

Curriculum vitae

1. Informations personnelles

CLERISSI Camille

Né le 13/04/1985 à Miramas, France.

CRIOBE USR3278 EPHE-CNRS-UPVD, Université de Perpignan via Domitia, 58 avenue Paul Alduy, 66860, Perpignan.

Email : camille.clerissi@ephe.sorbonne.fr

Activité professionnelle : Maître de conférences (Ecole Pratique des Hautes Etudes).

2. Formation

- 2009-2012** **Doctorat** « **Diversité** et **distribution** des *Prasinovirus (Phycodnaviridae)* : **influence** des **facteurs** **environnementaux** et **mécanismes évolutifs** », Université Pierre et Marie Curie, Observatoire Océanologique de Banyuls-sur-Mer.
- 2007-2009** **Master** « **Océanographie** et **Environnements marins** », spécialité « **Ecosystèmes côtiers** », Université Pierre et Marie Curie, Paris.
- 2003-2007** **Licence** « **Biologie des Organismes** », Université Montpellier 2.
- 2003** **Baccalauréat Scientifique**, spécialité « **Sciences de la Vie et de la Terre** », Lycée Stanislas, Wissembourg.

3. Expérience professionnelle

Recherche

- 2018** **Maître de conférences (Ecole Pratique des Hautes Etudes)**, CRIOBE USR3278 EPHE-CNRS-UPVD, Université de Perpignan via Domitia.
- 2018** **Chercheur post-doctoral** : « **Analyses génomiques de l'holobionte *Acanthurus triostegus* à l'échelle du Pacifique** », avec S. Planes,

CRIOBE USR3278 EPHE-CNRS-UPVD, Université de Perpignan via Domitia.

2016-2017 **Chercheur post-doctoral : « Spécificité et stabilité des communautés microbiennes associées à l’huître creuse *Crassostrea gigas* », avec E. Toulza et J. de Lorgeril, UMR 5244 CNRS-IFREMER-Université Montpellier 2, Université de Perpignan via Domitia.**

2013-2016 **Chercheur post-doctoral : « Analyses génomiques de l’adaptation au mutualisme des symbiotes de légumineuses : comparaison entre l’évolution expérimentale et naturelle », avec E.P.C. Rocha à l’Institut Pasteur de Paris, et C. Masson-Boivin, UMR 2594/441 CNRS-INRA, INRA de Castanet-Tolosan.**

2009-2012 **Doctorat : « Diversité et distribution des *Prasinovirus (Phycodnaviridae)* : influence des facteurs environnementaux et mécanismes évolutifs », avec Y. Desdevises et N. Grimsley, UMR 7232 CNRS, Université Pierre et Marie Curie, Observatoire Océanologique de Banyuls-sur-Mer.**

2009 **Stage Master 2 : Spécificité des *Prasinovirus* et coévolution avec leurs hôtes picophytoplanctoniques, avec Y. Desdevises et N. Grimsley, UMR 7232 CNRS, Université Pierre et Marie Curie, Observatoire Océanologique de Banyuls-sur-Mer.**

2008 **Stage Master 1 : Cycle de vie des bactériophages et physiologie des procaryotes associés aux coraux du récif de Tuléar (Madagascar), avec T. Bouvier, UMR 5119 CNRS, Université Montpellier 2.**

2007 **Stage volontaire d’un mois : Diversité bactérienne de l’Etang de Thau, avec T. Bouvier, UMR 5119 CNRS, Université Montpellier 2.**

Enseignement

2018 **Travaux Dirigés d’analyse de la biodiversité (4h), Master 2 EPHE, Université de Perpignan via Domitia.**

- 2018** **Cours magistraux d'analyse de la biodiversité (outils moléculaires) (6h ; 9h équivalent-TD)**, Master 1 Biologie-Ecologie-Evolution, Université de Perpignan via Domitia.
- 2013** **Travaux Pratiques de Microbiologie (Vacation: 16h ; 11h équivalent-TD)**, Licence 2, Université Paul Sabatier Toulouse 3.
- 2010** **Travaux Pratiques et Dirigés de Biologie du Développement et Reproduction (Vacation : 35h ; 28h équivalent-TD)**, Licence 2 Biologie et Ecologie, Université de Perpignan via Domitia.
- 2010** **Travaux Dirigés d'analyses multivariées (Ordination : ACP et AFC ; Groupement : CAH ; 8h)**, Master 1 Océanographie et Environnements marins, Université Pierre et Marie Curie, Observatoire Océanologique de Banyuls-sur-Mer.

