

## Éducation

- 2017 **Doctorat en Environnement, biologie des populations et écologie**, UGSF - Université de Lille, France, mention très honorable avec félicitations du jury.
- 2013 **Master en bio-informatique**, Université de Bordeaux, France, mention très bien.
- 2011 **Licence en biologie moléculaire, cellulaire et physiologie**, Université de Bordeaux, France.
- 2009 **BTS en biotechnologies**, Lycée St. Louis (Bordeaux, France), mention bien.

## Expériences professionnelles

### Chercheur contractuel

- Juin 2018 – **Écologie des communautés microbiennes du sol**, INRAE de Dijon UMR 1347 Agroécologie, France,
- Juin 2024 Pôle MICSOL, équipe BioCom.

### Développement bio-informatique en écologie des communautés:

1. Mise en place d'approches d'inférences fonctionnelles et d'assignations de traits écologiques des communautés microbiennes à partir de données de méta-génomique ciblée.
2. Mise en place d'une base de données sur les micro-eucaryotes ([µgreen-db](#)).
3. Participation au développement d'une méthode de *post-clustering* ([ReClustOR](#)).
4. Participation au développement d'un *pipeline* d'analyses de données de méta-génomique ciblée ([BIOCOM-PIPE](#)).

### Projet FungiMic-RMQS : Biogéographie et écologie spatiale des communautés fongiques du sol en France (2019 – actuellement)

Encadrants : D<sup>r</sup> [Lionel RANJARD](#) (DR INRAE), D<sup>r</sup> [Sébastien TERRAT](#) (MCF UB).

Financements : ADEME, OFB, Fonds de Dotation Roullier, TMCE.

- Coordinateur et auteur principal de l'Atlas français des champignons du sol (2024, éditions Biotope et Publications scientifiques du MNHN).
- Évaluer précisément la diversité des champignons des sols français grâce à différents indices de diversité.
- Caractériser la distribution de la diversité des communautés fongiques du sol à travers divers filtres environnementaux (modes d'usage, pratiques agricoles, couvert végétal, types de climat).
- Définir les modèles biogéographiques et le déterminisme de la diversité des communautés fongiques du sol.
- Faire un inventaire exhaustif des communautés fongiques (taxons clés, abondants et rares).
- Comprendre les attributs écologiques des communautés fongiques grâce à une meilleure connaissance de leur habitat.
- Étudier les réseaux d'interactions biotiques, traduire la diversité taxonomique en diversité fonctionnelle afin d'estimer les services et fonctions rendus par les sols.

### Projet **APORTHE** : Quel est l'impact des pratiques d'épandage des effluents d'élevages mixtes « Porcin-Bovin » en zone herbagère du Massif Central sur la microbiologie des sols ? (2020, 6 mois)

Encadrante : D<sup>re</sup> [Sophie SADET-BOURGETEAU](#) (MCF, Institut Agro Dijon),

- Étude d'indicateurs microbiens pour évaluer l'impact des pratiques d'épandage de fumier mélangé d'élevage.
- Générer des fiches de diagnostic de la qualité microbiologique des sols.
- Plusieurs présentations des résultats et une journée de restitution avec les acteurs du secteur.

### Projet : Étude de la microbiologie des technosols (2018 - 2019)

Encadrant : D<sup>r</sup> [Pierre-Alain MARON](#) (DR INRAE),

- Chef de projet dans le cadre d'une étude sur les indicateurs microbiens afin d'évaluer un nouveau **technosol** destiné à la rénovation urbaine, développé par la société **VICAT**.

### Projet FuncDiv : écologie fonctionnelle des communautés microbiennes (2018 – actuellement)

- Mettre en place dans l'équipe BioCom, des approches d'inférences fonctionnelles et d'assignations de traits écologiques (**état de l'art**, tests d'outils, développer et/ou sélectionner des indices d'écologie fonctionnelle).
- Missionné en tant qu'expert pour accompagner un plan de relance sur ce sujet.

## Doctorat

Nov. 2013 – Étude de la diversité du domaine *Bacteria* et du règne *Fungi* au cours du rouissage du lin  
déc. 2017 sur champ par une approche de méta-génomique ciblée et de méta-transcriptomique,  
*Encadrants* : D<sup>r</sup> Sébastien GREC et P<sup>r</sup> Simon HAWKINS, UGSF – Université de Lille (France).  
*Membres du jury* : D<sup>re</sup> Fabienne GUILLON (Rapporteuse, DR à INRAE de Nantes), D<sup>r</sup> Lionel RANJARD (Rapporteur, DR à INRAE de Dijon), D<sup>re</sup> Brigitte CHABBERT (Examinatrice, CR à INRAE de Reims), D<sup>r</sup> Kjell SERGEANT (Examineur, Chercheur au Luxembourg Institute of Science and Technology), D<sup>re</sup> Anne HARDUIN-LEPERS (Examinatrice et présidente du jury, DR CNRS à UGSF - Université de Lille).

