

Curriculum Vitae

Frederiek - Maarten Kerckhof

February 22, 2018

1 Personalia

- Naam: Kerckhof
- Voornaam: Frederiek - Maarten
- Adres: Holdaal 72A, 9000 (Gent)
- Bereid te verhuizen
- GSM: 0477/98.13.12
- E-mail: frederiekmaarten.kerckhof@gmail.com
- Geboortedatum: 14 november 1988
- Geboorteplaats: Brugge

2 Opleiding

- **2011-2016: Doctoraatsthesis over duurzame methanotrofie**
 - Academische publicatie als eerste auteur (zie onderstaande bibliografie, Kerckhof *et al.* (2014))
 - Co-auteur in verschillende peer-reviewed publicaties waar mijn consult als bio-informaticus en -statisticus essentieel was (zie ook onderstaande bibliografie)
 - Tutor van verschillende masterthesis en stagestudenten
 - Les assistent bij de practica van Moleculair Microbiële Technieken en Microbieel Ecologische Processen.
 - Organiseren van interne opleidingen over statistiek, bio-informatica en versiecontrole
- **2011-2016: Universiteit Gent Doctoral Schools**
 - Geavanceerd academisch Engels: conferentie skills
 - IVPV specialisatiecursus: "Advanced statistical methods - nonparametric methods"
 - IVPV specialisatiecursus: "Advanced statistical methods - multivariate methods"

- FLAMES specialisatiecursus: "Advanced R - Programming in R and beyond"
- Specialisatiecursus: "UGent High Performance computing (Linux shell scripting, Python, HPC usage)"
- Specialisatiecursus: Inleiding tot MG-RAST
- **2006-2011: Master Bio-ingenieurswetenschappen Cel- en Gen Biotechnologie, major computationele biologie, Universiteit gent. *Summa cum laude***
 - Bachelorproef: 'Competitie en Diversiteit, een schijnbare tegenstelling'. Omtrent mathematische modellering van ecologische competitie op macro- en micro-ecologische schaal en mogelijke toepassingen (pre-emptieve kolonisatie, pre- en pro-biotica).
 - Project Statistiek voor Genoomanalyse en Bio-Informatica 2: analyse van 454-pyrosequencing metagenomics data
 - Masterthesis: 'Onconventionele elektron-donoren en -acceptoren voor microbiële ecosystemen'. Fundamenteel onderzoek naar microbële fysiologie in Bio-elektrochemische systemen (microbiële brandstofcellen).
- 2000-2006: (secundair onderwijs) Latijn - Wiskunde, Onze-Lieve-Vrouwecollege Assebroek

3 Werkervaring

- **2016-2018: Postdoctoraal onderzoeker in microbial resource management en synthetische microbiële ecologie.**
Funding: Federaal Wetenschapsbeleid België, Inter-universitaire attractiepool "microbial resource management" (BELSPO, IUAP P7/25)
 - Coördineren van dagdagelijkse activiteiten van het IUAP P7/25 "micro-manager: microbial resource management in engineered and natural ecosystems" netwerk
 - Organisatie van interne workshops (opleidingen) voor het IUAP netwerk en CMET over softwaretools (PhenoFlow, mothur, phyloseq, R), versiecontrole (Git/GitHub) en data stewardship (submissie naar publieke databases, FAIR principes). Medeorganisator van een Software carpentry opleiding in 2017.
 - Begeleiding van verschillende doctoraatstudenten en 3 masterproefstudenten
 - ARB/SILVA opleiding: "van primer naar paper" (MPI Bremen, nov 2016)
 - TT skills opleiding (Ugent TTO): valorisatie van onderzoek, intellectuele eigendom, funding, ... (Gent, autumn 2017)
 - EBAME3: opleiding in microbiële computationele ecogenomics (UBO Brest, December 2017)
 - Summer school on ecological network inference and analysis: SparCC, conet, LSA, populatiedynamiek modellering, ...
 - Medeleesgever Moleculair Microbiële Technieken (1ste master bio-ingenieurswetenschappen Cel en Gen-biotechnologie + keuzestudenten, academiejaar 2017-2018)
- Vrijwilligerswerk

