

CURRICULUM VITAE

Claudine LANDES claudine.landes@inrae.fr claudine.landes@universite-angers.fr

Responsable Equipe BIDEfl (Bio-Informatic for plant Defense Investigation)
Institut de Recherche en Horticulture et Semences (IRHS) - 42 rue Georges Morel, 49071 Beaucouzé
Pr Bioinformatique - Université Angers- UFR de Sciences - Département Biologie

FORMATION

- 1988 DESS Informatique Appliquée à la Biologie – Université Paris VI. Mention Bien.
1992 Thèse de l'Université Paris VI – Spécialité Génétique Cellulaire et Moléculaire
Titre : « Analyse des séquences biologiques par les méthodes de reconnaissance des formes »
2011 Habilitation à Diriger des Recherches – Université d'Evry Val d'Essonne
Titre : « De l'art de résumer pour tenter de comprendre en génomique évolutive »

EXPERIENCE PROFESSIONNELLE

- 1993 Maître de Conférences à l'Université Versailles Saint-Quentin - Laboratoire Génome et Informatique
2004 Maître de Conférences à l'Université d'Evry – Val d'Essonne - Laboratoire Mathématique Modélisation
2015 Professeur de Bioinformatique à l'Université d'Angers - Institut Recherche en Horticulture et Semences

DOMAINE DE COMPETENCES

Classification automatique des séquences protéiques, Analyse multiple de séquences par approche combinatoire.
Modélisation de l'évolution moléculaire des protéines. Classification et évolution des familles multigéniques,
Evolution moléculaire, Evolution des gènes dupliqués chez les plantes, Génomique comparative et évolutive.
Eléments transposables et Evolution des génomes, Epigénomique.

PROJET DE RECHERCHE

Génomique Evolutive des Rosacées, Etude des gènes dupliqués, Détection de duplications à large, moyenne et petite échelle, Caractérisation des duplications, Etude du rôle des mécanismes de duplication dans l'adaptation à l'environnement et l'acquisition de nouvelles fonctions chez les plantes par l'intégration données transcriptomiques et épigénomiques.

COLLABORATIONS

M.Nadal, H.Debat, F. Garnier - Institut Jacques Monod, Université Paris Diderot - Evolution des topoisomérases
C.Rizzon, Y.Diaz - LaMME (Laboratoire Mathématiques et Modélisation d'Evry) - Evolution gènes dupliqués
E.Lerat - Laboratoire de Biométrie et Biologie Evolutive (Lyon) - Eléments Transposables et Gènes Dupliqués
B.T Torrèsani - Institut Mathématiques de Marseille - Université Aix-Marseille - Modèles évolution séquences
E.Corel - Unité Evolution. Institut de Biologie Paris-Seine - Paris VI - Classification sans alignement
G. Didier - Institut Montpellierain Alexander Grothendieck (Montpellier) - Classification sans alignement

ENSEIGNEMENTS

- Bioinformatique : algorithmes d'analyses de séquences, phylogénie moléculaire, génomique évolutive, assemblage et annotation des génomes, génomique comparée, analyses transcriptomiques (Licence, Master)
- Informatique pour la biologie : programmation en langages Python, SQL, R (Licence et Master)
- Informatique pour la biologie : introduction à Unix (Licence, Master), introduction à Python (Ecole Doctorale)
- Statistiques pour la biologie (TD niveau licence L1, L2 et TP niveau master M1)
- Biologie pour l'informatique : introduction à la biologie à large échelle (niveau master M1 Data Science)

ENCADREMENTS

Doctorants :

Justin Whalley (soutenu le 15/03/2014) - Université d'Evry Val d'Essonne (en co-direction 50%)

Devenir des gènes dupliqué, l'apport des réseaux biologiques,

Nicolas Daccord (soutenu le 27/11/2018) - Université Angers (en co-direction 50%)

Génomique et épigénomique du pommier,

Tanguy Lallemand (soutenu le 15/11/2022) Université Angers (en co-direction 50%) -

Evolution des gènes dupliqués chez le pommier,

Martin Leduc (5/12/2022) Université Angers (en co-direction 40%)

Evolution des gènes dupliqués chez le rosier,

Andréa Bouanich (en cours) - Université Angers (en co-direction 50%)

Etude bioinformatique intégrative de l'évolution des génomes et épigénomes de *Rosaceae*

Post-doctorants:

Ramzi El Feghali (2005-2007), Eduardo Corel (2006-2008)

