomas Derrien, Frédérique Pitel, Tatiana Zerjal, Christophe Klopp et Sandrine Lagarrigue. “An integrative atlas of chicken long non-coding genes and their annotations across 25 tissues”. In : *Scientific reports* 10.1 (2020), p. 20457. DOI : [10.1038/s41598-020-77586-x](https://doi.org/10.1038/s41598-020-77586-x). URL : <https://www.nature.com/articles/s41598-020-77586-x>.
- Foissac, Sylvain, Sarah Djebali, Kylie Munyard, Nathalie Vialaneix, Andrea Rau, Kevin Muret, Diane Esquerré, Matthias Zytnecki, Thomas Derrien, Philippe Bardou, Fany Blanc, Cédric Cabau, Elisa Crisci, Sophie Dhorne-Pollet, Françoise Drouet, Thomas Faraut, Ignacio Gonzalez, Adeline Goubil, Sonia Lacroix-Lamandé, Fabrice Laurent, Sylvain Marthey, Maria Marti-Marimon, Raphaëlle Momal-Leisenring, Florence Mompert, Pascale Quéré, David Robelin, Magali San Cristobal, Gwenola Tosser-Klopp, Silvia Vincent-Naulleau, Stéphane Fabre, Marie Hélène Pinard Van Der Laan, Christophe Klopp, Michèle Tixier-Boichard, Hervé Acloque, Sandrine Lagarrigue et Elisabetta Giuffra. “Multi-species annotation of transcriptome and chromatin structure in domesticated animals”. In : *BMC Biology* 17.1 (2019), p. 1-25. ISSN : 17417007. DOI : [10.1186/s12915-019-0726-5](https://doi.org/10.1186/s12915-019-0726-5). URL : <https://doi.org/10.1186/s12915-019-0726-5>.
- Giuffra, Elisabetta, Christopher K. Tuggle et the FAANG Consortium. “Functional Annotation of Animal Genomes (FAANG) : Current Achievements and Roadmap”. In : *Annual Review of Animal Biosciences* 7 (2019), p. 65-88. ISSN : 21658110. DOI : [10.1146/annurev-animal-020518-114913](https://doi.org/10.1146/annurev-animal-020518-114913). URL : <https://doi.org/10.1146/annurev-animal-020518-114913>.

A.1.2 Articles soumis à une revue ou déposés dans un entrepôt de documents d'accès libre en attente de validation par les pairs

- Dufour, Adrien, Cyril Kurylo, Jan B Stockl, Denis Laloe, Yoann Bailly, Patrick Manceau, Frederic Martins, Ali G Turhan, Stephane Ferchaud, Bertrand Pain, Thomas Frohlich, Sylvain Foissac, Jérôme Artus et Hervé Acloque. “Cell specification and functional interactions in the pig blastocyst inferred from single cell transcriptomics”. In : *Genomics, submitted* (2023), p. 2023-05. DOI : [10.1101/2023.05.30.542847](https://doi.org/10.1101/2023.05.30.542847). URL : <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2023.05.30.542847>.
- Neuviel, Pierre, Nathanaël Randriamihamison, Marie Chavent, Sylvain Foissac et Nathalie Vialaneix. “A tree-based test to compare two samples of hierarchically-organized genomic signals”. In : *Journal of the Royal Statistical Society, under review* (2023).

A.1.3 Articles à destination des communautés scientifiques publiés dans une revue sans comité de lecture

A.1.4 Articles de synthèse publiés dans une revue avec comité de lecture : préciser si c'est sur invitation

A.1.5 Datapapers, pre-registrations

A.1.6 Ouvrages complets et/ou direction d'ouvrages ou d'actes

A.1.7 Chapitres d'ouvrages

Neuvial, Pierre, Sylvain Foissac et Nathalie Vialaneix. "Comprendre l'organisation spatiale de l'ADN à l'aide de la statistique". In : *L'Interdisciplinarité*. T. 1. CNRS Editions, 2023, p. 172-179. URL : <https://hal.science/hal-03930070>.

A.1.8 Relecture d'articles : préciser s'il s'agit d'open peer reviews

- Genome Research : 1 review (2023)
- Nature Communications : 1 review (2022) en open access : <https://www.nature.com/articles/s41467-023-39191-0#peer-review>
Une revue ne m'a jamais demandé autant de travail.
- ECCB (European Conference of Computational Biology) : 4 extended abstracts (2022)
- Poultry Science : 1 review (2022)
- PLoS Genetics : 2 reviews (2021, 2022)
- Genomics : 2 reviews (2020, 2022)
- Communications Biology : 1 review (2021)
- Genome Biology : 1 review (2021)
- Journal of Animal Science and Biotechnology : 1 review (2021)
- Bioinformatics : 1 review (2020)
- BMC Genomics : 3 reviews (2019, 2020, 2020)
- Genes : 1 review (2019)

A.1.9 Compte-rendu d'ouvrage ou note de lecture ou préface d'actes

A.1.10 Habilitation à diriger des recherches

En préparation. Inscrit pour l'année 2023-2024, avec une dérogation pour autoriser le démarrage d'encadrement de la thèse (et obligation de passer l'HDR durant la première année).

A.1.11 Communications à des congrès et colloques : précisez si conférence invitée, keynote, communication orale, poster

De Vos, Jani et al. "DNA methylation dynamics regulating embryonic development in pig (Poster)". In : *ISAG*. Cape Town, South Africa, 2023. URL : https://www.isag.us/Docs/Proceedings/ISAG_2023_Abstracts.pdf.