- 2006-2010 Scoutsleider Scouts & Gidsen Vlaanderen Don Bosco, elk jaar takverantwoordelijke.
- 2007-2009 Materiaalmeester scouts Don Bosco.
- 2009-2013 Groepsleidingsteam (met 2 anderen) van scouts Don Bosco. Verantwoordelijk voor externe communicatie, subsidiëring, vorming van de leidersploeg van 30-40 man. Pedagogisch eindverantwoordelijke voor 200-250 leden met wekelijkse activiteiten en een jaarlijks zomerkamp.
- 2012-2014 Districtscommisaris in Scouts & Gidsen Vlaanderen district 't Brugse vrije. Pedagogisch coordinator voor 12 scoutsgroepen met 350 leiders en 2000+ leden in Brugge.
- 2010-2014 Afgevaardigde van mijn vereniging in de algemene Brugse jeugdraad.
- Extracurriculaire activiteiten
 - 2004-2006 Redactie- en technische staff bij OINC - TV: OLVA's informatie- nieuws- en cultuurtelevisie. Camera, geluid, montage en eindredactie.
 - 2004-2006 Verkozen vertegenwoordiger in de leerlingenraad, werkgroepencoördinator.
 - 2009-2011 Klasverantwoordelijke Cel en Gen biotechnologie (examenroosters opstellen, zetelen in facultaire studentenraad).

4 Onderwijsvaarervaring

- 2011-2013 Practicumassistent moleculair microbiële technieken
- 2013-2015 Practicumassistent microbieel ecologische processen
- 2016-2017 Assistent theoriecursus moleculair microbiële technieken
- 2017-2018 Medelesgever moleculair microbiële technieken

5 Vaardigheden

5.1 (bio)Informatica

Dankzij mijn major computationele biologie weet ik heel goed mijn weg te vinden in de dataverwerking en informatica. Deze kennis heb ik verder uitgediept tijdens mijn doctoraatsstudies en postdoc. Hieronder alvast een lijst van de software waar ik mee vertrouwd ben.

- Geavanceerde kennis van de statistische programmeertaal R en vele bioconductor en CRAN pakketten voor (bio)statistiek (Phyloseq, FlowCore, FlowViz, FlowClust, vegan, ape, ade4, ...)
- Mede-ontwikkelaar van het R pakket PhenoFlow
- Hoofdontwikkelaar van het R pakket MicroRaman

- Kennis van the Mathworks MATLAB (en simulink) voor modellering en geavanceerde wiskundige bewerkingen
- Kennis van Perl/BioPerl en Python/BioPython voor scripting
- Kennis van DAIME, ImageJ/FIJI en COMSTAT voor analyse van confocale beelden (bvb biofilms)
- Kennis van Mothur, Qiime, dada2 en andere pipelines (zoals UPARSE) voor de analyse van microbiële (16S) amplicon sequencing data
- Kennis van Anvi'o, CONCOCT/METABAT/VizBin, IDBA-UD/MegaHIT/metaspades, MG-RAST, ... voor data analyse van shotgun metagenomics data
- Kennis van ARB, RAxML en iTOL voor geavanceerde phylogenetische inferentie (phylogenetische bomen)
- Basiskennis van Bionumerics, DNASTar lasergenes, PROKKA, PathwayTools (EcoCyc/MetaCyc), CLC workbench, Wolfram Mathematica, Ruby, Java, HTML5, php en Visual basic
- Opstarten en onderhoud (systeembeheer) van 3 linux servers voor algemeen gebruik binnen CMET.
 - Installatie en updates van R pakketten voor alle gebruikers alsook Rstudio server en Shiny Server
 - Installatie en beheer van conda environments voor alle gebruikers
 - Installatie van verschillende softwarepakketten (RAxML, blast+, SparCC, MD-SINE, sina, spades, ...) voor alle gebruikers

5.2 Labvaardigheden

Ik geloof dat naast mijn data-analysevaardigheden vertrouwdheid met het lab essentieel is om goed te verstaan waar de mogelijke bronnen van bias zitten en om experimental designs voor te stellen die zowel statistisch relevant als praktisch uitvoerbaar zijn.