4. Encadrement

- 2017** **Formation interne de doctorants**, Université de Perpignan via Domitia. « Analyses statistiques et multivariées des microbiotes ».
- 2017** **Erwan Harscouet, stage volontaire post-Licence 3**, Université de Montpellier. Participation à l'encadrement avec E. Toulza et G. Mitta. « Analyses statistiques et multivariées des communautés microbiennes ».
- 2014** **François Li, stage de Master 2**, Master Biotechnologie et Biologie des Plantes, Université de Bordeaux. Participation à l'encadrement avec D. Capela. « Analyse des changements métaboliques associés à l'évolution expérimentale de la bactérie phytopathogène *Ralstonia solanacearum* en symbiote de légumineuse ».
- 2012** **Manon Denjean, stage de Licence 2**, Ecole Supérieure de Biologie-Biochimie-Biotechnologies, Université Catholique de Lyon. Participation à l'encadrement avec Y. Desdevises. « Suivi de communautés de virus de microalgues par empreinte génétique ».

2011

Jérémy Garnodier, stage de Licence 3, Ecole Supérieure de Biologie-Biochimie-Biotechnologies, Université Catholique de Lyon. Participation à l'encadrement avec Y. Desdevises. « Mise au point d'une technique d'empreinte génétique de communautés de virus de microalgues ».

5. Comité de thèse

2018

Pierre-Louis Stenger, Université de la Polynésie française. « Plasticité et diversité chromatique chez l'huître perlière *Pinctada margaritifera* ».

6. Publications

Récapitulatif : 16 articles (dont 7 en tant que premier auteur).

1. Karsenti E, Acinas SG, Bork P, Bowler C, de Vargas C, Raes J, Sullivan MB, Arendt D, Benzoni F, Claverie J-M, Follows M, Gorsky G, Hingamp P, Iudicone D, Jaillon O, Kandels-Lewis S, Krzic U, Not F, Ogata H, Pesant S, Reynaud EG, Sardet C, Sieracki ME, Speich S, Velayoudon D, Weissenbach J, Wincker P, and the Tara Oceans Consortium (Abergel C, Arslan D, Audic S, Aury JM, Babic N, Beaufort L, Bittner L, Boss E, Boutte C, Brum J, Carmichael M, Casotti R, Chambouvet A, Chang P, Chica C, Clerissi C, Colin S, Cornejo-Castillo FM, Da Silva C, De Monte S, Decelle J, Desdevises Y, Dimier C, Dolan J, Duhaime M, Durrieu de Madron X, d'Ortenzio F, d'Ovidio F, Ferrera I, Garczarek L, Garet-Delmas MJ, Gasmi S, Gasol JM, Grimsley N, Heilig R, Ignacio-Espinoza J, Jamet JL, Karp-Boss L, Katinka M, Khalili H, Kolber Z, Le Bescot N, Le Goff H, Lima-Mendez G, Mahé F, Mazzocchi MG, Montresor M, Morin P, Noel B, Pedrós-Alió C, Pelletier E, Perez Y, Picheral M, Piganeau G, Poirot O, Poulain J, Poulton N, Prejger F, Prihoda J, Probert I, Rampal J, Reverdin G, Romac S, Romagnan JB, Roullier F, Rouviere C, Samson G, Santini S, Sarmiento H, Sciandra A, Solonenko S, Stemmann L, Subirana L, Sunagawa S, Tanaka A, Testor P, Thompson A, Tichanné-Seltzer V, Tirichine L, Toulza E, Tozzi S,