- Degalez, Fabien et al. “A lncRNA gene-enriched atlas for GRCg7b chicken genome and its functional annotation across 47 tissues (Poster)”. In : *ISAG*. Cape Town, South Africa, 2023. URL : https://www.isag.us/Docs/Proceedings/ISAG_2023_Abstracts.pdf.
- Kurylo, Cyril, Elise Maigné, Sylvain Foissac et Matthias Zytnicki. “Prediction and differential analysis of chromatin compartments from Hi-C data (Poster)”. In : *ISMB/ECCB*. Lyon, France, 2023. URL : <https://www.iscb.org/ismbeccb2023-programme/posters>.
- Acloque, H, PW Harrison, W Lakhal, F Martin, AL Archibald, M Beinat, M Davey, S Djebali, S Foissac, S Guizard, C Guyomar, R Kuo, C Kurylo, O Madsen, K Miedzinska, M Mongellaz, J Smith, Sokolov A, J de Vos, E Giuffra et M Watson. “Extensive functional genomics information from early developmental time points for pig and chicken (Talk)”. In : *Proceedings of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP)*. Wageningen Academic Publishers. 2022, p. 2281-2284. DOI : [10.3920/978-90-8686-940-4_550](https://doi.org/10.3920/978-90-8686-940-4_550). URL : https://www.wageningenacademic.com/doi/abs/10.3920/978-90-8686-940-4_550.
- Foissac, Sylvain. “TAGADA : Transcripts and Genes Assembly, Deconvolution, Analysis ; a Nextflow pipeline to improve genome annotations with RNA-seq data (Invited talk)”. In : PRBB-CRG. Barcelona, Catalunya, 2022. URL : <https://prbb.org/agenda.php?month=6&year=2022>.
- Randriamihamison, Nathanaël, Marie Chavent, Sylvain Foissac, Nathalie Vialaneix et Pierre Neuvial. “Classification ascendante hiérarchique sous contrainte de contigüité pour l’analyse différentielle de données Hi-C”. In : *Journées de Statistique de la SFdS (volume exceptionnel)*. 2020.
- Djebali, Sarah, Sylvain Foissac, Nathalie Vialaneix, Kylie Munyard, Andrea Rau, Thomas Faraut, Sandrine Lagarrigue, Hervé Acloque et Elisabetta Giuffra. “Chromatin accessibility conservation across four livestock species (Talk)”. In : *Inproceedings of the International Society for Animal Genetics (ISAG 2019) (7-12 juill. 2019)*. Llieda, Spain, 2019. URL : <https://www.isag.us/2019/scientific-program.aspx>.
- Foissac, Sylvain. “Functional annotation of livestock genomes : chromatin structure and regulation of gene expression (Invited talk)”. In : *Journal of Animal Science (Proceedings of the ASAS/ASDS Midwest Joint Meeting)*. T. 97. Suppl. 2. Omaha, NE, USA, 2019, p. 15-16. DOI : [10.1093/jas/skz122.028](https://doi.org/10.1093/jas/skz122.028). URL : <https://www.faang.org/bbsdb/pub/2019/Midwest2019-FrAgENCODE.pdf>.
- Foissac, Sylvain, Sarah Djebali, Nathalie Vialaneix, Matthias Zytnicki, Andrea Rau, Sandrine Lagarrigue, Hervé Acloque et Elisabetta Giuffra. “Multi-level conservation of chromosome conformation across livestock species reveals evolutionary links between genome structure and function (Talk)”. In : *Inproceedings of the International Society for Animal Genetics (ISAG 2019) (7-12 juill. 2019)*. Llieda, Spain, 2019. URL : <https://www.isag.us/2019/scientific-program.aspx>.
- Lahbib-Mansais, Yvette, Maria Marti-Marimon, Nathalie Vialaneix, Sylvain Foissac, Martine Bouissou-Matet et Laurence Liaubet. “Organisation nucléaire et expression génique lors du développement chez le porc”. In : *Séminaire du réseau EpiPHASE (26-27 juin 2019)*. Castanet-Tolosan, France, 2019.

A.2 Produits pour la recherche mis à disposition de communautés scientifiques (logiciels, bases de données, matériels biologiques, etc.)

A.2.1 Développements informatiques à destination des communautés scientifiques (applications, bases de données, ontologies, terminologies, bibliothèques, plugins, sites web, couches graphiques...)

J’ai contribué au développement de plusieurs outils pour l’analyse de données omiques, tous open-source.

- TAGADA : un logiciel d’analyse de données RNA-seq pour l’annotation génomique sous forme d’un pipeline open source encapsulé (KURYLO, GUYOMAR et al., “TAGADA : a scalable pipeline to improve genome annotations with RNA-seq data”). <https://github.com/FAANG/analysis-TAGADA#readme>
- HiCDOC : un package Bioconductor (R) pour l’analyse de données de génomique 3D de type Hi-C visant à identifier des différences significatives de compartimentation chromatinienne entre conditions biologiques d’intérêt. <https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/HiCDOC.html>
- Treediff : un package R du CRAN pour l’analyse de données de génomique 3D de type Hi-C visant à détecter des différences significatives entre groupes de dendrogrammes associés à des conditions biologiques d’intérêt. <https://cran.r-project.org/web/packages/treediff/index.html>

A.2.2 Jeux de données

Jeux de données déposés avec les métadonnées correspondantes sur le repository INRAE Omics Dataverse, hébergé par recherche.data.gouv.fr :

- Companion dataverse for “Major reorganization of chromosome conformation during muscle development in pig” : <https://doi.org/10.15454/DOMEHB>
- Companion dataverse for the article ‘TAGADA : a scalable pipeline to improve genome annotations with RNA-seq data’ : <https://doi.org/10.57745/3UGLXW>

J’utilise ces dépôts “dataverse” pour partager en libre accès (FAIR) des informations liées à un projet et/ou une publication : données de type “Supplementary Files” ou ne pouvant être hébergées par l’éditeur, lien vers toutes les données relatives au projet (séquences, métadonnées, résultats), preprint éventuel de l’article, scripts non disponibles ailleurs, etc.

