



PÔLES TECHNIQUES

PÔLE INFORMATIQUE

SIBERCHICOT Aurélie

INGÉNIEURE DE RECHERCHE

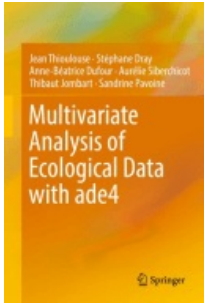
UCBL

📍 43 bd du 11 novembre 1918
69622 VILLEURBANNE cedex (<http://maps.google.com/maps?q=43%20bd%20du%2011%20novembre%201918+69622+%20VILLEURBANNE%20cedex>)

📞 33 04 72 44 85 98

@ [Courriel](#)

Université Claude Bernard Lyon 1 - Bâtiment Grégor Mendel - Étage 1 - Bureau 51 (11.051)



En tant qu'**ingénieure logiciel**, mon cœur de métier est de développer et maintenir des logiciels d'analyse de données pour **valoriser et pérenniser** des résultats de recherche. Experte du langage **R** et de son écosystème, je suis responsable de nombreux **packages R** et d'applications **shiny**. Pour partager mes compétences liées à R, je conçois des **formations** originales et participe à des programmes d'**enseignement**. De manière plus transversale, je m'intéresse aux outils au service de la **recherche reproductible** et de la **science ouverte**.

> Poste et Responsabilités

- Ingénieure de Recherche depuis 2023
- Ingénieure d'Études entre 2012 et 2023
- Représentante du Pôle Informatique du LBBE, depuis 2018
- Représentante des ITA / BIATSS au conseil d'UMR, depuis 2017

> Réseaux et identifiants

- GitHub :
[aursiber](#)
- ORCID :
[0000-0002-7638-8318](#)
- HAL : aurelie-siberchicot
- [Google Scholar](#)

Ecologie Evolutive

- > **ade4** (Multivariate data analysis and graphical display) :

[CRAN](#)

—

[GitHub](#)

—

[book](#)

—

[shiny.app](#)

- > **ade4TkGUI** (A Tcl/Tk GUI for some basic functions in the ade4 package) :

[CRAN](#)

—

[GitHub](#)

- > **adegraphics** (Graphical functionalities for the representation of multivariate data) :

[CRAN](#)

—

[GitHub](#)

—

[article](#)

—

[talk](#)

- > **adephylo** (Exploratory Analyses for the Phylogenetic Comparative Method) :

[CRAN](#)

—

[GitHub](#)

- > **adespatial** (Multivariate Multiscale Spatial Analysis) :

[CRAN](#)

—

[GitHub](#)

- > **CINID** (Package on the Curculionidae INstar IDentification) :

[CRAN](#)

—

[article](#)

> **Interatrix** (Compute Chi-Square Measures with Corrections) :

[CRAN](#) ↗

–

[article](#) ↗

> **OnAge** (Implements a likelihood ratio test of differential senescence onset between two groups) :

[CRAN](#) ↗

–

[web \(https://lbbe.univ-lyon1.fr/onage\)](https://lbbe.univ-lyon1.fr/onage)

> Analyse de données issues du *International Tiger Studbook* et du *International and North American Regional Studbooks for Ruffed Lemurs* –

[article](#) ↗

–

[article](#) ↗

> *AGEX* (ANR-15-CE32-0002-01, 2015-2019) –

[article](#) ↗

> *Potenchêne* (GIP-ECOFOR, 2014-2018) –

[article](#) ↗

> *CoCoReCo* (JC09-470585, 2009-2012) –

[article](#) ↗

> *DL Vitis* (ANR-08-GENM-0002, 2008-2011) –

[article](#) ↗

–

[CRAN](#) ↗

Bioinformatique

> **DRomics** (Dose Response for Omics) :

[CRAN](#) 

—

[GitHub](#) 

—

[shiny app 1](#) 

—

[shiny app 2](#) 

—

[web \(https://lbbe.univ-lyon1.fr/fr/dromics\)](https://lbbe.univ-lyon1.fr/fr/dromics)


—

[article](#) 

—

[IFB cloud appliance 1](#) 

