

## CURRICULUM VITAE

### HITTE Christophe, Ph.D.

**Position:** Researcher Engineer CNRS (IRHC - HDR)

**Institution:** Institute of Genetics and Development, CNRS, Medicine School, University Rennes1,

**address:** IGDR, 2 av. Pr. Léon Bernard, 35043 Rennes, France.

**Email:** [hitte@univ-rennes1.fr](mailto:hitte@univ-rennes1.fr)

**Field :** Bioinformatics; Genomics

**Keywords :** Bioinformatics, Cancer, Genome annotation, Non-coding RNAs, NGS, RNAseq, Selective sweeps, GWAS, Comparative genomics, Dog genetics.

### PROFESSIONAL EXPERIENCE

*1994-Present:* IGDR, CNRS, University Rennes1, France. Canine genetics team.

*1993-1994:* Waksman Institute. Piscataway, NJ, USA. Analysis of a kinase family in *Drosophila* using a 2-hybrid genetics screen.

*1992-1993:* Center for Advanced Biotechnology and Medicine, Piscataway, NJ, USA. Purification and crystallization of the acetylcholine receptor of *Torpedo californica*.

### EDUCATION - TRAINING

<i>INSTITUTION</i>	<i>DEGREE</i>	<i>YEAR</i>	<i>FIELD</i>
University Rennes1, France	Habilitation Qualification	2009	Genomics/Bioinformatics
University Rennes1, France	PhD	2005	Genomics/Bioinformatics
University Besancon, France	Master of Science	1988	Biology
University Besancon, France	Bachelor of Science	1987	Biology

### CONSORTIUM - PROJECT

Member of international consortium: « Deciphering dog domestication through a combined ancient DNA and geometric morphometric approach » (2013-2016). Natural Environmental Research Council –**NERC**-. PI : Dr G. Larson (Durham University).

Member of project « MOLoSSE : ModeLisation statistique de la dépendance dans les études d'association génétiques à l'échelle du génome GWAS ». (2012-213). Projets Exploratoires Pluridisciplinaires –**PEPS**-, Biology, Mathematics & Informatics. PI, Dr. M. Emily (IRMAR, Agrocampus, Rennes).

Member of international consortium of canine genetics– LUPA- **7th PCRD**. PI - Dr. K. Lindblad-Toh, Dr. M. Georges. 2008-2012.

Member of project « PERCIMAP : Construction of a high-density Tilapia RH map » (2008-2009). Project **ANR** genomics. PI: Dr. Catherine Ozouf.

Member of European project AquaFirst : Développement d'outils génomiques pour les modèles Dorade et Bar : construction et validation de cartes d'hybrides irradiés, période 2005-2008. **Project FP7**. PI: Dr. Patrick Prunet.

### COMMITTEE MEMBER

- Scientific committee of Investissements d'Avenir - France Génomique. Since 2012
- Scientific committee of Agence Nationale de la Recherche (ANR), France. 2011, 2012 & 2013. Genomics, genetics, bioinformatics and system biology
- Reviewer for American Kennel Club- AKC- 2011
- Scientific committee of Agence d'Evaluation de la Recherche et des établissements d'Enseignement Supérieur –AERES- 2014.
- Scientific committee of exhibit « chien et chat » Cité des Sciences et de l'Industrie. Paris, 2014-2015.
- Expert to review projects of FP7-people-COFUND program 2013-2018, 2014.
- Committee member of Journées Ouvertes de Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM), Rennes, 3-6 July 2012.
- Scientific committee of axe bioinformatics Genouest. 2009-present
- Steering committee member of Plateform « Génomique Environnementale et Humaine » Genbouest. 2010-present.
- Steering committee member of Plateform Bioinformatics Genouest. 2006-present

### REVIEWER

*Activities of reviewers for:* PLoS Genetics ; Nature Methods; Genome Research; Nucleic Acids Research; Bioinformatics; BMC Bioinformatics; Genomics; Scientific Report ; Genomics Biochimie; BMC Vet ; PLoSOne ; BMC Genomics; Int. Journal of Molecular science; Mammalian Genome; Research in Veterinary Science; Journal of Heredity; Animal Genetics; Biology of the Cell; BMC Genetics; Cytogenetics Genome Research.