Les données produites dans le cadre du projet GENE-SWitCH sont FAIR, et déposées dans des registres publics structurés, riches en métadonnées et particulièrement exigeants à alimenter. Par exemple avec le portail du FAANG Data Center à l’EMBL/EBI :

- Séquences : <https://data.faang.org/dataset?standard=FAANG&project=GENE-SWitCH>.
- Résultats d’analyse : <https://data.faang.org/analysis?standard=FAANG&project=GENE-SWitCH>.

Pour plus d’information sur la politique FAIR de données du consortium FAANG : <https://www.faang.org/data-share-principle> et <https://data.faang.org/home>

A.2.3 Matériels biologiques

A.3 Élaboration et animation de projets de recherche (académique, participatif, avec des partenaires privés ou publics)

A.3.1 Projets de recherches en partenariat avec un ou plusieurs partenaires académiques, socio-économiques ou pouvoirs publics

THÈME DE L'ANNOTATION GÉNOMIQUE

- **FR-AgENCODE : A FAANG pilot project for the functional annotation of livestock genomes.**

Financement initial : INRAE (2015-2017), métaprogramme SelGen pour 300KE, puis poursuite sur ressources internes (en cours).

Pilotage : Elisabetta Giuffra (GABI, INRAE) et Sylvain Foissac (GenPhySE, INRAE).

Echelle : nationale (une soixantaine de collaborateurs INRAE de 4 centres, impliquant 4 départements), dans un contexte international (projet pilote de l'initiative FAANG).

Objectif : améliorer l'annotation génomique de quatre espèces à intérêt agronomique (poule, porc, vache et chèvre) par l'analyse de données de séquençage haut-débit (RNA-seq, ATAC-seq et Hi-C) produites à partir d'échantillons de tissus (foie et deux types de lymphocytes) prélevés sur plusieurs animaux de chaque espèce (2 mâles et 2 femelles).

Contribution : co-coordination du projet, responsable du WP d'analyse des données. Contribution majeure sur l'analyse et la valorisation des résultats.

Statut : phase 2 en cours, visant à construire et à comparer les réseaux de gènes de chaque espèce en utilisant les données d'expression dans davantage de tissus (données produites).

Production : une publication principale sur les premiers résultats "fragencode" (FOISSAC, DJEBALI, MUNYARD et al., "Multi-species annotation of transcriptome and chromatin structure in domesticated animals"), d'autres issues de travaux sur les ARN longs non-codants aviaires en collaboration avec l'équipe PEGASE notamment (INRAE/Agrocampus Rennes) (JEHL, DEGALEZ et al., "RNA-Seq Data for Reliable SNP Detection and Genotype Calling : Interest for Coding Variant Characterization and Cis-Regulation Analysis by Allele-Specific Expression in Livestock Species" ; JEHL, MURET et al., "An integrative atlas of chicken long non-coding genes and their annotations across 25 tissues") et une autre à venir sur "fragencode 2".

Site web : fragencode.org

- **GENE-SWitCH : The regulatory genome of swine and chicken : functional annotation during development.**

Financement : UE (2019-2023), projet H2020 de 6 ME.

Pilotage : Elisabetta Giuffra et Hervé Acloque (INRAE)

Echelle : internationale, toujours dans le contexte de la communauté FAANG (extension du projet FR-AgENCODE).

Objectif : production de connaissances sur le fonctionnement du génome de deux espèces monogastriques (poule et porc), en particulier sur les déterminants génétiques et épigénétiques de caractères complexes.

Contribution : partenaire. Contribution active et soutenue au WP2 d'annotation génomique par analyse bioinformatique de données RNA-seq, ChIP-seq, ATAC-seq et capture Hi-C.

Production : un pipeline d'analyse original (TAGADA) permettant d'améliorer une annotation génomique en intégrant des données d'RNA-seq de courtes et longues lectures,

avec la publication correspondante (KURYLO, GUYOMAR et al., “TAGADA : a scalable pipeline to improve genome annotations with RNA-seq data”). D’autres analyses et publications sont en production.

Site web : <https://www.gene-switch.eu/>

- **Plus4Pigs : Getting true Pluripotent Stem Cells in Pigs, a key step for large scale ex-vivo ”Genotype to Phenotype” studies.**

Financement : ANR (2019-2023) pour 423KE.

Pilotage : Hervé Acloque (GABI, INRAE).

Echelle : principalement nationale.

Objectif : produire des cellules souches pluripotentes porcines (PSCs) permettant de mieux comprendre le développement porcine, de produire différentes lignées cellulaires et organoïdes pour une caractérisation fonctionnelle de phénotypes moléculaires non invasive et plus respectueuse du bien-être animal.

Contribution : leader du WP1 pour la caractérisation des programmes de régulation impliqués dans le développement embryonnaire porcine, en particulier par l’analyse de données “single-cell” d’expression génique scRNA-seq et d’accessibilité de la chromatine scATAC-seq.

Production : un article soumis (DUFOUR et al., “Cell specification and functional interactions in the pig blastocyst inferred from single cell transcriptomics”) et un autre en préparation.

Site web : <https://anr.fr/Project-ANR-19-CE20-0019>

- **VizFaDa : FAANG Data Vizualisation.**

Financement : ANR (2019-2021), AAP “Données ouvertes” pour 76KE.

Pilotage : Guillaume Devailly (INRAE, Genphyse).

Echelle : locale, avec collaboration internationale (EMBL-EBI et consortium FAANG).

Objectif : développer et mettre à la disposition de la communauté une plateforme de visualisation de résultats générés automatiquement à partir des données produites dans le cadre du consortium international FAANG.