—

[IFB cloud appliance 2](#) 

> **kissDE** (Retrieves Condition-Specific Variants in RNA-Seq Data) :

[Bioconductor](#) 

—

[GitHub](#) 

> **LDcorSV** (Linkage Disequilibrium Corrected by the Structure and the Relatedness) :

[CRAN](#) 

—

[article](#) 

> **MareyMap** (Estimation of Meiotic Recombination Rates Using Marey Maps) :

[CRAN](#) 

—

[GitHub](#) 

—

[web \(https://lbbe.univ-lyon1.fr/fr/mareymap\)](https://lbbe.univ-lyon1.fr/fr/mareymap)

—

[shiny app](#) 

—

[article](#) 

> **phylter** (Detect and Remove Outliers in Phylogenomics Datasets) :

[CRAN](#) 

—

[GitHub](#) 

Statistiques et analyse de données

- › **fitdistrplus** (Help to Fit of a Parametric Distribution to Non-Censored or Censored Data) :

[CRAN](#) ↗

–

[GitHub](#) ↗

–

[web \(https://lbbe.univ-lyon1.fr/fr/fitdistrplus\)](https://lbbe.univ-lyon1.fr/fr/fitdistrplus)

- › **Mondrian** (A Simple Graphical Representation of the Relative Occurrence and Co-Occurrence of Events) :

[CRAN](#) ↗

–

[GitHub](#) ↗

–

[shiny.app](#) ↗

- › **nlsMicrobio** (Nonlinear Regression in Predictive Microbiology) :

[CRAN](#) ↗

–

[GitHub](#) ↗

- › **nlstools** (Tools for Nonlinear Regression Analysis) :

[CRAN](#) ↗

–

[GitHub](#) ↗

Services

- › **serveur shiny** :

<http://lbbe-shiny.univ-lyon1.fr> ↗

- › site web d'Enseignements de Statistique en Biologie :

<http://pbil.univ-lyon1.fr/R/> ↗



Réseaux métiers et conférences

- > *3e Journées Nationales du Réseau de la Recherche Reproductible* [↗](#)
, Lyon (comité d'organisation)
- > *Rencontres R* (comité de pilotage)
- > *7e Rencontres R* [↗](#)
, Conférence, Rennes (comité de programme)
- > *R pour le calcul*, [↗](#)
Action Nationale de Formation CNRS, Aussois (comité d'organisation)
- > *2e Rencontres R* [↗](#)
, Conférence, Lyon (comité d'organisation) –
[article](#) [↗](#)

Formations et enseignements

- > *UE Bases Informatiques, M1*
[Biodiversité, Écologie et Évolution](#) [↗](#)
, Université Lyon 1
- > *UE Visualisation de Données Biologiques, M2*
[Bio-informatique](#) [↗](#)
, Université Lyon 1
- > [Bonnes pratiques pour une recherche reproductible en écologie numérique](#) [↗](#)
,
[FRB-Cesab](#) [↗](#)
et
[Gdr Ecostat](#) [↗](#)
- > [Les bases du langage R](#) [↗](#)
, École Doctorale Université Savoie Mont Blanc
- > [Découverte et approfondissements du langage R](#) [↗](#)
, Groupe Lyon Calcul
- > [Développement de packages en R](#) [↗](#)
, ANF CNRS *R pour le calcul*

Jury

- › Concours externe ENS (2021) - BAP A- IE - Ingénieur-e biologiste en traitement des données
- › Concours externe INRA (2019) - Experte - BAP E - AI - Assistant-e statisticien-ne
- › Concours externe INRA (2019) - BAP E - IE - Administrateur-trice des systèmes d'information
- › Concours externe CNRS (2017) - Experte - BAP E - IE - Ingénieur-e en ingénierie logicielle - 2 postes

Encadrement

- › Cassandra Bompard, stage M2, Développement d'un package R de visualisation (2023)
- › Eliane Schermer, stage M2 et thèse, Modélisation en écologie (2015-2019)
- › Luka Matsuda, stage L3, Bioinformatique, Statistique et Modélisation (2018)
- › Adrien Bessy, stage M2, Bioinformatique (2015)