

## Nolwenn Le Meur - Rouillard

---

EHESP

Avenue du Professeur-Léon-Bernard  
CS 74312 • 35043 Rennes Cedex  
France

Tel : +33 (0) 2 99 02 25 14

Nolwenn.LeMeur-Rouillard@ehesp.fr

<http://www.nlmr.free.fr>

### Carrière

EHESP - Dpt InfoBioStat

Professeur associé

Enseignements de la Biostatistique

Recherche sur l'intégration des données via les concepts de graphes

Rennes, FR

Novembre 2010 – present

INSERM-IRISA-Biogenouest

Post-Doctorante

Dr N. Théret, UPRES SeRAIC INSERM - Université de Rennes I.

Modélisation de la signalisation TGF-beta et son contrôle de la prolifération cellulaire.

Coordinatrice du projet Fédérateur Biogenouest de Génomique intégrative.

Rennes - France

Mars 2008 – Octobre 2010

Fred Hutchinson Cancer Research Center

Post-doctorante

Dr R. Gentleman, Public Health Science, Computational Biology group.

Rôle des complexes protéique dans la détermination des phénotypes chez la levure.

Gestion, traitement et analyse des données de cytométrie de flux.

Seattle, WA - USA

Juillet 2005–Février 2008

### Education

2001-2005 Thèse de Doctorat en Bioinformatique, INSERMU533, sous la direction du Dr. Jean Léger, Université de Loire Atlantique, Nantes, France.

2000-2001 Diplôme d'étude appliquée en Génomique et Informatique, Université de Haute Bretagne, Rennes I, France.

1997-2000 Diplôme d'ingénieur, Ecole Supérieure de Microbiologie et Sécurité Alimentaire de Brest (ESMISAB), Université de Bretagne Occidentale, Brest, France.

1996-1997 DEUG de Biologie, Université de Bretagne Occidentale, Brest, France.

### Enseignement

*Les cours et ateliers dispensés dans le cadre du Fred Hutchinson Cancer Center Research sont disponibles sur le site du projet Bioconductor (<http://www.bioconductor.org>)* TD Fondamentaux établissements, EHESP 2011

TD Fondamentaux école, EHESP 2010

Master I Gouvernance, EHESP-Université de Rennes I, 2010

Introduction à R et Bioconductor - Formation Continue 3 jours- Université de Rennes I, 2010

Analyse des données de cytométrie avec R Centre d'immunologie, Marseille Luminy, 2009

Introduction à R et Bioconductor - Formation Continue - Université de Rennes I, 2008

Analyse des puces à ADN (deux couleurs et Affymetrix) : Introduction au langage R et aux outils Bioconductor, Fred Hutchinson Cancer Center Research, Seattle, Nov. 2007.

Analyser les données de cytométrie de flux avec R : le module flowCore, Conférence BioC2007, Fred Hutchinson Cancer Center Research, Seattle, 2007.

Annotation et Meta-Data, Rosetta Inpharmatics, Seattle, Mai 2007.

Analyse des puces à ADN : R et Bioconductor (Cours avancé), Fred Hutchinson Cancer Center Research, Seattle, Fev. 2007.

Analyse des puces à ADN : Introduction au langage R et aux outils Bioconductor, Fred Hutchinson Cancer Center Research, Seattle, Nov. 2006.

Initiation au langage R. Groupe de travail "bioinformatique biopuces". IRISA, Rennes, 2004. ([http://www.ogepucesadnantes.org/animations\\_fr.php](http://www.ogepucesadnantes.org/animations_fr.php))

Traitements numériques des données issues de puces à ADN. DEA Génomique et Informatiques, module Génération de données en masse. Rennes, 2002-2003.

## Publications

**N. Le Meur** and R. Gentleman. Analyzing statistical properties of networks with R. [Book chapter in press]

D. Gilot, **N. Le Meur**, et al RNAi-based screening identifies kinases interfering with dioxin-mediated up-regulation of CYP1A1 activity [PLoS ONE in press]

**N. Le Meur** N, M. Lawrence, M. Tewari, R. Gentleman. R and Bioconductor in bioinformatics : toward systems biology. In : Statistical Bioinformatics : A Guide for Life and Biomedical Science Researchers. John Wiley & Sons.

**N. Le Meur**, M Le Borgne, J Gruel and N Théret. *Multi-clock discrete modelling of biological systems*. ECCS, Warwick 2009.

J. Gruel, M. LeBorgne, **N. LeMeur**, N. Théret. In silico investigation of ADAM12 effect on TGF-beta receptors trafficking. BMC Res Notes. 2009 Sep 24 ;2(1) :193.