Contribution : mineure, essentiellement de soutien pour le montage (contacts avec la communauté) et de conseil (expertise scientifique).

THÈME DE LA GÉNOMIQUE 3D

- **HiCDOC : analyse comparative de compartimentation de chromatine à partir de données Hi-C.**

Financement : co-encadrement de stage Master 2 bioinformatique initiant le projet en 2019, poursuivi depuis sur ressources internes par le biais de collaborations.

Pilotage : Matthias Zytnicki (MIAT, INRAE) et Sylvain Foissac (GenPhySE, INRAE).

Echelle : locale (INRAE Toulouse), entre unités de 2 départements (GA et MathNum).

Objectif : prédire l’état de compartimentation de la chromatine à partir de données de génomique 3D issues de séquençage Hi-C (“High-throughput chromosome conformation capture”) et détecter des changements significatifs de compartimentation entre groupes de répliques.

Contribution : conception, tests, analyses, benchmarking.

Production : package R déposé et validé par Bioconductor, rédaction de l’article en cours.

Site web : <https://bioconductor.org/packages/release/bioc/html/HiCDOC.html>.

- **Treediff : détection de différences de conformation génomique 3D à partir de données Hi-C par comparaison de dendrogrammes.**

Financement : initialement avec une thèse de mathématiques appliquées INRA/INRIA initiant le projet, poursuivi depuis sur ressources internes par le biais de collaboration puis d'une nouvelle thèse financée par l'INRAE.

Pilotage : Nathalie Vialaneix (MIAT, INRAE), Pierre Neuvial (IMT, CNRS), Sylvain Foissac (GenphySE, INRAE)

Echelle : régionale.

Objectif : développer et appliquer une méthode d'analyse de données de génomique 3D issues de séquençage Hi-C ("High-throughput chromosome conformation capture") permettant de réaliser un test statistique afin de détecter des différences de structure 3D entre groupes de répliques. Le test s'appuie sur une représentation des données en arbres (dendrogrammes).

Contribution : conception, tests, analyses, benchmarking.

Production : un article soumis (NEUVIAL, RANDRIAMIHAMISON et al., "A tree-based test to compare two samples of hierarchically-organized genomic signals"), un package R déposé, un article de vulgarisation scientifique publié (NEUVIAL, FOISSAC et al., "Comprendre l'organisation spatiale de l'ADN à l'aide de la statistique"), d'autres à venir (démarrage d'un co-encadrement de thèse sur le sujet.)

- **Chrocodiff : évaluation de méthodes de détection de différences de conformation génomique 3D à partir de données Hi-C.**

Financement : ressources internes.

Pilotage : Nathalie Vialaneix (MIAT, INRAE), Matthias Zytnicki (MIAT, INRAE), Pierre Neuvial (IMT, CNRS), Sylvain Foissac (GenphySE, INRAE).

Echelle : locale.

Objectif : réaliser et publier un "benchmark" des outils disponibles pour détecter des différences significatives entre matrices d'interaction issues de données de génomique 3D. Ici l'échelle la plus résolutive est considérée dans la comparaison de matrices Hi-C : la distance 3D entre régions génomiques (paires de bins). Aucune étude comparative rigoureuse avec jeux de données expertisés n'a encore été réalisée à ce jour à cette échelle.

Contribution : conception, tests, analyses, benchmarking.

Production : travail en cours.

- **Pig3Dgenome : analyse de la conformation spatiale du génome porcin dans le muscle en fin de gestation par comparaison de données Hi-C.**

Financement : multiples sources (reliquat d'ANR, bourse de thèse sur concours, projet CNRS, etc).

Pilotage : Sylvain Foissac (GenphySE, INRAE).

Echelle : locale (principalement deux équipes de l'unité GenPhySE et une équipe de l'unité MIAT).

Objectif : identifier les différences de structure génomique 3D entre deux stades de gestation tardive de cellules musculaires porcines afin de mieux caractériser le phénomène de maturation du muscle impliqué dans la mortalité périnatale des porcelets, le tout à partir de données Hi-C.

Contribution : co-direction de la thèse, conception et supervision de l'analyse bioinformatique et de la rédaction de l'article.

Production : un article en dernier et corresponding auteur, avec la doctorante en première position (MARTI-MARIMON et al., “Major Reorganization of Chromosome Conformation During Muscle Development in Pig”) et la page web associée listant les ressources annexes avec liens vers le dataverse, le code source, etc : <https://www.fragencode.org/pig3Dgenome.html>.

A.3.2 Mise en œuvre de démarches de recherche participative associant des acteurs/actrices non-scientifiques-professionnel-le-s, individuel-le-s ou en groupe, participant de façon active et délibérée

A.3.3 Coordination ou participation à l’animation de consortia multi-acteurs/actrices nationaux ou internationaux (GIS, ...)

- **FAANG : Functional Annotation of ANimal Genomes**

Consortium international visant à coordonner les efforts d’annotation génomique des animaux d’élevage. Sur la période d’évaluation, ma contribution s’est concentrée sur la branche européenne, en particulier dans le contexte du COST Action FAANG-Europe (<https://www.cost.eu/actions/CA15112/>), du projet H2020 GENE-SWitCH (<https://www.gene-switch.eu/>) et, dans le cadre d’une transversalité entre projets H2020, avec les collaborateurs du projet AQUA-FAANG (<https://www.aqua-faang.eu/>).