- Conception expérimentale de l'échantillonnage des plantes de lin et de sols.
- Préparation des échantillons et mise au point d'une approche de méta-génomique ciblée pour des échantillons de plantes et de sols.
- Conception d'une amorce universelle pour l'amplification de la sous-région V3 – V4 du gène de l'ADNr 16S pour l'étude d'échantillons complexes de plantes à fibres.
- Mise en place de chaînes de traitement et d'analyses statistiques pour des données de diversité microbienne.
- Interprétation de l'ensemble des données de méta-génomique ciblée et notamment la recherche de marqueurs taxonomiques et fonctionnels (CAZymes).
- Mise au point de protocoles de capture d'ARNr ou d'enrichissement d'ARNm à partir de microbiote associé aux plantes pour une approche de méta-transcriptomique.
- Préparation de l'analyse bio-informatique pour l'analyse des données de méta-transcriptomiques.

## Stage de master 2

Mars – août 2013 **Développement de chaînes de traitement de méta-génomique pour le clustering et la classification d'ARNr**, *Encadrant* : Jérôme Mariette, GenoToul, INRAE Occitanie-Toulouse (France).

- Développement de chaînes de traitement pour l'étude de données de diversité (séquenceurs Roche 454 et Illumina MiSeq) grâce à l'API Jflow basée sur Makeflow et Weaver et intégrées dans l'environnement NGSpipelines et NG6.
- Implémentation d'un script en langage Perl permettant de convertir un fichier de taxonomie de mothur en Krona.
- Amélioration d'un plugin jQuery Venny pour la création et l'exportation en image de diagramme de Venn : jvenn.

## Compétition internationale en biologie synthétique (iGEM)

2011 – 2013 **Pseudo-bacterial eye**, *Encadrants* : D<sup>r</sup> Denis DUPUY (biologie) et D<sup>re</sup> Marie BEURTON-AIMAR (informatique), Bordeaux (France).

- Participation à la mise en place de la première équipe bordelaise et à la gestion de l'équipe pour la deuxième année (démarche de sponsors, présentation de la compétition et de notre projet tous publics).
- Responsable de la modélisation et de la simulation des mécanismes régulateurs complexes existant chez les organismes eucaryotes chez les organismes procaryotes.
- Création d'un site officiel pour l'équipe iGEM Bordeaux, notre projet.
- Participation à la présentation orale et à la session poster à Amsterdam, 5 – 7 octobre 2012, l'équipe a gagné une médaille de bronze.

## Stage de BTS

2007 – 2009 (4 mois) **Analyse fonctionnelle des gènes régulateurs du cycle cellulaire et de l'endocycle du fruit de tomate**, *Encadrants* : P<sup>r</sup> Michel HERNOULD (UMR 1332 Biologie du Fruit et Pathologie - INRAE Nouvelle-Aquitaine Bordeaux – France) et D<sup>re</sup> Élodie MATHIEU-RIVET (Glyco-MEV, Université de Rouen – France), INRAE Nouvelle-Aquitaine Bordeaux (France).

- Construction de vecteurs d'expression de gènes du cycle cellulaire pour une approche transitoire par biolistique et pour une approche stable par *Agrobacterium tumefaciens*.
- Création d'un logiciel (langage VBA) de gestion de plasmides « Plasmidator » sur mon temps libre.

## Enseignement

2013 – 2023 Généralement, je supervisais un groupe d'environ 30 étudiants pour les travaux pratiques (TP). J'étais en charge de l'élaboration de contrôles de connaissances en début de cours, de l'évaluation des expériences scientifiques et de la correction des dessins. Pour le cours « Initiation à la programmation » dans le cadre d'un atelier pour l'analyse de données de séquençage nouvelle génération de 15 étudiants en master, j'ai créé un cours avec des travaux pratiques (durée 6h). Durant mon post-doctorat, j'ai enseigné en licence 3 professionnelle à l'IUT de Dijon-Auxerre et en dernière année d'école d'ingénieur (Institut Agro Dijon).