- Vertrouwd met standaard chemische analysetechnieken in microbiel onderzoek (CDW, Kjehldahl-N, COD, GC-VFA, IC, HPLC, ...).
- Vertrouwd met standaard moleculaire analysestechnieken (PCR, DGGE, qPCR, Illumina MiSeq amplicon data analyse)
- Ervaren in microbiële flowcytometrie (op de BD FACSVerse en BD Accuri C6 instrumenten)
- Inleiding tot werken in BSL-3 lab
- Programmeren van een Tecan Freedom EVO100 pipetteerrobot

5.3 Talenkennis

- Nederlands: moedertaal.
- Frans: lezen en schrijven (goed), spreken (gemiddeld)
- Engels: lezen, schrijven en spreken (goed)
- Grieks: basiskennis
- Duits: notie

Online aanwezigheid

- LinkedIn
- ResearchGate
- ResearcherID
- ORCID
- Bijdrage aan verschillende Stack-exchange fora (StackOverflow, CrossValidated, Ask Ubuntu, TeX)

Academische publicaties en conference proceedings

Allais, L., Kerckhof, F.-M., Verscheure, S., Bracke, K., De Smet, R., Laukens, D., De Vos, M., Boon, N., Brusselle, G., Van de Wiele, T. & Cuvelier, C. (2013a). Chronic cigarette smoke exposure alters the murine gut microbiome. In *Mucosal Immunology, 16th International congress, Abstracts*. Society for Mucosal Immunology.

Allais, L., Kerckhof, F.-M., Verscheure, S., Bracke, K., De Smet, R., Laukens, D., Van den Abbeele, P., De Vos, M., Boon, N., Brusselle, G. *et al.* (2014a). The effect of chronic cigarette smoke exposure on gut microbial diversity in healthy mice. In *9th Joint symposium Rowett-INRA 2014: Gut microbiology: from sequence to function*.

Allais, L., Kerckhof, F.-M., Verscheure, S., Bracke, K., De Smet, R., Laukens, D., Van den Abbeele, P., De Vos, M., Boon, N., Brusselle, G. *et al.* (2014b). The effect of chronic cigarette smoke exposure on the gut microbiome in healthy mice. In *BSM Annual meeting 2014: Cell signaling in host-microbe interactions*. Belgian Society for Food Microbiology (BSFM).

Allais, L., Kerckhof, F.-M., Verschuere, S., Bracke, K., De Smet, R., Laukens, D., De Vos, M., Boon, N., Brusselle, G., Van de Wiele, T. & Cuvelier, C. (2013b). Chronic cigarette smoke exposure alters the murine gut microbiome. In *ACTA GASTRO-ENTEROLOGICA BELGICA*, volume 76. ISSN 0001-5644.

Allais, L., Kerckhof, F.-M., Verschuere, S., Bracke, K., De Smet, R., Laukens, D., De Vos, M., Boon, N., Brusselle, G., Van de Wiele, T. *et al.* (2013c). Chronic cigarette smoke exposure alters the murine gut microbiome. In *8th Congress of ECCO*, pp. 167–167. European Crohn's and Colitis Organisation (ECCO).