- **CHROCOGEN : Chromatin Conformation and Gene Expression**

Animation d’un groupe de travail informel autour du lien entre structure et fonction de la chromatine. Organisation de séminaires et discussions scientifiques avec des présentations le plus souvent sous la forme de “journal club”, ou de partages informels de résultats sur des projets en cours. Initialement petit groupe inter-unités du centre INRAE de Toulouse (unités GenPhySE et MIAT), le développement de la thématique de la génomique 3D sur la région a permis d’inclure des membres de divers laboratoires du campus universitaire voisin. La période COVID, le passage progressif vers le distanciel, les mobilités et le réseautage ont fait élargir le périmètre géographique du groupe, qui comprend aujourd’hui une soixantaine d’inscrit-es de différentes affiliations (INRAE, INSERM, CNRS, CEA et Universités) sur plusieurs ville (Toulouse, Paris, Bordeaux, Lyon). Sur presque 5 ans d’animation du réseau nous avons réalisé une quarantaine de présentations, soit plus d’une tous les deux mois en moyenne.

Informations et programme : <https://groupes.renater.fr/sympa/info/chrocogen>

- **CHROCONET : CHROMatin CONformation NETwork : collaboration interdisciplinaire pour la génomique 3D**

Extension du réseau Chrocogen mentionné ci-dessus, que j’ai réalisée en répondant à un appel d’offre du métaprogramme INRAE DIGIT-BIO. Le principe est de renforcer le réseau existant et d’étendre l’activité principale de journal-club par le montage de projets scientifiques fédérateurs autour du thème de l’analyse comparative de données de génomique 3D à différents niveaux d’échelle. Ce projet de 18 mois (09/2023 - 02/2025) est financé à hauteur de 10KE.

Présentation du réseau : <https://www6.inrae.fr/digitbio/Nos-actions/Consortia/Un-reseau-interdisciplinaire-pour-la-genomique-3D-CHROCONET>

A.4 Collaborations scientifiques, formalisées ou en cours d'élaboration

Pour les collaborations non formalisées, je me limite aux travaux actuellement en cours et qui ne sont pas déjà citées dans la partie précédente.

A.4.1 Lister les collaborations au sein de l'unité, d'INRAE et nationales hors INRAE

Voir projets ci-dessus et organigramme fonctionnel.

A.4.2 Lister les collaborations internationales

Voir projets ci-dessus et organigramme fonctionnel.

A.4.3 Participation (sans responsabilité) à des réseaux thématiques, disciplinaires, sociétés savantes, organisation de congrès, ...

B. Expertise et mobilisation de connaissances

B.1 Expertise scientifique et technique auprès des décisionnaires (INRAE, pouvoirs publics nationaux ou internationaux, collectivités territoriales, des agences, etc.)

B.1.1 Rapports à destination des décisionnaires, financeurs (rapports d'étude, rapports d'expertise scientifique, rapports de fin de contrat, rapports de prospective, working paper, rapports techniques, états de l'art, comptes-rendus de mission ...)

B.1.2 Ouvrages, direction d'ouvrage ou d'actes et chapitres techniques ou de synthèse à vocation de transfert

B.1.3 Recommandations et propositions de normes ou réglementations

B.1.4 Organisations et actes de séminaires à destination d'acteurs publics

B.1.5 Communications techniques ou de transfert

B.1.6 Participation à des comités, instances d'INRAE ou des partenaires académiques de l'Institut (conseil scientifique, conseil de gestion, CAP, CSS, CEI, comité d'éthique, etc.)

- Représentant du personnel élu en Commission Administrative Paritaire (CAP) de 2016 à 2022 (sur deux mandatures).
- Représentant du personnel pompeusement nommé "expert syndical" en Commission Consultative Paritaire des Contractuels (CCPC) depuis 2023.
- Membre de la glorieuse, valeureuse, intrépide et chaleureuse Commission Scientifique Spécialisée (CSS) "GVA - Génétique Végétale et Animale", nommé pour la mandature 2020-2024.

B.2 Valorisation des connaissances scientifiques en appui à l'innovation

B.2.1 Projets tournés vers l'innovation (preuve du concept, pré-maturation, prototype, essais pilotes, démonstrateur préindustriel ...); contribution à des dynamiques d'innovation ouverte (Living Lab, Hackathon ou Challenge, ...)

B.2.2 Déclarations d'inventions et de résultats valorisables et protection intellectuelle des résultats : savoir-faire, matériel biologique, modèle déposé, logiciel, bases de données, brevet, certificat d'obtention végétale . . .

B.2.3 Création ou participation à la création d'une entreprise pour valoriser ses résultats de recherche, ou collaborer avec une start-up, pour lever des verrous scientifiques et technologiques et permettre l'émergence de start-up innovantes grâce aux recherches de l'institut ; recherche de bénéficiaires dans le cadre de l'ouverture de codes et logiciels

B.2.4 Expertise pour des organisations professionnelles ou des acteurs/actrices privé.es

B.2.5 Publication et valorisation dans des journaux et plateformes destinés aux professionnel-le-s ; alimentation de data market places

B.3 Expertise scientifique auprès de la communauté scientifique nationale et internationale

B.3.1 Participation à des comités de rédactions éditoriaux

B.3.2 Participation à des plateformes, initiatives de sciences ouvertes

B.3.3 Evaluation de projets scientifiques, de rapports de thèse, d'HDR, et d'entités de recherche à l'échelle nationale ou internationale

- Evaluation d'un projet de thèse sur sollicitation du Wageningen Institute of Animal Science (WUR, Pays-Bas), juin 2020.

B.3.4 Participation à des comités de thèses, des instances de recrutement, des instances d'évaluation individuelle ou de collectifs, jurys de concours, jurys de sélection ; participation à des conseils scientifiques

- 2018-2019 : comité de thèse d'Alexandre Heurteau, CNRS, Université Toulouse 3.
- 2019 : jury de thèse de Leandro Lima, Université Lyon 1, en tant qu'examinateur (<https://www.theses.fr/2019LYSE1055>).
- 2019-2020 : membre de la commission de recrutement CRCN-TH (2019) puis du jury professionnel (2020) d'Arnaud Boulling, (GABI, INRAE), en tant que rapporteur.
- 2021-2022 : comité de thèse de Fabien Degalez, INRAE, Agrocampus Ouest, Rennes.
- 2021-2022 : comité de thèse de Chloé Cerutti, INRAE, université Toulouse 3.
- 2022-2023 : comité de thèse de Samira Ghazali, INSERM, université Toulouse 3.