### ACADEMIC EDITOR

- BMC Veterinary Research. since 2011

### PUBLICATIONS

Peer-reviewed: 60

Publications in conference proceedings: 8

Book Chapter: 2

H-index: 22 (source : The [Journal Citation Reports](#) - dec. 2015)

#### *Selected peer-reviewed publications:*

Broeckx BJG, **Hitte C**, Coopman F, Verhoeven G.E.C, De Keulenaer S, De Meester E, Derrien T, Alfoldi J, Lindblad-Toh K, Bosmans T, Gielen I, Van Bree H, Van Ryssen B, H. Saunders J, Van Nieuwerburgh F, Deforce D. Improved canine exome designs, featuring ncRNAs and increased coverage of protein coding genes. **Scientific Reports**, 2015

Emily M, **Hitte C**, Mom A. SMILE: a novel Dissimilarity-based Procedure for Detecting Sparse-Specific Profiles in Sparse Contingency Tables. **Computational Statistics and Data Analysis**, 2015, Submitted

Abitbol M, **Hitte C**, Bossé P, Blanchard-Gutton N, Thomas A, Martignat L, Blot S, Tiret L. A COLQ Misense Mutation in Sphynx and Devon Rex cats with Congenital Myasthenic Syndrome. *PLoS One*, 2015.

Ollivier M, Petit C, **Hitte C**, Hughes S, Gillet B, Duffraisse M, Pionnier-Capitan M, Lagoutte L, Arbogast RM, Balasescu A, Boroneant A, Mashkour M, Tresset SA, Vigne JD, Hänni C. Evidence of coat color variation sheds new light on ancient canids. *PLoS One* 2013.

Maurer M, Mary J, Guillaud L, Fender M, Pelé M, Bilzer T, Olby N, Penderis J, Shelton GD, Panthier JJ, Thibaud JL, Barthélémy I, Aubin-Houzelstein G, Blot S, **Hitte C**, Tiret L. Centronuclear myopathy in Labrador Retrievers: a recent founder mutation in the PTPLA has rapidly disseminated worldwide. *PLoS One* 2012.

Berglund J, Nevalainen EM, Molin A-M, Perloski M, Lupa Consortium, André C, Zody MC, Sharpe T, **Hitte C**, Lindblad-Toh K, Lohi H, Webster MT. Novel origins of copy number variation in the dog genome. *Genome Biol.* Aug 23;13(8):R73, 2012.

Grall A, Guaguère E, Planchais S, Grond S, Bourrat E, Hausser I, **Hitte C**, Le Gallo M, Derbois C, Kim GJ, Lagoutte L, Degorce-Rubiales F, Radner FPW, Thomas A, Kury S, Bensignor E, Fontaine J, Pin D, Zimmermann R, Zechner R, Lathrop MGM, Galibert F, André C, Fischer J. PNPLA1 mutations cause autosomal recessive congenital ichthyosis in golden retriever dogs and humans. *Nature Genetics*, 2012.

Derrien T, Vaysse A, André C, **Hitte C**. Annotation of the Domestic Dog Genome Sequence: Finding the missing genes. 2011. *Mammalian Genome*. 2012.

Vaysse A, Ratnakumar A, Derrien T, Axelsson E, Pielberg GR, Sigurdsson S, Fall T, Seppälä E, Hansen MST, Lawley CT, Karlsson EK, The LUPA consortium, Bannasch D, Vilà C, Lohi H, Galibert F, Fredholm M, Hedhammar A, André C, Lindblad-Toh K, **Hitte C** and Webster MT. Identification of genomic regions associated with phenotypic variation between dog breeds using selection mapping. *PLoS Genetics*. 2011.