**Tableau récapitulatif, UB = IUT, Université de Bourgogne, UL = Université de Lille 1 .**

Année	Institution	Niveau	Nombre d'étudiants	Module	Type	Durée
2022 - 2023	UB	Licence 3	10	NGS	Cours/TD	6h
	UB	Licence 3	10	Bio-informatique	TP	4h
2021 - 2022	UB	Licence 3	10	NGS	Cours/TD	6h
	UB	Licence 3	10	Bio-informatique	TP	4h
2020 - 2021	Institut Agro Dijon	3 <sup>ème</sup> année d'école d'ingénieur	15	Recherche et expérimentation	Cours/TD	2h
	UB	Licence 3	10	NGS	Cours/TD	6h
	UB	Licence 3	10	Bio-informatique	TP	4h
	UL	Master en biotechnologies	15	Initiation à la programmation	Cours/TD	6h
2016 - 2017	UL	Licence 1	30	Physiologie végétale	TP	16h
	UL	Master en biotechnologies	15	Initiation à la programmation	Cours/TD	4h
	UL	Licence 1	30	Biologie cellulaire	TP	45h
2014 - 2015	UL	Licence 1	30	Physiologie végétale	TP	58h
	UL	Master en biotechnologies	15	Initiation à la programmation	Cours/TD	6h
2013 - 2014	UL	Licence 1	30	Physiologie végétale	TP	64h
<b>Total</b>					<b>TP</b>	195h
					<b>Cours/TD</b>	36h

## Qualification aux fonctions de maître de conférence dans une université française

2021 **CNU64, CNU67.**

2020 **CNU65, CNU68.**

## Publications scientifiques majeures

**2024 C. Djemiel et al.**

*Unraveling biogeographical patterns and environmental drivers of soil fungal diversity at the French national scale*

**SOIL**, (2024)

<https://journals.asm.org/doi/full/10.1128/msphere.00365-23>

Contexte de recherche : Cet article a été réalisé lors de mon post-doctorat afin de caractériser la distribution de la diversité alpha des communautés fongiques des sols en France et hiérarchiser les paramètres environnementaux impliqués. Nous avons aussi étudié la mycosociologie (réseaux d'interactions).

Contribution : J'ai réalisé les analyses bio-informatiques, les analyses statistiques et géostatistiques, et rédigé le manuscrit.

**2023 C. Djemiel et al.**

*Biogeographical patterns of the soil fungal: bacterial ratio across France*

**Mosphere**, 8.5 (2023): e00365-23.

<https://journals.asm.org/doi/full/10.1128/msphere.00365-23>

Contexte de recherche : Cet article a été réalisé lors de mon post-doctorat afin de caractériser la variabilité du ratio « champignons:bactéries » des sols en France et hiérarchiser les paramètres environnementaux impliqués.

Contribution : J'ai effectué les analyses statistiques et rédigé le manuscrit.

**2022 C. Djemiel et al.**

*Inferring microbiota functions from taxonomic genes: a review*

**GigaScience**, 11

<https://doi.org/10.1093/gigascience/giab090>

Contexte de recherche : Ce travail de revue a été réalisé lors de mon post-doctorat pour décrypter et classer les avantages, les spécificités et les inconvénients des outils d'inférence fonctionnelle et

d'assignation des traits écologiques.

Contribution : J'ai conceptualisé et rédigé le manuscrit.

**2020 C. Djemiel et al.**

*µgreen-db: a reference database for the 23S rRNA gene of eukaryotic plastids and cyanobacteria*

**Scientific reports**, 10 (1), 1-11

<https://doi.org/10.1038/s41598-020-62555-1>

Contexte de recherche : Ce travail de développement a été réalisé en parallèle des différents post-doctorats réalisés au sein de l'équipe BioCom. Cette base de données a été intégrée au *pipeline* BIOCUM-PIPE et offre une alternative à la communauté scientifique pour étudier les communautés de micro-eucaryotes photosynthétiques grâce au marqueur de l'ADNr 23S.

Contribution : Participation au développement de la base de données (formatage des données et de la taxonomie), à l'analyse bio-informatique des données de l'étude de cas. J'ai rédigé le manuscrit et développé le [site web](#).

**2017 C. Djemiel et al.**

*Characterization of bacterial and fungal community dynamics by high-throughput sequencing (HTS) metabarcoding during flax dew-retting*

**Frontiers in microbiology**, 8, 2052

<https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02052>

Contexte de recherche : Ce travail de recherche a été réalisé lors de ma thèse de doctorat. Accueilli au sein de l'équipe Fibres végétales de l'UGSF (Université de Lille), j'ai mis en place une approche de méta-génomique ciblée afin d'étudier l'écologie des communautés microbiennes de la dégradation des fibres végétales, alors non disponible dans mon équipe.

Contribution : J'ai mis en place le plan expérimental et participé aux échantillonnages sur des parcelles tests. J'ai réalisé la préparation de tous les échantillons (stockage, extraction/purifications des ADN et génération des amplicons par PCR), la bio-informatique et les analyses statistiques ainsi que leurs interprétations et la rédaction du manuscrit.