- Veluchamy A, Zingone A). 2011. A holistic approach to marine eco-systems biology. *PLoS Biology*, 9 (10):e1001177. doi:10.1371/journal.pbio.1001177.
2. Clerissi C, Desdevises Y, Grimsley N. 2012. Prasinoviruses of the marine green alga *Ostreococcus tauri* are mainly species-specific. *Journal of Virology*, 86 (8): 4611. doi:10.1128/JVI.07221-11.
 3. Clerissi C, Grimsley N, Desdevises Y. 2013. Genetic exchanges of inteins between prasinoviruses. *Evolution*, 67 (1): 18-33. doi:10.1111/j.1558-5646.2012.01738.x.
 4. Hingamp P, Grimsley N, Acinas SG, Clerissi C, Subirana L, Poulain J, Ferrera I, Sarmiento H, Villar E, Lima-Mendez G, Faust K, Sunagawa S, Claverie J-M, Moreau H, Desdevises Y, Bork P, Raes J, de Vargas C, Karsenti E, Kandels-Lewis S, Jaillon O, Not F, Pesant S, Wincker P, Ogata H. 2013. Exploring nucleo-cytoplasmic large DNA viruses in *Tara Oceans* microbial metagenomes. *The ISME Journal*, doi:10.1038/ismej.2013.59.
 5. Clerissi C, Grimsley N, Ogata H, Hingamp P, Poulain J, Desdevises Y. 2014. Unveiling of the diversity of prasinoviruses (*Phycodnaviridae*) in marine samples by using high-throughput sequencing analyses of PCR-amplified DNA polymerase and Major Capsid Protein genes. *Applied and Environmental Microbiology*, 80(10): 3150-3160. doi:10.1128/Aem.00123-14.
 6. Bellec L, Clerissi C, Edern R, Foulon E, Simon N, Grimsley N, Desdevises Y. 2014. Cophylogenetic interactions between marine viruses and eukaryotic picophytoplankton. *BMC Evolutionary Biology*, 14: 59. doi:10.1186/1471-2148-14-59.
 7. Clerissi C, Grimsley N, Subirana L, Maria E, Oriol L, Ogata H, Moreau H, Desdevises Y. 2014. *Prasinovirus* distribution in the Northwest Mediterranean Sea is affected by the environment and particularly by phosphate availability. *Virology*, doi:10.1016/j.virol.2014.07.016.
 8. Remigi P, Capela D, Clerissi C, Tasse L, Torchet R, Bouchez O, Batut J, Cruveiller S, Rocha EPC, Masson-Boivin C. 2014. Transient hypermutagenesis accelerates the evolution of legume endosymbionts following horizontal gene transfer. *PLoS Biology*, doi:10.1371/journal.pbio.1001942.

9. Clerissi C, Desdevises Y, Romac S, Audic S, de Vargas C, Acinas SG, Casotti R, Poulain J, Wincker P, Hingamp P, Ogata H, Grimsley N. 2015. Deep sequencing of amplified *Prasinovirus* and host green algal genes from an Indian Ocean transect reveals interacting trophic dependencies and new genotypes. *Environmental Microbiology Reports*, 7 (6): 979-989. doi:10.1111/1758-2229.12345.
10. Marchetti M, Clerissi C, Yousfi Y, Gris C, Bouchez O, Rocha EPC, Cruveiller S, Jauneau A, Capela D, Masson-Boivin C. 2017. Experimental evolution of rhizobia may lead to either extra- or intracellular symbiotic adaptation depending on the selection regime. *Molecular Ecology*, doi:10.1111/mec.13895.
11. Capela D, Marchetti M, Clerissi C, Perrier A, Guetta D, Gris C, Valls M, Jauneau A, Cruveiller S, Rocha EPC, Masson-Boivin C. 2017. Recruitment of a lineage-specific virulence regulatory pathway promotes intracellular infection by a plant pathogen experimentally evolved into a legume symbiont. *Molecular Biology and Evolution*, 34 (10): 2503-2521. doi:10.1093/molbev/msx165.
12. Brener-Raffalli K, Clerissi C, Vidal-Dupiol J, Adjeroud M, Bonhomme F, Pratloug M, Aurelle D, Mitta G, Toulza E. 2018. Thermal regime and host clade, rather than geography, drive *Symbiodinium* and bacterial assemblages in the scleractinian coral *Pocillopora damicornis sensu lato*. *Microbiome*, 6: 39. doi:10.1186/s40168-018-0423-6.
13. Mouahid G, Clerissi C, Allienne J-F, Chaparro C, Yafae SA, Nguéma RM, Ibikounlé M, Moné H. 2018. The phylogeny of the genus *Indoplanorbis* (Gastropoda, Planorbidae) from Africa and the French West Indies. *Zoologica Scripta*, doi:10.1111/zsc.12297.
14. Clerissi C, Touchon M, Capela D, Tang M, Cruveiller S, Genthon C, Lopez-Roques C, Parker MA, Moulin L, Masson-Boivin C, Rocha EPC. 2018. Parallels between experimental and natural evolution of legume symbionts. *Nature Communications*, doi:10.1038/s41467-018-04778-5.
15. Clerissi C, Brunet S, Vidal-Dupiol J, Adjeroud M, Lepage P, Guillou L, Escoubas J-M, Toulza E. 2018. Protists within corals: the hidden diversity. 2018. *Frontiers in Microbiology*, doi:10.1038/s41467-018-04778-5.