Abitbol M, Thibaud JL, Olby N, **Hitte C**, Puech JP, Hédan B, Dréano S, Brahimi S, Uriarte A, Delattre D, Bernex F, André C, Gray F, Delisle F, Caillaud C, Panthier JJ, Aubin-Houzelstein G, Blot S, Tiret L. A canine Arylsulfatase G (ARSG) mutation leading to a sulfatase deficiency is associated with neuronal ceroid lipofuscinosis. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2010.

Beggs AH, Böhm J, Snead E, Kozłowski M, Maurer M, Minor K, Childers MK, Taylor S.M, **Hitte C**, Mickelson JR, Guo LT, Mizisin AP, Buj-Bello A, Tiret L, Laporte J, Shelton DG. *MTM1* mutation associated with X-linked myotubular myopathy in Labrador Retrievers. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 2010.

Derrien T, Thézé J, Vaysse A, André C, Ostrander EA, Galibert F, **Hitte C**. Revisiting the missing protein-coding gene catalog of the domestic dog. *BMC Genomics*, 2009

Derrien T, André C, Galibert F, **Hitte C**. AutoGRAPH: an interactive web server for automating and visualizing comparative genome maps. *Bioinformatics* 2007.

Quignon P, Herbin L, Cadieu E, Kirkness E.F., Hédan B, Mosher DS, Galibert F, André C, Ostrander E.A., **Hitte C**. Canine population structure: Assessment and impact of intra-breed stratification on SNP-based association studies. *PLoS One*, 2007.

**Hitte C**, Madeoy J, Kirkness EF, Priat C, Lorentzen TD, Senger F, Thomas D, Derrien T, Ramirez C, Scott C, Evanno G, Pullar B, Cadieu E, Oza V, Lourgant K, Jaffe DB, Tacher S, Dreano S, Berkova N, Andre C, Deloukas P, Fraser C, Lindblad-Toh K, Ostrander EA, Galibert F. Facilitating genome navigation: survey sequencing and dense radiation-hybrid gene mapping. *Nature Review Genetics*. 2005.

Lindblad-Toh K, coll...., **Hitte C**, Kim L, Koepfli KP, Parker HG, Pollinger JP, Searle SM, Sutter NB, Thomas R, Webber C, Broad Sequencing Team, Lander ES. Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog. **Nature** 2005.

Murphy WJ, Larkin DM, Everts-van der Wind A, Bourque G, Tesler G, Auvin L, Beever JE, Chowdhary BP, Galibert F, Gatzke L, **Hitte C**, Meyers SN, Milan D, Ostrander EA, Pape G, Parker HG, Raudsepp T, Rogatcheva MB, Schook LB, Skow LC, Welge M, Womack JE, O'brien SJ, Pevzner PA, Lewin HA. Dynamics of mammalian chromosome evolution inferred from multispecies comparative maps. **Science**, 2005.

Thomas R, Scott A, Langford CF, Fosmire SP, Jubala CM, Lorentzen TD, **Hitte C**, Karlsson EK, Kirkness E, Ostrander EA, Galibert F, Lindblad-Toh K, Modiano JF, Breen M. Construction of a 2-Mb resolution BAC microarray for CGH analysis of canine tumors. **Genome Research**. 2005.

**Hitte C**, Derrien T, Andre C, Ostrander EA, Galibert F. CRH\_Server: an online comparative and radiation hybrid mapping server for the canine genome. **Bioinformatics**. 2004.

Galibert F, André C, **Hitte C**. Le chien : un modèle pour la génétique des mammifères. (Dog as a mammalian genetic model). **Médecine Science**. 2004.

Quignon P, Kirkness E, Cadieu E, Touleimat N, Guyon R, Renier C, **Hitte C**, Andre C, Fraser C, Galibert F. Comparison of the canine and human olfactory receptor gene repertoires. **Genome Biol.** 2003.

Breen M\*, Jouquand S\*, Renier C\*, Mellersh CS\*, **Hitte C\***, Holmes NG, Cheron A, Suter N, Vignaux F, Bristow AE, Priat C, McCann E, Andre C, Boundy S, Gitsham P, Thomas R, Bridge WL, Spriggs HF, Ryder EJ, Curson A, Sampson J, Ostrander EA, Binns MM, Galibert F. Chromosome-specific single-locus FISH probes allow anchorage of an 1800-marker integrated radiation-hybrid/linkage map of the domestic dog genome to all chromosomes. **Genome Research**. 2001.