A. Bankhead III, I. Sach, C. Ni, **N. LeMeur**, M. Kruger, M. Ferrer, R. Gentleman, Carol R. Knowledge based identification of essential signaling from genome-scale siRNA experiments. BMC Systems Biology 2009, 3 :80

F. Hahne\* ,**N. LeMeur\***, R.R. Brinkman, B. Ellis, P. Haaland, D. Sarkar, J. Spidlen, E. Strain and R. Gentleman. *flowCore : a Bioconductor package for high throughput flow*

*cytometry*. BMC Bioinformatics 2009, 10 :106 (\* Equal contributors).

**N. Le Meur** and R. Gentleman. *Modeling synthetic lethality*. Genome Biology. 2008, 9 :R135.

D. Sarkar, **N. Le Meur**, R. Gentleman. *FlowViz : Visualization tool for high throughput flow cytometry data*. Bioinformatics. 2008 Mar 15 ;24(6) :878-9.

A. Le Béhec, P. Zindy, T. Sierocinski, D. Petritis, A. Bihouée, **N. Le Meur**, J. Léger, N. Théret. *M@IA : A modular open-source application for microarray workflow and integrative datamining*. In Silico Biology.2008 ;8(1) :63-9.

**N. Le Meur**, A. Rossini, M. Gasparetto, C. Smith, R.R. Brinkman, R. Gentleman. *Quality Assessment of Ungated Flow Cytometry data in High Throughput experiments*, Cytometry A. 2007 Mar 15 ;71A(6) :393-403.

S. Cardin, E. Libby, P. Pelletier, S. Le Bouter, A. Shiroshita-Takeshita, **N. Le Meur**, J.J Léger, S. Demolombe, A. Ponton, L. Glass, S. Nattel. *Contrasting Gene Expression Profiles in Two Canine Models of Atrial Fibrillation*. Circulation Research. Circ Res. 2007 Feb 16 ;100(3) :425-33.

**N. Le Meur** and F. Hahne. *Analyzing Flow Cytometry Data with Bioconductor*, Rnews. 2006 Dec ;6(5) :27-32.

J. Spidlen, R.C. Gentleman, P.D. Haaland, M. Langille, **N. Le Meur**, M.F. Ochs, C. Schmitt, C.A. Smith, A.S. Treister, R.R. Brinkman. *Data standards for flow cytometry*. OMICS. 2006 Summer ;10(2) :209-14. Review.

S. Le Jan, **N. Le Meur**, A. Cazes, P. Josette, M. Le Cunff, J.J. Léger, P. Corvol, S. Germain. *Characterization of the expression of the Hypoxia-induced genes neuritin, TXNIP and IGFBP3 in cancer*. FEBS Lett. 2006 Jun 12 ;580(14) :3395-400.

J. Buitink, J.J Léger, I. Guisle, B. Ly Vu, S. Wuillème, G. Lamirault, A. Le Bars, **N. Le Meur**, A. Becker, H. Küster. *Transcriptome profiling uncovers metabolic and regulatory processes occurring during the transition from desiccation sensitive to -tolerant stages in Medicago truncatula seeds*, Plant J. 2006 Sep ;47(5) :735-50.

Y. Blanchard, **N. Le Meur**, M. Le Cunff , P. Blanchard , J.J. Léger, A. Jestin. *Cellular Gene Expression Survey of PseudoRabies Virus (PRV) Infection of Human Embryonic Kidney Cells (HEK-293)*, Vet Res. 2006 Sep-Oct ;37(5) :705-23.

G. Lamirault, N. Gaborit ,**N. Le Meur**, C. Chevalier, G. Lande, S. Demolombe, D. Escande, S. Nattel, J.J. Léger, M. Steenman. *Gene expression profile associated with chronic atrial fibrillation and underlying valvular heart disease in man*. J Mol Cell Cardiol. 2006 Jan ;40(1) :173-84.

M.B. Troadec, D. Glaise, G. Lamirault, M. Le Cunff, É. Guérin, **N. Le Meur**, P.J. Zindy, P. Leroyer, I. Guisle, H. Duval, P. Gripon, N. Théret, C. Guillouzo, P. Brissot , J.J. Léger. *Hepatocyte iron loading capacity is associated with differentiation and repression of motility*

*in the HepaRG cell line*. Genomics. 2006 Jan ;87(1) :93-103.

N. Gaborit, M. Steenman, G. Lamirault, **N. Le Meur**, S. Le Bouter, G. Lande, J.J. Leger, F. Charpentier, T. Christ, D. Dobrev, D. Escande, S. Nattel and S. Demolombe. *Human Atrial Ion Channel and Transporter Subunit Gene-Expression Remodeling Associated With Valvular Heart Disease and Atrial Fibrillation*. Circulation. 2005 ;112 : 471 - 481.