16. De Lorgeril J, Lucasson A, Petton B, Toulza E, Montagnani C, Clerissi C, Vidal-Dupiol J, Chaparro C, Galinier R, Escoubas J-M, Haffner P, Degremont L, Charrière GM, Lafont M, Delort A, Vergnes A, Chiarello M, Faury, Rubio TP, Leroy M, Pérignon A, Régler D, Morga B, Alumno-Bruscia M, Boudry P, Le Roux F, Destoumieux-Garzón D, Gueguen Y, Mitta G. 2018. Immune-suppression by OsHV-1 viral infection causes fatal bacteremia in Pacific oysters. *Nature Communications*, doi:10.1038/s41467-018-06659-3.

7. Communications

Récapitulatif : 6 communications orales, 8 communications affichées.

En tant que premier auteur avec sélection pour une présentation orale :

1. Clerissi C, Grimsley N, Desdevises Y. Specificity, evolution, diversity and distribution of prasinoviruses. Présentation orale aux *Journées du Centre des Sciences de la Mer et des Doctorants de l'Université Pierre et Marie Curie*, Les Cordeliers, Paris, France, 12-15 sept. 2011 (*Chairman* pour la session Physiologie et Adaptation).
2. Clerissi C, Grimsley N, Desdevises Y. Specificity and genetic exchanges of inteins between Prasinoviruses. Présentation orale au *Aquatic Virus Workshop 6 (AVW6)*, Texel, Pays-Bas, 30 oct.-3 nov. 2011.
3. Clerissi C, Grimsley N, Desdevises Y. Diversity and distribution of prasinoviruses. Présentation orale à l'*Association Francophone d'Ecologie Microbienne (AFEM)*, Hammamet, Tunisie, 14-16 nov. 2011.
4. Clerissi C, Torchet R, Cruveiller S, Capela D, Gris C, Rocha EPC, Masson-Boivin C. Genomics of adaptation during experimental evolution of a plant pathogen into a legume symbiont. Présentation orale aux *11^{ème} Rencontres Plantes-Bactéries*, Aussois, France, 3-7 fév. 2014.
5. Clerissi C, Capela D, Marchetti M, Torchet R, Cruveiller S, Gris C, Rocha EPC, Masson-Boivin C. Omics of endosymbiosis adaptation during experimental evolution of legume symbionts. Présentation orale au *Congress of the European Society for Evolutionary Biology (ESEB)*, Lausanne, Suisse, 10-14 août 2015.

6. Clerissi C, de Lorgeril J, Petton B, Lucasson A, Escoubas J-M, Gueguen Y, Mitta G, Toulza E. Deciphering links between oyster fitness and microbial composition. Présentation orale au *Interdisciplinary Workshop on Holobionts*, Bordeaux, France, 6-8 nov. 2017.

En tant que premier auteur avec sélection pour une communication affichée :

7. Clerissi C, Grimsley N, Desdevises Y. Caractérisation de la spécificité des virus d'*Ostreococcus tauri*. Poster présenté à l'*Association Francophone d'Ecologie Microbienne (AFEM), Les interactions microbiennes passées et présentes*, Marseille, France, 4-5 mai 2010.
8. Clerissi C, Grimsley N, Desdevises Y. Strain specificity of *Ostreococcus tauri* viruses. Poster présenté à *Viruses of microbes*, Institut Pasteur, Paris, France, 21-25 juin 2010.
9. Clerissi C, Grimsley N, Desdevises Y. Genetic exchanges of inteins between Prasinoviruses. Poster présenté à *Alphy Meeting (Alignment and Phylogeny)*, Observatoire Océanologique de Banyuls-sur-Mer, France, 19-21 mars 2012.
10. Clerissi C, Subirana L, Moreau H, Ogata H, Grimsley N, Desdevises Y. Diversity and distribution of prasinoviruses at a large geographical scale. Poster présenté à *Viruses of Microbes*, Bruxelles, Belgique, 16-20 juil. 2012.
11. Clerissi C, Torchet R, Cruveiller S, Capela D, Gris C, Rocha EPC, Masson-Boivin C. Genomics of adaptation during experimental evolution of legume symbionts. Poster présenté aux *Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM)*, Toulouse, France, 1-4 juil. 2013.
12. Clerissi C, Torchet R, Cruveiller S, Capela D, Gris C, Rocha EPC, Masson-Boivin C. Genomics of adaptation during experimental evolution of legume symbionts. Poster présenté au *Congress of the European Society for Evolutionary Biology (ESEB)*, Lisbonne, Portugal, 19-24 août 2013.
13. Clerissi C, Torchet R, Cruveiller S, Capela D, Gris C, Rocha EPC, Masson-Boivin C. Genomics of adaptation during experimental evolution of legume symbionts. Poster présenté au *3rd Meeting on Molecular Mechanisms in Nitrogen fixing Root Endosymbioses*. Montpellier, France, 26-27 sept. 2013.