Mellersh CS\*, **Hitte C\***, Richman M, Vignaux F, Priat C, Jouquand S, Werner P, Andre C, DeRose S, Patterson DF, Ostrander EA, Galibert F. An integrated linkage-radiation hybrid map of the canine genome. **Mamm. Genome**. 2000.

#### • **Publications in conference proceedings**

Derrien T, André C, **Hitte C**. FEELnc: Fast and Effective Extraction of Long non-coding RNAs. Communication avec actes *In Journées Ouvertes Biologie Informatique Mathématique*. Edité par Christine Gaspin 2013

Derrien T, Vaysse A, Hennuy B, Coppieters W, Hédan B, André C, **Hitte C**. Computational detection and expression profiling of conserved long non-coding RNAs in the domestic dog. Communication avec actes *In Journées Ouvertes Biologie Informatique Mathématique*. Edité par François Coste et Denis Tagu, 2012, p115-121.

Jean-Baptiste-Adolphe H., Emily M, Vaysse A, André C, **Hitte C**. Haplotype-based method for detecting regions under selection in the domestic dog. Communication avec actes *In Journées Ouvertes Biologie Informatique Mathématique*. Edité par François Coste et Denis Tagu, 2012, p289-294.

Vaysse A, Ratnakumar A, Derrien T, Lindblad-Toh K, André C, Webster, **Hitte C**. Differentiation of allelic frequencies analysis identifies short genomic regions with signatures of artificial selection between canine breeds. Communication avec actes *In Journées Ouvertes Biologie Informatique Mathématique*. Edité par Marie-France Sagot et Olivier Gascuel, 2010, p144-150.

Vaysse A, Derrien D, André C, Galibert F, **Hitte C**. Lineage-specific pseudogenes identification through selective constraints analysis in the canine genome. Communication avec actes *In Journées Ouvertes Biologie Informatique Mathématique, JOBIM-2009*. Edité par Eric Rivals et Irina Rusu, 2009, p145-146.

**Hitte C**, André C. Mesure et impact de la stratification intra et inter races chez le chien. Communication en séance plénière avec actes dans *Colloque national de la Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité*. 2008, p503-507.

André C, **Hitte C**. Diversité et homogénéité génétique de l'espèce canine : potentiel en génétique médicale. Communication avec actes dans *Colloque national de la Fondation pour la Recherche sur la Biodiversité*. 2008, p463-467.

Derrien T, André C, Ostrander EA, Galibert F, **Hitte C**. Identification de gènes et prédiction de pertes de gènes par génomique comparative : application au génome canin. Présentation longue; Communication avec actes *In Journées Ouvertes Biologie Informatique Mathématique*. Edité par Jacques van Helden et Yves Moreau, 2008, p23-29.

· **Book chapter**

Djebali S, Wucher Va, Foissac S, **Hitte C**, Corre E, Derrien T. Bioinformatics pipeline for transcriptome sequencing analysis. *Methods in Molecular Biology*, 2016 Submitted.

**Hitte C**, Kirkness EF, Ostrander EA, Galibert F. Survey Sequencing and Radiation Hybrid Mapping to Construct Comparative Maps. In *Methods for Molecular Biology, Phylogenomics and comparative genomics*. Edited by Murphy, WJ, Humana Press. vol 422:65-77, 2008.