B.3.5. La représentation de l'institut dans des instances ou organisations nationales, européennes ou internationales impliquées dans des réflexions stratégiques (ANR, alliances, PEER, Belmont, . . .)

B.3.6. Organisation de congrès, participation à des comités d'organisation

B.4 Contribution à l'analyse de l'impact sociétal de la recherche

B.4.1 Déploiement de la méthode ASIRPA (Analyse des Impacts de la Recherche Publique Agronomique)

B.4.2 Autres analyses, documents de synthèse, études sur la contribution d'INRAE à des impacts sociétaux avérés

B.5 Contribution aux débats d'idées et actions d'information Article, communication, poster, ouvrage, chapitre d'ouvrage, direction d'ouvrage ou d'actes, vidéo, son, logiciel, image, carte ...

B.5.1 Diffusion de connaissances (documents destinés à un public large de non spécialistes, ouvrages, films, site web, etc.)

B.5.2 Conception et animation de débats avec les citoyens (conférences ou colloques, autres manifestations)

B.5.3 Actions d'information scientifique et technique, ouvrage de vulgarisation, contribution au profit d'acteurs publics (citoyen.nes, élu.es, collectivités territoriales) ou privés

B.5.4 Organisation de visites de journalistes, de personnalités politiques

C. Formation par la recherche, formation initiale et continue

C.1 Contribution à la formation par la recherche

C.1.1 Encadrement d'étudiant·e·s BAC+2, BAC+3

C.1.2 Encadrement d'étudiant·e·s BAC+4, BAC+5

- 2019 : Master 2 de Cyril Kurylo, co-encadré avec Matthias Zytnicki (MIAT, INRAE).
- 2019 : Master 2 de Marie Jeremy, co-encadrée avec Frédérique Pitel (GenPhySE, INRAE).
- 2022 : Master 1 (4ème année INSA) de Tess Azevedo, co-encadrée avec Sarah Djebali (INSERM Toulouse) et Cervin Guyomar (GenPhySE, INRAE).
- 2023 : Master 2 de Gwendaelle Cardenas, co-encadrée avec Nathalie Vialaneix (MIAT, INRAE).

C.1.3 Thèses

- 2018-2021 : co-encadrement de la thèse de Nathanael Randriamihamison, Université de Toulouse, avec Nathalie Vialaneix (MIAT, INRAE), Marie Chavent (INRIA Bordeaux) et Pierre Neuvial (CNRS Toulouse) : "Classification Ascendante Hiérarchique sous Contrainte de Contiguïté pour l'Analyse de données Hi-C" (<https://www.theses.fr/2021TOU30108>).
- 2023-2025 : co-encadrement de la thèse d'Elise Jorge, Université de Toulouse, avec Nathalie Vialaneix (MIAT, INRAE) et Pierre Neuvial (CNRS, Toulouse) : "Analyse comparative de données de génomique 3D" (en cours).

C.1.4 Post-doctorant·e·s

C.1.5 Autres types d'encadrement

- 2019-2022 : responsable scientifique du CDD d'IE de Cyril Kurylo, recruté après son stage M2 d'abord dans le cadre du projet H2020 GENE-SWitCH (2019-2021) puis de l'ANR Plus4Pigs (prolongement 2021-2022).

C.1.6 Mémoire d'étudiant·e

C.2 Contribution à la formation initiale et continue

C.2.1 Contribution aux enseignements

C.2.2 Contribution à la formation destinée à des professionnels

C.2.3 Contribution à la formation continue des scientifiques ou techniciens

C.2.4 Contenus pédagogiques, cours

C.2.5 Contribution à la diffusion en ligne de la connaissance

C.3 Autres productions en lien avec la formation (ouvrages, chapitres d'ouvrage, communications. . .)

D. Animation ou direction de collectifs, de grands instruments, de ressources, de programmes ou de réseaux

D.1 Direction d'unité ou d'équipe, responsabilités internes à l'unité

D.2 Conception ou responsabilité scientifique de ressources ou de dispositifs collectifs

D.2.1 Grands instruments, observatoires, plateformes, collections de ressources biologiques, infrastructures scientifiques collectives et infrastructures de recherche (dont les e-infrastructures)

D.2.2 Pilotage ou animation d'instrument ou de ressources collectives pour la recherche, mis à disposition d'une communauté scientifique nationale (au-delà de l'unité) ou internationale

D.3 Responsabilité dans des réseaux thématiques ou disciplinaires, nationaux ou internationaux

D.4 Animation de communautés (« community manager ») associées au développement de la science ouverte (ex. communauté de développeurs ou d'utilisateurs)

D.5 Responsabilités éditoriales et d'organisation de manifestations d'ordre scientifique