- Allais, L., Kerckhof, F.-M., Verschuere, S., Bracke, K., De Smet, R., Laukens, D., Devos, M., Boon, N., Brusselle, G., Van de Wiele, T. *et al.* (2013d). P694 chronic cigarette smoke exposure alters the murine gut microbiome. *Journal of Crohn's and Colitis*, 7(Supplement 1):S289–S289.
- Allais, L., Kerckhof, F.-M., Verschuere, S., Bracke, K. R., De Smet, R., Laukens, D., Van den Abbeele, P., De Vos, M., Boon, N., Brusselle, G. G. *et al.* (2016). Chronic cigarette smoke exposure induces microbial and inflammatory shifts and mucin changes in the murine gut. *Environmental microbiology*, 18(5):1352–1363.
- Benner, J., De Smet, D., Ho, A., Kerckhof, F.-M., Vanhaecke, L., Heylen, K. & Boon, N. (2015). Exploring methane-oxidizing communities for the co-metabolic degradation of organic micropollutants. *Applied microbiology and biotechnology*, 99(8):3609–3618.
- Buysschaert, B., Kerckhof, F.-M., Vandamme, P., De Baets, B. & Boon, N. (2017). Flow cytometric fingerprinting for microbial strain discrimination and physiological characterization. *Cytometry Part A*.
- Callewaert, C., De Maeseneire, E., Kerckhof, F.-M., Verliefde, A., Van de Wiele, T. & Boon, N. (2014a). Microbial odor profile of polyester and cotton clothes after a fitness session. *Applied and environmental microbiology*, 80(21):6611–6619.
- Callewaert, C., Kerckhof, F.-M., Granitsiotis, M., Van Gele, M., Van de Wiele, T. & Boon, N. (2012a). The human axillary environment harbors 2 microbiome ecotypes. In *42nd Annual meeting of the European Society for Dermatological Research (ESDR)*, volume 132, pp. S115–S115.
- Callewaert, C., Kerckhof, F.-M., Granitsiotis, M., Van Gele, M., Van de Wiele, T. & Boon, N. (2012b). The human axillary environment harbors 2 microbiome ecotypes. In *Journal of investigative dermatology*, volume 132, pp. abstract 656:S115–abstract 656:S115. ISSN 0022-202X.
- Callewaert, C., Kerckhof, F.-M., Granitsiotis, M. S., Van Gele, M., Van de Wiele, T. & Boon, N. (2013). Characterization of staphylococcus and corynebacterium clusters in the human axillary region. *PloS one*, 8(8):e70538.
- Callewaert, C., Kerckhof, F.-M., Van de Wiele, T. & Boon, N. (2012c). The bacterial fingerprint of the armpit and its variation in time. In *17th PhD Symposium on Applied Biological Sciences*, volume 77.
- Callewaert, C., Kerckhof, F.-M., Van Gele, M., Van de Wiele, T. & Boon, N. (2012d). The human axillary environment harbors two microbiome ecotypes. In *Belgian Society for Cell and Developmental Biology (BSCDB) Fall meeting 2012: Epidermal cell biology*.
- Callewaert, C., Kerckhof, F.-M., Van Keer, T., Plaquet, T., Meunier, M., Bostoen, J., Verhofstadt, L., Van de Wiele, T. & Boon, N. (2014b). Characterisation of the human malodorous axillary microbiome and a novel treatment to obtain a better body odour. In *44th Annual meeting of the European Society for Dermatological Research (ESDR)*, volume 134, pp. S78–S78.

- Callewaert, C., Van Nevel, S., Kerckhof, F.-M., Granitsiotis, M. S. & Boon, N. (2015). Bacterial exchange in household washing machines. *Frontiers in microbiology*, 6:1381.
- De Paepe, K., Kerckhof, F.-M., Verspreet, J., Courtin, C. M. & Van de Wiele, T. (2017). Inter-individual differences determine the outcome of wheat bran colonization by the human gut microbiome. *Environmental Microbiology*.
- De Ryck, T., Boterberg, T., Kerckhof, F., Schrijver, J., Bracke, M. *et al.* (2015). Effects of irradiation on epithelial wound healing and microbial diversity in an in-vitro oral mucosa model. *J Nucl Med Radiat Ther*, 6(218):2.
- De Ryck, T., Grootaert, C., Jaspert, L., Kerckhof, F.-M., Van Gele, M., De Schrijver, J., Van den Abbeele, P., Swift, S., Bracke, M., Van de Wiele, T. *et al.* (2014). Development of an oral mucosa model to study host-microbiome interactions during wound healing. *Applied microbiology and biotechnology*, 98(15):6831–6846.
- De Schrijver, J., Volders, P.-J., Kerckhof, F.-M., Obbels, D., Verleyen, E., Vyverman, W., De Meyer, T. & Van Criekinge, W. (2011). Prokar-seq: An analysis and visualization framework for next-generation sequencing based quantification of prokaryotic communities. In *6th Benelux Bioinformatics Conference (BBC'11)*, pp. 47–47.
- Domingos, J. M., Martinez, G. A., Scoma, A., Fraraccio, S., Kerckhof, F.-M., Boon, N., Reis, M. A., Fava, F. & Bertin, L. (2016). Effect of operational parameters in the continuous anaerobic fermentation of cheese whey on titers, yields, productivities, and microbial community structures. *ACS Sustainable Chemistry & Engineering*, 5(2):1400–1407.
- Ehsani, E., Hernandez Sanabria, E., Kerckhof, F.-M., Props, R., Vilchez Vargas, R., Vital, M., H Pieper, D. & Boon, N. (2017). Initial evenness determines temporal dynamics in synthetic microbial ecosystem. In *MRM2 conference*.
- Ehsani, E., Hernandez-Sanabria, E., Kerckhof, F.-M., Props, R., Vilchez-Vargas, R., Vital, M., Pieper, D. H. & Boon, N. (2018). Initial evenness determines diversity and cell density dynamics in synthetic microbial ecosystems. *Scientific reports*, 8(1):340.
- Garcia Timermans, C., Buysschaert, B., Kerckhof, F.-M., Rubbens, P., Skirtach, A. & Boon, N. (2017). Detecting phenotypes with raman spectroscopy. In *FT-IR Workshop*.
- Hernandez-Sanabria, E., Slomka, V., Herrero, E. R., Kerckhof, F.-M., Zaidel, L., Teughels, W. & Boon, N. (2017). In vitro increased respiratory activity of selected oral bacteria may explain competitive and collaborative interactions in the oral microbiome. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 7:235.
- Ho, A., Angel, R., Veraart, A. J., Daebeler, A., Jia, Z., Kim, S. Y., Kerckhof, F.-M., Boon, N. & Bodelier, P. L. (2016). Biotic interactions in microbial communities as modulators of biogeochemical processes: methanotrophy as a model system. *Frontiers in microbiology*, 7:1285.
- Ho, A., Kerckhof, F.-M., Luke, C., Reim, A., Krause, S., Boon, N. & Bodelier, P. L. (2013). Conceptualizing functional traits and ecological characteristics of methane-oxidizing bacteria as life strategies. *Environmental microbiology reports*, 5(3):335–345.