14. Clerissi C, Petton B, Escoubas J-M, Gueguen Y, Mitta G, De Lorgeril J, Toulza E. Specificity and stability of microbial communities associated to healthy and diseased *Crassostrea gigas* oysters. Poster présenté à *International Conference on Holobionts*, Paris, France, 19-21 avril 2017.

Autres congrès, séminaires ou workshops :

15. Participation à *Phylogénie des communautés (PhyloCom)*, Montpellier, France, 3 mai 2010.
16. Participation à *Journée biodiversité et bioinformatique*, Maison des sciences de l'Homme, Grenoble, France, 29 juin 2011.
17. Participation au *5^{ème} microbiotoul*. Toulouse, France, 21-22 oct. 2013.
18. Participation aux *Journées annuelles de la société française de systématique, Méthodes phylogénétiques comparatives: comment parler du process à partir du pattern?* Banyuls-sur-Mer, France, 25-27 oct. 2017.
19. Participation à *Integrated immunity in holobionts*. Montpellier, France, 15-16 oct. 2018.

8. Compétences

Récapitulatif : Séquençage à haut-débit (metabarcoding, métagénomique, génomique, transcriptomique), Bioinformatique (bash, python), Biostatistiques, Analyses multivariées, Phylogénie (reconstruction et utilisation : scénarii évolutifs), Microbiologie (bactéries, protistes, virus).

Analyses de données

Analyse de séquences issues du séquençage à haut débit : analyse de génomique fonctionnelle et des populations (coregenome et pangenome, polymorphismes, BLAST, profils HMM, catégories COG et métaboliques (KEGG et Metacyc)), analyse transcriptomique (analyse des différences d'expression, liens avec des traits phénotypiques quantitatifs), analyse de communautés à l'aide de gènes marqueurs (ampliconnoise pour le nettoyage des séquences ; mothur, Qiime,

FROGS pour définir les unités taxonomiques opérationnelles (OTU) et les annotations taxonomiques ; Tax4Fun pour les annotations fonctionnelles).

Analyse de séquence et évolution moléculaire : alignement et recherche de polymorphismes (mafft, muscle, Seaview, EMBOSS), analyse de recombinaisons (PHI, ClonalFrameML), signature de sélection (codeml), transfert latéraux de gènes (SH), évolution *in silico* de génomes, reconstructions phylogénétiques par inférence bayésienne (MrBayes) et maximum de vraisemblance (PhyML, IQ-TREE), analyses cophylogénétiques (ParaFit, TreeMap, Jane), reconstructions de scénarii évolutifs de pertes, gains, duplications de gènes (COUNT).

Biostatistique : tests paramétriques et non-paramétriques, approches par permutations, modèles linéaires, analyses multivariées (test de Mantel, analyse en composantes principales, analyse factorielle des correspondances, analyse canonique des correspondances, analyse de redondance, analyse linéaire discriminante, régression des moindres carrés partiels, MANOVA). Utilisation des logiciels R, xlstat et JMP pour l'analyse des données.

Langages : Unix, R, notions de programmation en python, travail sur cluster de calculs.

Expérimentales

Biologie moléculaire : extraction d'ADN et d'ARN (huîtres, filtres), réaction en chaîne par polymérase (PCR), élaboration d'amorces spécifiques et bloquantes pour du séquençage Sanger et à haut débit (454-Titanium, Illumina).

Echantillonnage: missions à bord de la goélette *Tara* (projet *Tara-Océans* et *Tara-Pacific*) et prélèvement dans divers étangs méditerranéens, filtration, isolement et mise en culture de micro-organismes et de virus environnementaux, purification de virus environnementaux, estimation des caractéristiques physico-chimiques, dissection de poissons.