D.6 Responsabilités dans les structures de formation

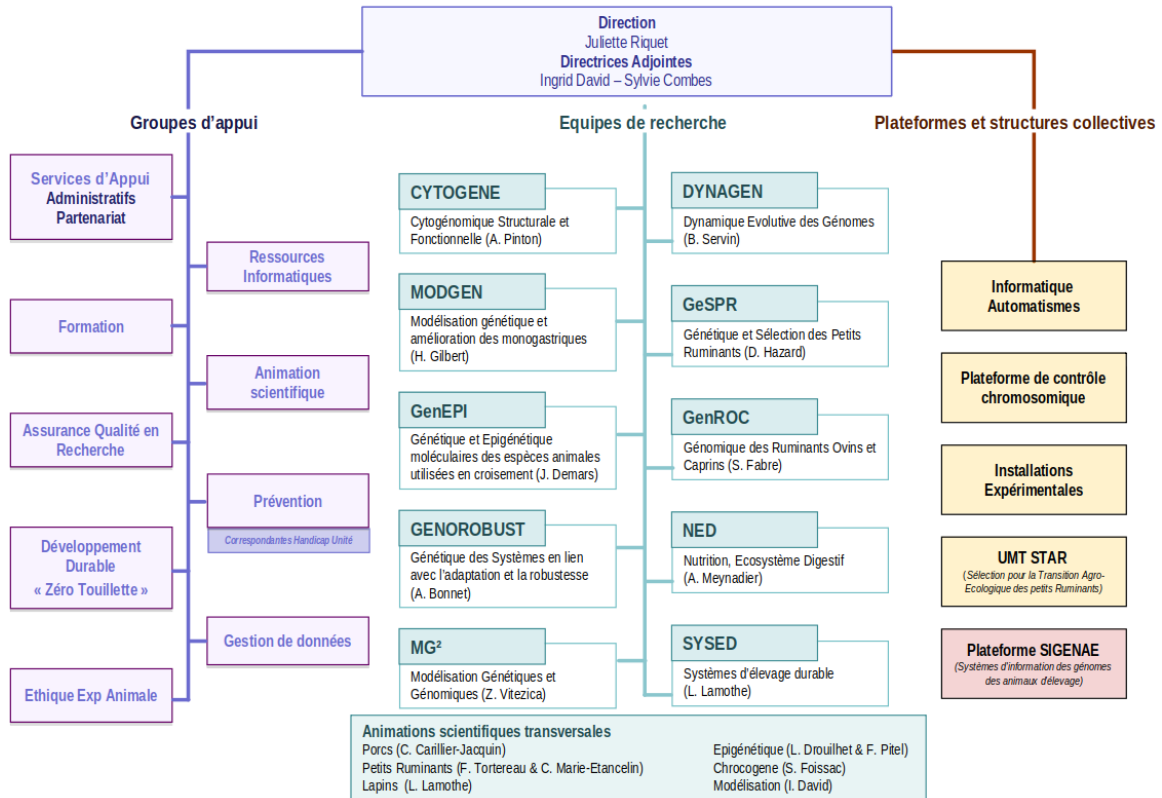
D.7 Responsabilité ou contribution importante aux activités d'appui à la recherche au sein des unités ou des départements

III ORGANIGRAMME DE L'UNITÉ ET ORGANIGRAMME FONCTIONNEL

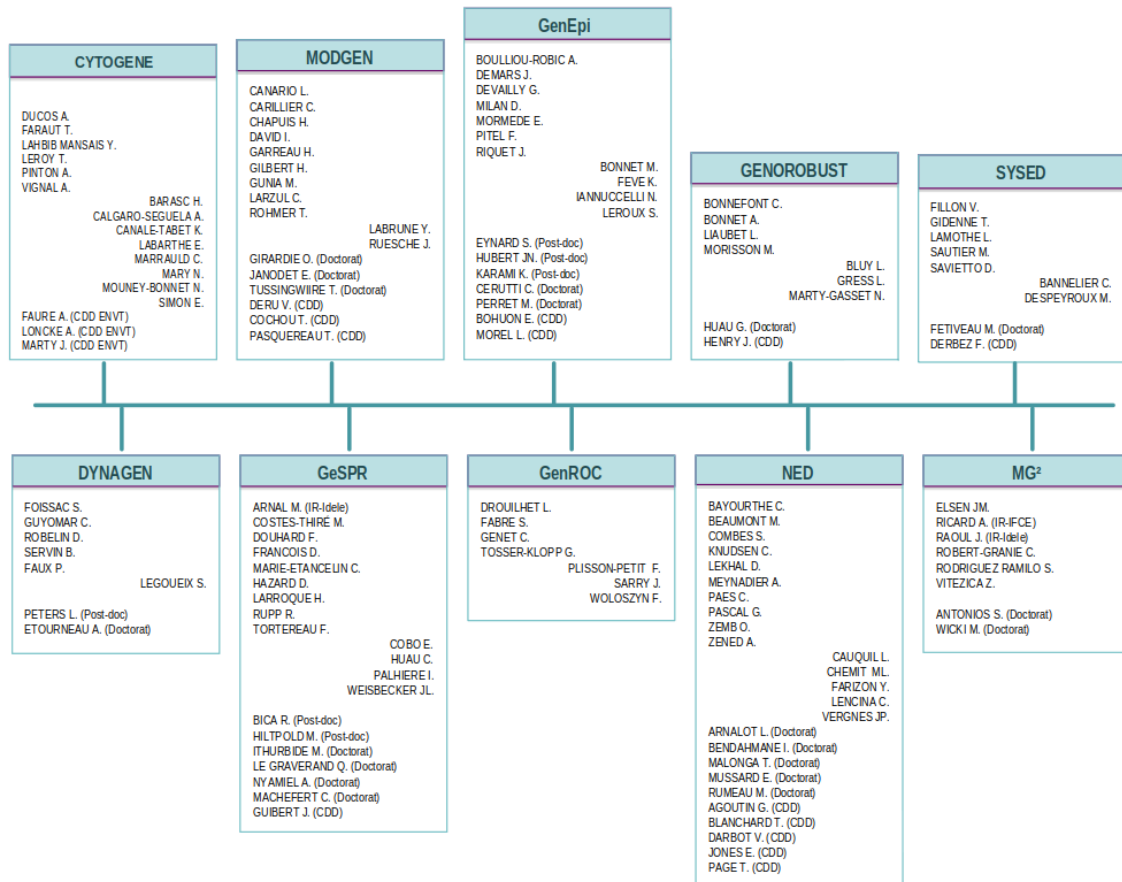
Organigramme de l'unité

Organigramme général de GenPhySE

Trim1_2023



Composition des équipes de recherches



Organigramme fonctionnel

Organigramme fonctionnel 2023, Sylvain Foissac, GenPhySE, INRAE - collaborations principales -



IV CURRICULUM VITAE

Sylvain Foissac, Research Scientist, INRAE

sylvain.foissac@inrae.fr

- Oct 2023 -

Summary

- 20 years of experience in computational analysis of -omics data.
- Scientific expertise in genomics, bioinformatics and molecular biology, with a specific focus on genome annotation and 3D genomics.
- Management experience in both industry and academia.
- Publication record of 27 peer-reviewed articles and 3 book chapters.