RESPONSABILITES ADMINISTRATIVES

Enseignement

1995-2005	Coordinatrice des enseignements de bioinformatique à l'Université de Versailles
1999-2004	Co-responsable du DESS Informatique Appliquée à la Biologie (PVI, UEVE, UVSQ)
2004-2006	Co-responsable du Master Bioinformatique et Génomique (UEVE, UVSQ)
2007-2014	Directrice d'Etudes du parcours Génie Biologique et Informatique (L3 à M2)- UEVE
2014-2015	Responsable du Master M2 Génomique et Post-Génomique - UEVE
Depuis 2015	Responsable des enseignements de bioinformatique au Département Biologie - UA
Depuis 2023	Co-animatrice de l'équipe biochimie-bioinformatique - Département Biologie - UFR sciences
Depuis 2023	Co-responsable du Master1 biologie Végétale cohabilité UA et Nantes Université

Recherche

Depuis 2016	Direction de l'équipe BIDEfI de l'unité l'IRHS - UMR INRAE-UA-InstitutAgro
Depuis 2017	Membre élue du conseil de l'UFR Sciences
2018 - 2020	Membre élue du CFVU et du CAC de l'université d'Angers
Depuis 2018	Membre du conseil scientifique du GIS Biogenouest (spécialité bioinformatique)
2020 - 2024	Membre élue de la Commission Recherche et au Conseil Académique de l'UA
2020 - 2022	Membre représentant le CS au groupe de travail de la Vie Etudiante
2020 - 2022	Vice-présidente du conseil scientifique du GIS Biogenouest
Depuis 2022	Présidente du conseil scientifique du GIS Biogenouest
2022 - 2024	Membre du Sénat Académique de la COMUE UA-ULM
2022 - 2024	Membre de la commission budget du conseil d'UFR

PUBLICATIONS depuis 2020

1. Lallemand, T., Leduc, M., Desmazières, A., Aubourg, S., Rizzon, C., Celton, J. M., **Landès, C.** (2023). "Insights into the Evolution of Ohnologous Sequences and Their Epigenetic Marks Post-WGD in *Malus Domestica*". *Genome Biology and Evolution*, 15(10), evad178.
2. **Landès C**, Diaz-Lazcoz Y, Hénaut A, Torrèsani B (2023). "Pseudo-Rate Matrices, Beyond Dayhoff's Model". In: Flandrin, P., Jaffard, S., Paul, T., Torrèsani, B. (eds) *Theoretical Physics, Wavelets, Analysis, Genomics. Applied and Numerical Harmonic Analysis*. Birkhäuser, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-030-45847-8_26
3. Didier G, **Landès C**, Hénaut A, Torrèsani B (2023). "Four Billion Years: The Story of an Ancient Protein Family". In: Flandrin, P., Jaffard, S., Paul, T., Torrèsani, B. (eds) *Theoretical Physics, Wavelets, Analysis, Genomics. Applied and Numerical Harmonic Analysis*. Birkhäuser, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-030-45847-8_25
4. Eid, R., **Landès, C.**, Pernet, A., Benoit E., El Ghaziri A., Bourbeillon J. "DIVIS: a semantic DIstance to improve the VISualisation of heterogeneous phenotypic datasets". *BioData Mining* 15, 10 (2022). <https://doi.org/10.1186/s13040-022-00293-y>
5. Zang L, Paweł Tarkowski L, Morere-Le-Paven MC, Zimy M, Balliau T, Clochard T, Bahut M, Blazergue S., Pelletier S, **Landès C**, Limami A, Montrichard F (2022). "The nitrate transporter MtNPF6.8 is a master sensor of nitrate signal in the primary root tip of *Medicago truncatula*". *Front. Plant Sci*, doi 10.3389/fpls.2022.832246
6. Lallemand T., Aubourg S., Celton J-M, **Landès C.**(2021). "Chromosome dominance in apple after whole genome duplication ». *ISHS Acta Horticulturae* 1362, doi 10.17660/ActaHortic.2023.1362.9
7. Pernet A, Eid R, **Landès C**, Benoît E, Santagostini P Marie-Magdelaine J, Clotault J, El Gahziri A, Bourbeillon J, "Construction of a semantic distance for inferring structure of the variability between 19th century Rosa varieties". *ISHS Acta Horticulturae* 1362
8. Lallemand T., Leduc M., **Landès C.**, Rizzon C, Lerat E. (2020). "An overview of duplicated gene detection methods: Why the duplication mechanism has to be accounted for in their choice". *Genes*, **11**(9):1046.