- Kerckhof, F.-M. (2016). *The methanotrophic interactome: microbial partnerships for sustainable methane cycling*. Phd thesis, Ghent University.
- Kerckhof, F.-M., Courtens, E. N., Geirnaert, A., Hoefman, S., Ho, A., Vilchez-Vargas, R., Pieper, D. H., Jauregui, R., Vlaeminck, S. E., Van de Wiele, T. *et al.* (2014). Optimized cryopreservation of mixed microbial communities for conserved functionality and diversity. *PloS one*, 9(6):e99517.
- Kerckhof, F.-M., De Rudder, C., Tsilia, V., Props, R., Ho, A., Heylen, K. & Boon, N. (2016a). Functional stabilisation and partner selection during repeated co-cultivation in a methanotrophic interactome. Technical report, PeerJ Preprints.
- Kerckhof, F.-M., Ho, A., De Rudder, C., Heyer, R., Benndorf, D., Heylen, K. & Boon, N. (2016b). Happily ever after? how repeated subcultivation influences a methanotrophic marriage. In *Nederlands Tijdschrift voor Medische Microbiologie*, volume 24. ISSN 0929-0176.
- Kerckhof, F.-M., Ho, A., Granitsiotis, M. S., Heylen, K. & Boon, N. (2015a). Microbial interdependencies in an enriched aerobic mixed methanotrophic community. In *6th Congress of European Microbiologists (FEMS 2015)*, p. 2717. Kenes International Organizers of Congresses.
- Kerckhof, F.-M., Vekeman, B., Geirnaert, A., Courtens, E. N., Vilchez-Vargas, R., Ho, A., Heylen, K. & Boon, N. (2015b). Enhancing microbial cryopreservation: From fastidious microbes to mixed communities. *Cryobiology*, 71(3):549–550.
- Kuuliala, L., Al Hage, Y., Ioannidis, A.-G., Sader, M., Kerckhof, F.-M., Vanderroost, M., Boon, N., De Baets, B., De Meulenaer, B., Ragaert, P. *et al.* (2018). Microbiological, chemical and sensory spoilage analysis of raw atlantic cod (*gadus morhua*) stored under modified atmospheres. *Food microbiology*, 70:232–244.
- Marzorati, M., Maignien, L., Verhelst, A., Luta, G., Sinnott, R., Kerckhof, F. M., Boon, N., Van de Wiele, T. & Possemiers, S. (2013). Barcoded pyrosequencing analysis of the microbial community in a simulator of the human gastrointestinal tract showed a colon region-specific microbiota modulation for two plant-derived polysaccharide blends. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 103(2):409–420.
- Maza-Márquez, P., Vilchez-Vargas, R., Kerckhof, F.-M., Aranda, E., González-López, J. & Rodelas, B. (2016). Community structure, population dynamics and diversity of fungi in a full-scale membrane bioreactor (mbr) for urban wastewater treatment. *Water Research*, 105:507–519.
- Mysara, M., Vandamme, P., Props, R., Kerckhof, F.-M., Leys, N., Boon, N., Raes, J. & Monsieus, P. (2017). Reconciliation between operational taxonomic units and species boundaries. *FEMS Microbiology Ecology*, 93(4).
- Props, R., Kerckhof, F.-M., Rubbens, P., De Vrieze, J., Sanabria, E. H., Waegeman, W., Monsieus, P., Hammes, F. & Boon, N. (2017). Absolute quantification of microbial taxon abundances. *The ISME journal*, 11(2):584.