Culture *in vitro*: culture de micro-organismes (bactéries, protistes, virus), physiologie microbienne (respiration, intégrité membranaire), phénotypages microbien à haut débit (Omnilog, Biolog).

Imagerie: cytométrie en flux, microscopie à épifluorescence, hybridation *in situ* en fluorescence (FISH).

Langues Français (langue maternelle), Espagnol et Anglais (lu, parlé et écrit).

Plongée Niveau 2, CMAS.

9. Formation continue

- 2018-2019** **Pratiques pédagogiques (12h).** Ecole interne PSL Université.
- 2018** **Formation France Génomique : Calcul Haute Performance au TGCC/CCRT appliqué aux données génomiques (13h).** Responsables : A. Kourlaiev et N. Wiart, TGCC du CEA, Bruyères-le-Châtel.
- 2014** **Analyse de transcriptomes et détection de transferts horizontaux (8h).** Responsable : S. Carrere, L. Legrand, et E. Sallet, INRA de Castanet-Tolosan.
- 2014** **Programmation en Python (21h).** Responsable : J. Delamarche, INRA de Castanet-Tolosan.
- 2013** **Analyse de données : génomes et transcriptomes (8h).** Responsables : S. Carrere, L. Legrand, et L. Cottret, INRA de Castanet-Tolosan.
- 2013** **Bioinformatique par la pratique : initiation à Python (8h).** Responsables : F. Samson et S. Dèrozier, INRA de Jouy-en-Josas.
- 2011** **Unix et utilisation du pôle de calcul de l'Université Pierre et Marie Curie (12h).** Responsable : M. Krawczyk, Observatoire Océanologique de Banyuls-sur-Mer.

- 2011** **Marine Ecological and Evolutionary Genomics (84h).** Marine genomics 4 Users. Responsable : J. Collen, Station Biologique de Roscoff.
- 2011** **Formation bioinformatique « Next Generation Sequencing » (17h).** Plateforme Bioinformatique Genotoul, Unité BIA, INRA Toulouse. Responsables : J. Mariette et C. Noirot, Lieu de la formation : Observatoire Océanologique de Banyuls-sur-Mer.
- 2009** **Unité d'enseignement « Analyse du génome » (30h).** Responsable : F. Sabot, Université de Perpignan via Domitia.

10. Bourses

- 2017** **Obtention d'un financement sur projet (porteur) du défi « Dynamique de l'holobionte et fitness » de l'UMR 5244 (CNRS-IFREMER-Université Montpellier 2-Université de Perpignan via Domitia) pour le projet « PASEO : Protistes au sein des microbiotes » (5500 €).**
- 2009-2012** **Obtention d'un financement sur projet du fond AXA pour la recherche pour la thèse de doctorat « Diversité et distribution des *Prasinovirus (Phycodnaviridae)* : influence des facteurs environnementaux et mécanismes évolutifs », (120000 €).**

11. Collaborations

- 2017-2018** **Microbiote du corail *Pocillopora damicornis* :** L. Guillou (Station biologique de Roscoff), M. Adjeroud (IRD Perpignan), J. Vidal-Dupiol, J.-M. Escoubas (Université de Montpellier), P. Lepage, S. Brunet (Génomique Québec, Montréal).
- 2017-2018** **Phylogénie des *Indoplanorbis* :** G. Mouahid et H. Mone (Université de Perpignan via Domitia).

- 2016-2018** **Génomique des *Roseobacter*** : R. Lami (Observatoire Océanologique de Banyuls-sur-Mer), L. Urios (Université de Pau).
- 2013-2016** **Evolution expérimentale de symbiontes de légumineuses** : S. Cruveiller, R. Torchet, C. Médigue (CEA Génoscope, Evry), D. Capela, M. Marchetti (INRA, Castanet-Tolosan).
- 2009-2012** **Projet *Tara-Océans*** : H. Ogata (Institute of Chemical Research, Kyoto, Japon), P. Hingamp (Université Aix-Marseille), S. Acinas (Institut de Ciències del Mar, Barcelone, Espagne), R. Casotti (Stazione Zoologica, Naples, Italie), C. de Vargas, S. Audic, S. Romac (Station biologique de Roscoff), J. Poulain, P. Wincker (CEA Génoscope, Evry).