

Nom : Foissac	Prénom : Sylvain	Âge : 46
---------------	------------------	----------

Corps-Grade : CRCN	Unité : Génétique, Physiologie et Systèmes d'Elevage
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	
HDR : NON Année :	Année de l'évaluation collective : 2019

Disciplines

Discipline principale :
Mathématiques et informatique aux interface → Bioinformatique

Disciplines secondaires :
Génomique → Génomique fonctionnelle

Type d'évaluation : Allégée – Évaluation précédente (type et date) : Approfondie 2020

Parcours depuis votre recrutement

Carrière INRAE		Mobilités		
Date	Corps-grade	Date	Unité	Centre
2012-11-01	CR2	2012-11-01	Laboratoire de Génétique Cellulaire	Toulouse
2017-01-01	CR1	2014-01-01	Génétique Physiologie et Systèmes d'Elevage (GenPhySE)	Occitanie-Toulouse
2017-09-01	CRCN			

1. INFORMATIONS COMPLÉMENTAIRES CONCERNANT LE PARCOURS SUR LES 2 OU 3 DERNIÈRES ANNÉES, depuis votre dernière évaluation approfondie

Formations suivies :

- 2022/05 : “Graphiques avancés avec R/ggplot2”.
- 2022/10 : “Parcours du manager : les entretiens managériaux (recrutement, prévention et gestion de conflit)”.

Profil d'activité : Répartition de votre temps selon les activités

Taux d'activité au moment de la rédaction du dossier	100 % ETP
Répartition des activités selon leur type	% du temps (rapporté à 100)
A. Production de connaissances	80
B. Expertise et mobilisation des connaissances	10
C. Formation par la recherche, formation initiale et continue	10
D. Animation ou direction de collectifs, de grands instruments, de ressources, de programmes ou de réseaux	

2. DESCRIPTION QUALITATIVE DE VOS ACTIVITÉS

Intitulé de la thématique de recherche et/ou des missions

Intitulé

Génomique structurale et fonctionnelle par analyse de données omiques chez les animaux d'élevage.

Description

Mes travaux de recherche ont pour objectif d'améliorer les connaissances sur l'organisation et le fonctionnement des génomes animaux, en particulier concernant les liens entre structure et fonction. Il s'agit essentiellement de concevoir, développer et utiliser des méthodes et outils bioinformatiques et statistiques pour l'analyse de données dites "-omiques" produites par des technologies utilisant du séquençage à haut débit. Mes activités s'organisent sur deux thèmes de recherche principaux :

- Annotation des génomes : caractérisation des éléments fonctionnels des génomes animaux. L'objectif est d'identifier les régions impliquées dans la construction des phénotypes, les positionner le long des chromosomes (organisation linéaire) et caractériser leur fonctionnement en comparant leur activité moléculaire entre conditions biologiques d'intérêt (tissus, individus, stades de développement, environnement, etc).
- Génomique 3D : caractérisation de la conformation tridimensionnelle des chromosomes dans le noyau des cellules. Afin de mieux comprendre les liens entre structure et fonction des génomes, j'oriente mes recherches sur un axe de développement méthodologique pour l'analyse comparative de donnée de type "Hi-C" (*High-throughput Chromosome Conformation Capture*).

2.1 Introduction

Suite à ma prise de fonction il y a une dizaine d'années, j'ai principalement concentré mes efforts de recherche sur le thème de l'annotation génomique afin de mettre à profit mon expérience dans le domaine. Cet investissement (avec par exemple la co-coordination du projet pilote français FR-AgENCODE) a contribué au développement de la thématique et au positionnement de l'INRAE à la pointe du consortium international FAANG (avec par exemple le financement de projets EU dont GENE-SWitCH).

C'est au cours de ces activités que je me suis particulièrement intéressé à la génomique 3D et que j'ai opté pour une transition progressive de mes efforts afin de répondre au besoin de méthodes et outils dans ce domaine particulièrement sexy.

2.2 Actions réalisées

A. Production de connaissances

J'ai poursuivi le thème de l'annotation génomique en participant notamment au projet H2020 GENE-SWitCH pour plusieurs raisons : (i) récolter les fruits du travail réalisé dans la construction d'une coordination internationale (FAANG), (ii) valoriser mes compétences opérationnelles à une plus grande échelle que lors du projet pilote français (FR-AgENCODE), (iii) consolider mon réseau de collaborateurs européens (EMBL-EBI, Roslin Institute, Wageningen University), et bien sûr (iv) prendre part à un projet scientifiquement intéressant sur les aspects de génomique moléculaire pendant le développement embryonnaire (chez le porc et la poule).

Cependant, mes contributions dans ce domaine concernent principalement des tâches de coordination, de management et de supervision, avec une part importante de production et analyse de données dont la quantité et le débit sont peu compatibles avec le développement méthodologique et la construction d'une ligne de recherche personnelle.

C'est pourquoi je procède depuis quelques années à un transfert thématique vers la génomique 3D, avec comme principale question de recherche l'articulation entre structure et fonction des génomes, et comme angle d'attaque l'analyse comparative de données "Hi-C". J'ai ainsi lancé plusieurs projets méthodologiques en collaboration avec des collègues de l'unité MIAT du département MathNum (dont une thèse démarrant fin 2023 financée par la direction de l'institut) afin d'apporter aux projets une expertise en informatique et en statistique, et, par la même occasion, de me permettre une montée en compétences dans ces domaines.

B. Expertise et mobilisation des connaissances

Parallèlement à mes activités de recherche, je tente de contribuer au bon fonctionnement des instances de l'institut, dans la limite des ressources que je peux y consacrer (CAP, puis CSS et CCPC).

C. Formation par la recherche, formation initiale et continue

Je choisis mes co-encadrements de thèse en fonction de mon intérêt pour le sujet scientifique et des collègues co-encadrant-es. Les deux dernières thèses que j'ai officiellement co-encadrées (Maria Marti-Marimon et Nathanael Randriamihamison) m'ont permis d'une part de publier en dernier auteur sur le thème de la génomique 3D, étape cruciale pour acquérir une légitimité dans le domaine et prétendre un passage d'HDR, et d'autre part d'ouvrir une voie de recherche méthodologique en statistique qui se poursuit par le démarrage d'une nouvelle thèse dont je suis le superviseur principal (avec obligation de passer l'HDR dans l'année).

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

2.3 Perspectives

Mes objectifs pour les années qui viennent :

- passer l'HDR sur le thème de la génomique structurale et fonctionnelle.
- récolter les fruits du travail investi dans le projet H2020 GENE-SWitCH, en particulier sur le plan des résultats biologiques, maintenant que l'étape de production de données et d'outils se termine enfin.
- développer le champ thématique de l'analyse comparative de données de génomique 3D, notamment par le biais du réseau que j'ai le plaisir d'animer.