**ORAL COMMUNICATIONS:**

**Hitte C**, Alfoldi J, Cadieu E, Swofford R, De Brito C, Johnson J, Derrien T, Turner-Maier J, Gillard M, Hédan B, Lagoutte L, Primot A, Galibert MD, Kindblad-Toh K, André C. Exome sequencing of canine melanomas reveals driver genes to inform human melanomas. The 8th International Conference on Advances in Feline and Canine Genomics and inherited diseases. June 22 – 26 , 2015, Cambridge UK

Derrien T, Lagoutte L, Leeb T, Jagannathan V, Cadieu E, Lohi H, Hédan B, Cirera S, Fredholm M, Botherel N, Leegwater P, Fieten H, Johansson C, LUPA consortium, Johnson J, André C, Lindblad-Toh K, **Hitte C**. An extended repertoire of long-non coding RNAs in the domestic dog. The 8th International Conference on Advances in Feline and Canine Genomics and inherited diseases. June 22 – 26 , 2015, Cambridge UK

**Hitte C**. Génomique du cancer: Identification d'altérations génétiques du mélanome chez le modèle canin par Exome et RNAseq. INRIA-IRISA, Rennes, March 19th, 2015

**Hitte C**. Identification of long non-coding RNAs through RNAseq in the domestic dog. Statistics for Integrative Biology, Agrocampus, Rennes, October 29th, 2013.

Derrien T, Hennuy B, Hédan B, Coppieters W, Cadieu E, André C, **Hitte C**. Automated classification of long non-coding RNAs in the domestic dog. Advances in Feline and Canine Genomics. and inherited diseases. Sept 23 – 27 , 2013, Cambridge-Boston, USA.

**Hitte C**. Intérêt du modèle chien en médecine et génétique humaine. Colloque Les Rencontres de la recherche Fondation Rennes1, Rennes, 30 novembre 2012.

**Hitte C**. Identification des signatures de la sélection chez le chien. Journée d'animation Evolution, Sélection, Domestication, Paris, 04 octobre 2012.

Derrien T, Vaysse A, Hennuy B, Coppieters W, Hédan B, André C, **Hitte C**. Computational detection and expression profiling of conserved long non-coding RNAs in the domestic dog. Journées Ouvertes Biologie Informatique Mathématique. JOBIM-2012. Rennes, 3-6 juillet 2012.

Derrien T, Hennuy B, Vaysse A, Coppieters W, Hédan B, Guillory A.S, Galibert F, André C, **Hitte C**. Characterization of long non-coding RNAs in canine breed selective sweep genomic regions. Advances in Feline and Canine Genomics. and inherited diseases. Visby, Sweden, May 28 - June 1st, 2012

**Hitte C**. Identification des signatures génétiques de la sélection chez le chien. Conférence de l'IFR140. Université de Rennes1. Rennes, 25 janvier 2012.

**Hitte C.**, Ratnakumar A, Vaysse A, Derrien T, Axelsson E, Pielberg GR, Sigurdsson S, Fall T, Seppälä E, Hansen MST, Lawley CT, Karlsson EK, The LUPA consortium, Bannasch D, Vilà C, Lohi H, Galibert F, Fredholm M, Hedhammar A, André C, Lindblad-Toh K, Webster MT. Identification of loci governing phenotypic traits in dog breeds highlights disease genes of relevance to human health. « European Conference of Human Genetics 2011 ». May 28 – 31, 2011, Amsterdam, the Netherlands

**Hitte C**. A database for canine Copy Number Variation. LUPA Consortium Meeting, Barcelone, June 20-22, 2010.

**Hitte C**. Identification of loci governing common and rare phenotypic traits in dog breeds using selection mapping. 15 décembre 2010. Invité à l'Ecole Normale Supérieure, Paris

**Hitte C**. Signatures génétiques de la sélection chez le chien. Colloque Génomique, Eléments Transposables et Domestications des espèces 11-12 mai 2010. Invité à l'Ecole Normale Supérieure, Lyon.

**Hitte C**. Diversité et homogénéité génétique de l'espèce canine : impact et potentiel en génétique médicale. Cycle de séminaire de l'Association Réunissant les Biologistes Rennais –ARBRE- Centre Armoricaïn de Recherche en ENvironnement, Rennes, 16 janvier 2009

**Hitte C**, André C. Mesure et impact de la stratification intra et inter races chez le chien. Communication en séance plénière. Colloque national de la Fondation pour la recherche sur la biodiversité. Strasbourg, 13-15 octobre 2008.