D. McIlroy, S. Tanguy-Royer, **N. Le Meur**, I. Guisle, P.J. Royer, J.J. Léger, K. Meflah. *Profiling dendritic cell maturation with dedicated micro-arrays*. Journal of Leukocyte biology. 2005 ;78(3) :794-803.

M. Steenman, G. Lamirault, **N. Le Meur**, J.J. Léger. *Gene expression profiling in human cardiovascular disease*. Clin Chem Lab Med. 2005 ;43(7) :696-701. Review.

M. Steenman, G. Lamirault, **N. Le Meur**, M. Le Cunff, D. Escande, J.J. Léger. *Distinct molecular portraits of human failing hearts identified by dedicated cDNA microarrays*. European Journal of Heart Failure. 2005 ;7(2) : 157-65.

G. Lamirault, M. Steenman, **N. Le Meur**, S. Demolombe, J-N. Trochu, J.J. Léger. *DNA chip technology in cardiovascular research*. Archives des Maladies du Coeur et des Vaisseaux. 2004 ; 97(12) : 1251.

**N. Le Meur**, G. Lamirault, A. Bihouée, M. Steenman, H. Bédrine-Ferran, R. Teusan, G. Ramstein, J.J. Léger. *A dynamic, web-accessible resource to process raw microarray scan data into consolidated gene expression values. Importance of replication*. Nucleic Acids Research. 2004 ; 32(18) : 5349-5358.

H. Bédrine-Ferran, **N. Le Meur**, I. Gicquel, M. Le Cunff, N. Soriano, I. Guisle, S. Mottier, A. Monnier, R. Teusan, P. Fergelot, J.Y. Le Gall, J.J. Léger, J. Mosser. *Transcriptome variations in human CaCo-2 cells : a model for enterocyte differentiation and its link to iron absorption*. Genomics. 2004 ; 83(5) :772-89.

### Chapitre de livre

**N. Le Meur**, M. Lawrence, M. Tewari R. Gentleman. R and Bioconductor packages in Bioinformatics : toward systems biology. *In* Statistical Bioinformatics : A Guide for Life and Biomedical Science researchers. John Wiley & Sons (2010).

### Thèse et rapport technique

**N. Le Meur**, R. Gentleman. Assessing The Role Of Multi-protein Complexes In Determining Phenotype. Bioconductor Project Working Papers, 2008  
(<http://www.bepress.com/bioconductor/paper13>)

De l'acquisition des données de puces à ADN vers leur interprétation : importance du traitement des données primaires. Rapport de thèse, 2005. Université de Loire Atlantique, Nantes, France.

([http://www.irisa.fr/symbiose/nolwenn\\_le\\_meur](http://www.irisa.fr/symbiose/nolwenn_le_meur))

MADSCAN online, Tutorial for MicroArrays Data Suite of Computed Analysis-Accessible, 2004. ([http://www.madtools.org/madscan/MadScan\\_online\\_Tutorial.pdf](http://www.madtools.org/madscan/MadScan_online_Tutorial.pdf))

### Présentations sélectionnées

**N. Le Meur**, M Le Borgne, J Gruel and N Théret. Modeling the influence of EGF and TGF- $\beta$  pathways in tumor progression of hepatocellular carcinoma. Asian Pacific Association for the Study of the Liver (APASL), Hong Kong, 13-16 Feb 2009

J. Gruel, M Le Borgne, **Le Meur N** and N Théret. *In silico* investigation of ADAM12 effect on TGF- $\beta$  receptors trafficking. Lyon's International Multidisciplinary Meeting on Integrative Post-Genomics (IPG), Lyon, 19-21 Nov., 2008.

The flowCore package. Tutorial, ISAC XXIV International Congress, Budapest, Mai 2008.

Complexes protéiques et létalité synthétique. Séminaire symbiose, IRISA, Rennes, April 2008.

Analyser les données de cytométrie de flux avec R : le module flowCore, Conférence BioC2007, Fred Hutchinson Cancer Center Research, Seattle, 2007.

Le module *flowCore*, Flow Informatics and Computational Cytometry Society, Seattle, 2006.

Outils pour l'analyse et la gestion des données de puces à ADN (R, Base), Journée Réseau National des Génopoles, Toulouse, 2005.

MADSCAN : a microarray data processing tool to get consolidated gene expression data matrix, Séminaire du Laboratoire de Neurobiologie, ESPCI, Paris, 2004.

The challenges of Bioinformatics for Microarray Data Analysis, Le Croisic, 2004.

Beyond Microarrays Data Acquisition, OuestChips, 2003.

MicroArray Data Analysis : Numerical treatment and knowledge Extraction, Université Paris XI-Hôpital Marie Lannelongue, 2003.

Développement d'une procédure dynamique de traitement des images de puces à ADN : Filtration et normalisation. Action Informatique Mathématique Physique pour la Génomique, Groupe Analyse Statistique du Transcriptome, Montpellier, 2002.