Professional Experience

- Nov 2012 - present : Research Scientist. INRAE, Toulouse, France.
- Dec 2010 - Oct 2012 : Product Manager. Integromics, S.L., Madrid, Spain.
- Dec 2008 - Dec 2010 : Research Scientist. Integromics, S.L., Madrid, Spain.
- Apr 2008 - Nov 2008 : Staff Scientist (data analyst). [Affymetrix](#), Inc., Santa Clara, California, USA.
- Apr 2005 - Mar 2008 : PostDoctoral Researcher. [CRG](#), Barcelona, Spain.

Education

- 2001 - 2004 : PhD thesis in Bioinformatics. Toulouse 3 University, Toulouse, France.
- 2000 - 2001 : Master degree in Bioinformatics. Denis Diderot Paris VII University, Paris, France.
- 1995 - 2000 : Bachelor degree in Molecular Genetics. Toulouse 3 University, Toulouse, France.

Publications

- Kurylo et al. (2023). **NAR Genomics And Bioinformatics** <https://doi.org/10.1093/nargab/lqad089> *
- Hoellinger et al. (2023). **Frontiers in Bioinformatics** <https://doi.org/10.3389/fbinf.2023.1092853>
- Marti-Marimon et al. (2021). **Frontiers in Genetics** [10.3389/fgene.2021.748239](https://doi.org/10.3389/fgene.2021.748239) *
- Jehl et al. (2021). **Frontiers in Genetics** [10.3389/fgene.2021.655707](https://doi.org/10.3389/fgene.2021.655707)
- Jehl et al. (2020). **Scientific Reports** [10.1038/s41598-020-77586-x](https://doi.org/10.1038/s41598-020-77586-x)
- Foissac et al. (2019). **BMC Biology** [2019;17:108](https://doi.org/10.1186/s12915-019-0710-8) *
- Giuffra et al. (2019). **Annu Rev Anim Biosci.** [10.1146/annurev-animal-020518-114913](https://doi.org/10.1146/annurev-animal-020518-114913)
- David et al. (2017). **Epigenomes** [2017,1\(3\),20](https://doi.org/10.1007/978-94-007-5411-1_20)
- Fève et al. (2017). **PLoS ONE** [12\(11\):e0187617](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0187617)
- Muret et al. (2017). **Genet Sel Evol** [10;49\(1\):6](https://doi.org/10.1007/s12052-017-0191-6)
- Djebali et al. (2016). **Methods Mol Biol** [1468:201-19](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9831-1_19)
- Rubio-Peña et al. (2015). **RNA** [21\(12\):2119-31](https://doi.org/10.12611/2119-31)
- Andersson et al. (2015). **Genome Biology** [16:57](https://doi.org/10.1186/s12864-015-1657-7)
- Foissac and Sammeth (2015). **Methods Mol. Biol.** [1269:379-92](https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9831-1_1269) *
- Bonnet et al. (2013). **BMC genomics** [14:904](https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-904)
- Dunham et al. (2012). **Nature** [489 \(7414\)](https://doi.org/10.1038/4897414)
- Djebali et al. (2012). **Nature** [489 \(7414\)](https://doi.org/10.1038/4897414)
- Djebali et al. (2012). **PLoS ONE** [7\(1\):e28213](https://doi.org/10.1371/journal.pone.028213)
- Ozsolak et al. (2010). **Cell** [doi:10.1016/j.cell.2010.11.020](https://doi.org/10.1016/j.cell.2010.11.020)
- Kapranov et al. (2010). **Nature** [29:466\(7306\):642-6](https://doi.org/10.1038/4667306) *
- Fejes-Toth et al. (2009). **Nature** [457\(7232\):1028-32](https://doi.org/10.1038/4577232)
- Sammeth et al. (2008). **PLoS Computational Biology** [Aug 8;4\(8\)](https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1000184) *
- Djebali et al. (2008). **Nature Methods** [5\(7\):629-35](https://doi.org/10.1038/nmeth1155)
- Foissac et al. (2008). **Current Bioinformatics** [3\(2\):87-97](https://doi.org/10.1007/s10439-008-9187-9) *
- Pique et al (2008). **Cell** [132 : 434-448](https://doi.org/10.1016/j.cell.2008.04.048)
- Birney et al. (2007). **Nature** [447\(7146\)](https://doi.org/10.1038/4477146)
- Foissac & Sammeth (2007). **Nucleic Acids Research** [doi:10.1093/nar/gkm311](https://doi.org/10.1093/nar/gkm311) *
- Denoeud et al (2007). **Genome Research** [17\(6\):746-59](https://doi.org/10.1101/146599)
- Foissac & Schiex (2005). **BMC Bioinformatics** [6\(1\):25](https://doi.org/10.1186/1471-2164-6-25) *
- Foissac et al (2003). **Nucleic Acids Research** [31\(13\):3742-5](https://doi.org/10.1093/nar/gkg311) *

* (co-)first, last, or corresponding author