## Langues

Français Maternelle  
Anglais Lu, parlé, écrit

## Compétences en informatique

Système d'exploitation	GNU/Linux, macOS	POO	Python, Java
IDE, collaboration	Eclipse, SVN, GitHub, GitLab	Langages de programmation	R, R Markdown, Perl, Shell, LISP, Hoc
Base de données	MySQL, PostgreSQL	Web	HTML5/CSS3, jQuery/Bootstrap, PHP, R Shiny
Outils de bureautique	L <sup>A</sup> T <sub>E</sub> X 2 <sub>ε</sub> /Beamer, LibreOffice	Logiciels de conception graphique	Adobe Illustrator, Adobe Photoshop, Adobe Première Pro, ImageJ/Fiji

## Compétences en analyses de données de méta-omiques

Méta-transcriptomique	Bowtie2, SAMtools, SortMeRNA	Outils d'écologie	BIOCUM-PIPE, Mothur, PIPTIS, PICRUSt2, FungalTraits, LefSe, Oligotyping
Statistiques	Géostatistiques, diversité taxonomique et fonctionnelle, analyses multivariées, partition de variance et comparaisons multiples.	Outils de visualisation	Highcharts, Krona, jvenn, Tulip/Cytoscape

## Compétences en biologie, sur le terrain

Méthodologie	Mise en place de conception expérimentale (échantillonnage, stockage).	Biologie moléculaire	Extraction et purification d'ARN/ADN, quantification par picogreen en utilisant l'instrument lightCycler, normalisation par le système epMotion, PCR, clonage.
--------------	--	----------------------	--

## Responsabilités

2022 - 2023 **UMR Agroécologie INRAE de Dijon**, *Élu comme membre du conseil de service d'unité de l'UMR 1347. Participe et représente les agents du collège « doctorants et contractuels » lors des réunions trimestrielles du CSU.*

## Activités éditoriales et évaluations de projets

Mes évaluations d'articles	Molecular Ecology Ressources (2021 (1)), Frontiers in Plant Science (2023 (2), 2021 (2)), Scientific reports (1), MDPI Agronomy (2021 (1)), MDPI Life (2020 (1)), Geoderma (2019 (1)).	Review Editor	Frontiers in Plant Science ~ Marine and Freshwater Plants.
Mes évaluations de projets	Conseil de recherches en sciences naturelles et en génie du Canada (2023).	Jury thèse	Hiba Benmohamed (Canada, 12/2024)

## Prix

- 2023 **Champi Chups**, 1<sup>er</sup> prix des photos MEB avec une 3<sup>ème</sup> place au classement général (incluant photos MEB et MET) lors des 22<sup>èmes</sup> journées technologiques du réseau d'imagerie en microscopie électronique, RIME, Collaboration avec la plate-forme **DImaCell** dans le cadre de l'Atlas français des champignons du sol.
- 2017 **Structural variability in the caulosphere and rhizosphere microbiome during flax dew-retting**, prix du meilleur poster lors du séminaire du Réseau Français des Parois, Orléans (Fr), **résultats**.
- 2012 **Pseudo-bacterial eye**, Médaille de bronze au Jamboree européen pour le championnat iGEM 2012, The International Genetics Engineered Machine, Amsterdam (NI), **résultats**.

## Références

### D<sup>r</sup> Lionel RANJARD

Encadrant post-doctorat  
BioCom – INRAE (Dijon, Fr)  
[lionel.ranjard@inrae.fr](mailto:lionel.ranjard@inrae.fr)  
+33 (0)3 80 69 30 88

### D<sup>r</sup> Pierre-Alain MARON

Encadrant post-doctorat  
BioCom – INRAE (Dijon, Fr)  
[pierre-alain.maron@inrae.fr](mailto:pierre-alain.maron@inrae.fr)  
+33 (0)3 80 69 30 88

### D<sup>r</sup> Sébastien TERRAT

Encadrant post-doctorat  
BioCom – INRAE (Dijon, Fr)  
[sebastien.terrat@inrae.fr](mailto:sebastien.terrat@inrae.fr)  
+33 (0)3 80 69 33 83

### P<sup>r</sup> Simon HAWKINS

Directeur de thèse  
UGSF – UMR8576 (Lille, Fr)  
[simon.hawkins@univ-lille.fr](mailto:simon.hawkins@univ-lille.fr)  
+33 (0)3 20 43 40 30

### D<sup>r</sup> Sébastien GREC

Co-encadrant de thèse  
UGSF – UMR8576 (Lille, Fr)  
[sebastien.grec@univ-lille.fr](mailto:sebastien.grec@univ-lille.fr)  
+33 (0)3 20 33 72 51

### D<sup>r</sup> Jérôme MARIETTE

Maître de stage Master 2  
MIA-T – INRAE (Borde Rouge, Fr)  
[jerome.mariette@inrae.fr](mailto:jerome.mariette@inrae.fr)  
+33 (0)5 61 28 57 25