Derrien T, André C, Ostrander EA, Galibert F, **Hitte C**. Identification de gènes et prédiction de pertes de gènes par génomique comparative : application au génome canin. Présentation longue. Journées Ouvertes Biologie Informatique Mathématique, JOBIM-2008. Lille, 30 juin-02 juillet 2008.

Derrien T, André C, Ostrander EA, Galibert F, **Hitte C**. Targeted identification of new genes and gene losses in the canine genome. Advances in Feline and Canine Genomics. and inherited diseases. Saint-Malo, 21-25 mai 2008.

**Hitte C**, Derrien T. AutoGRAPH : un serveur pour la comparaison de génomes : Application à l'identification de nouveaux gènes chez le chien. 5ème rencontres de la plate-forme bioinformatique de OUEST-genopole. Rennes, 23 octobre 2007.

**Hitte C**, Galibert F. Genetic diversity in the canine species : SNP survey of chromosome 1. 2nd European SNPlex user meeting. Barcelona Spain, 28 fev-1er mars 2007.

**Hitte C**, Derrien T, Ostrander A.E, Andre C, Galibert F. Identification of new canine genes : the value of comparative genomics. Advances in Feline and Canine Genomics. University of Davis, USA. 2-6 Aout 2006.

**Hitte C**, Hédan B, Vilboux T, Derrien T, Galibert F, André C. Le Chien : apports de ce modèle en génétique humaine. Journées d'Etudes Scientifiques et Techniques 2006 de l'Association Française des Sci-

ences et Techniques de l'Animal de Laboratoire : apport de modèles spontanés de maladies humaines. Bordeaux 31 mai-2 juin 2006.

**Hitte C**, Derrien T. Apport de la combinaison des séquençages légers (1-2x) et des cartes d'hybrides d'irradiation denses : application au génome canin. Troisièmes rencontres de la plate-forme bioinformatique OUEST-genopole, Rennes, 18 octobre 2005.

**Hitte C**. Séquençage léger et cartographie à haute densité : une approche pour caractériser les génomes de mammifères. Application au génome canin." Journée de Cartographie Comparée. Toulouse, 17 janvier 2005.

**Hitte C**, Priat C, Madeoy J, Kirkness EK, Thomas R, Thomas D, Senger F, Lorentzen T, Cadieu E, Ramirez C, Evanno G, Scott C, Derrien T, Pullar B, Dréano S, Scott A, Tacher S, Oza1 V, Lourgant K, Hudson R, Guyon R, Andre C, Deloukas P, Breen M, Fraser C, Galibert F, Ostrander EA. An Integrated FISH /RH Map and a 10,000 Gene Map of the Canine Genome. Advances in Feline and Canine Genomics. Université de Utrecht, Pays-Bas. 14-17 oct. 2004.

**Hitte C**, and Galibert F. A 10,000 Gene Canine Radiation Hybrid Map. The Canine Cancer Consortium BROAD Institute, Massachusset Institute of Technology, Boston, USA, 9-10 juin 2004.

**Hitte C**. Génétique du chien. : Analyse et gestion des données. Premières rencontres de la plate-forme bioinformatique OUEST-genopole, Rennes, 18-19 sept 2003.

**Hitte C**. Cartographie RH et Comparée chez le Chien. Plate-forme de cartographie comparée. Université Claude Bernard, Lyon, 11 fév 2003.

**Hitte C**, Galibert F, Kim L, Guyon R, Lorentzen T, Cadieu E, Parker HG, Quignon P, Lowe JK, Gelfenbeyn B, André C, Ostrander EA. Comparison of the Efficiency of the Multimap and TSP/CONCORDE Programs in the Construction of an RH map of the Canine Genome. Advances in Canine and Feline Genomics. St-Louis, USA. 16-19 mai 2002.

## **TEACHING:**

Master in Bioinformatics: University Rennes1, France: Statistics for biology; Comparative Genomics; Genome Organization and genetic polymorphism.

Master in Bioinformatics: Univ. Rouen, France: Comparative Genomics; Genome Mapping