Numerical Analysis of MicroArray Data - Physical and theoretical bases Automation under Excel®. Journées bioinformatiques génopole ouest, Nantes, 2002.

Signaux d'hybridation : captures, logiciels, traitement. Atelier Genopole Ouest, Initiation à la technologies des puces à ADN, Nantes, 2001.

### Posters

Discrete multi-clock modelling of biological systems. **Integrative Post-Genomics (IPG)**,

Lyon, France 2008.

The role of multi-protein complexes in synthetic lethality, **15th Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) & 6th European Conference on Computational Biology (ECCB)**, Vienna, Autriche 2007.

Data quality assessment in flow cytometry experiment, **XXIII International Congress of the International Society for Analytical Cytology (ISAC)**, Québec, Canada, 2006.

MADTOOLS : management tools for the mining of microarray data, Archives Congrès **GRRC**, Des maladies du Coeur et des vaisseaux - Journal d'expression de la société française de cardiologie, La Baule, France 2004.

MADTOOLS : management tools for the mining of microarray data, **ECCB**, Paris, 2003 ; **Cambridge Healthtech Institute's**, Baltimore, 2003 ; **MGED 6**, Aix-en-Provence, 2003 ; **Amersham Biosciences**. Villejuif, 2003 ; **Chips to Hits**, Philadelphia, USA 2002.

## Logiciels

**N. Le Meur**, Z. Jiang, T-Y. Liu, J. Mar, R. Gentleman. **SLGI** RBioconductor module pour l'analyse des interactions génétiques. (<http://www.bioconductor.org>)

**N. Le Meur**, R. Gentleman. **PCpheno** RBioconductor module pour intégrer, annoter, and associer phénotypes et unités d'organisation cellulaires telles que des complexes protéiques ou des voies de signalisation. (<http://www.bioconductor.org>)

**N. Le Meur**, B. Ellis, F. Hahne, R. Gentleman, P.D. Haaland. **flowCore**, RBioconductor module pour l'extraction, le stockage et l'analyse des données issues des expériences de cytométrie de flux à faible et haut débit. (<http://www.bioconductor.org>)

B. Ellis, R. Gentleman, F. Hahne, **N. Le Meur**, D. Sarkar. **flowViz**, RBioconductor module pour la visualisation des données issues des expériences de cytométrie de flux à faible et haut débit. (<http://www.bioconductor.org>)

**N. Le Meur**, R. Gentleman, F. Hahne, J. Kettman, M. Tang. **flowQ** module RBioconductor pour le contrôle et la validation de la qualité des données issues des expériences de cytométrie de flux à faible et haut débit. (<http://www.bioconductor.org>)

A.J. Rossini, J.Y. Wan, Z. Moodie and **N. Le Meur**. **rflowcyt** premier Bioconductor module pour l'analyse des expériences de cytométrie de flux. (<http://www.bioconductor.org>)

**MADSCAN** MicroArray Data Suite of Computed Analysis est un outil internet pour le pré-traitement des données issues des expériences de puces à ADN 2 couleurs (<http://www.madtools.org>)

## Financements

2008-2010 LA LIGUE CONTRE LE CANCER.

Bourses post-doctorales jeunes chercheurs.

## Diplômes et Distinctions

- 2009 Bourse de voyage pour une présentation orale au 19ème congrès de l' APASL (Asian Pacific Association for the Study of the Liver), Hong Kong, Feb 2009.
- 2005 Diplôme de thèse de doctorat en Bioinformatique. Université de Loire Atlantique, Nantes, France.
- 2000 Diplôme d'ingénieur en Microbiologie et Sécurité alimentaire, ESMISAB, Université de Bretagne Occidentale, Brest, France.
- 2002 Bourse d'étude pour une thèse à l'Université de Haute-Bretagne, Rennes I, France (refusée pour une thèse dans l'académie de Loire Atlantique).
- 2000-2001 Bourse d'étude pour le DEA de génomique et Informatique de l'Université de Haute-Bretagne, Rennes I, France.

## Compétences linguistiques

- Anglais (courant)
- Allemand (intermédiaire)

## Compétences informatiques

- Système d'exploitation : plateforme UNIX, Linux, Macintosh et Windows.
- Langages de programmation : R, Python, Perl, CGI technology, PHP, HTML, L<sup>A</sup>T<sub>E</sub>X

## Organisations

- 2005-2007 Responsable de l'organisation des séminaires du groupe de biologie computationnelle, Fred Hutchinsons Cancer Research Center, Seattle.
- 2005-2008 Membre de la société internationale de cytometry analytique (ISAC - <http://www.isac-net.org>)
- Membre de Flow Informatics and Computational Cytometry Society (FICCS - <http://www.ficcs.org>)