- Scoma, A., Coma, M., Kerckhof, F.-M., Boon, N. & Rabaey, K. (2017). Efficient molasses fermentation under high salinity by inocula of marine and terrestrial origin. *Biotechnology for Biofuels*, 10(1):23.
- Scoma, A., Rifai, R. M., Pini, E., Hernandez Sanabria, E., Kerckhof, F.-M. & Boon, N. (2015). Long-chain hydrocarbon degraders from deep-sea. In *VLIZ Young Marine Scientists' Day 2015*, volume 71, pp. 115–115. Vlaams Instituut voor de Zee (VLIZ).
- Seuntjens, D., Han, M., Kerckhof, F.-M., Boon, N., Al-Omari, A., Takacs, I., Meerburg, F., De Mulder, C., Wett, B., Bott, C. *et al.* (2017). Pinpointing wastewater and process parameters controlling the aob to nob activity ratio in sewage treatment plants. *Water Research*.
- Stock, M., Hoefman, S., Kerckhof, F., Boon, N., De Vos, P., Heylen, K., De Baets, B. & Waegeman, W. (2012). A kernel-based model to predict interaction between methanotrophic and heterotrophic bacteria. *Communications in agricultural and applied biological sciences*, 78(1):55–60.
- Stock, M., Hoefman, S., Kerckhof, F.-M., Boon, N., De Vos, P., De Baets, B., Heylen, K. & Waegeman, W. (2013). Exploration and prediction of interactions between methanotrophs and heterotrophs. *Research in microbiology*, 164(10):1045–1054.
- Tsilia, V., Devos, S., Rajkovic, A., Van de Wiele, T., Heyndrickx, M., Kerckhof, F.-M. & Devreese, B. (2016a). To poison or not?: a proteomic approach to quantify enterotoxins produced from *Bacillus cereus*. In *Symposium on Advances and Applications in Metaproteomics*. Max Planck Institute.
- Tsilia, V., Kerckhof, F.-M., Rajkovic, A., Heyndrickx, M. & Van de Wiele, T. (2016b). *Bacillus cereus* nvh 0500/00 can adhere to mucin but cannot produce enterotoxins during gastrointestinal simulation. *Applied and environmental microbiology*, 82(1):289–296.
- Tsilia, V., Uyttendaele, M., Kerckhof, F.-M., Rajkovic, A., Heyndrickx, M. & Van de Wiele, T. (2015). *Bacillus cereus* adhesion to simulated intestinal mucus is determined by its growth on mucin, rather than intestinal environmental parameters. *Foodborne pathogens and disease*, 12(11):904–913.
- Van den Abbeele, P., Belzer, C., Goossens, M., Kleerebezem, M., De Vos, W., Thas, O., De Weirtdt, R., Kerckhof, F.-M. & Van de Wiele, T. (2012a). Specific butyrate-producing clostridium cluster xiva species colonize the mucosal environment of a novel in vitro gut model. In *8th Joint symposium INRA-RRI on Gut Microbiology: Gut microbiota: friend or foe?*
- Van den Abbeele, P., Belzer, C., Goossens, M., Kleerebezem, M., De Vos, W., Thas, O., De Weirtdt, R., Kerckhof, F.-M. & Van de Wiele, T. (2012b). Specific clostridium cluster xiva species drive the mucosal butyrate production. In *Gut Day Symposium, 14th, Abstracts*.
- Van den Abbeele, P., Belzer, C., Goossens, M., Kleerebezem, M., De Vos, W. M., Thas, O., De Weirtdt, R., Kerckhof, F.-M. & Van de Wiele, T. (2013). Butyrate-producing clostridium cluster xiva species specifically colonize mucins in an in vitro gut model. *The ISME journal*, 7(5):949–961. URL <http://dx.doi.org/10.1038/ismej.2012.158>.

- van der Ha, D., Nachtergaele, L., Kerckhof, F.-M., Rameiyanti, D., Bossier, P., Verstraete, W. & Boon, N. (2012). Conversion of biogas to bioproducts by algae and methane oxidizing bacteria. *Environmental science & technology*, 46(24):13425–13431.
- Van Meervenne, E., Van Coillie, E., Kerckhof, F.-M., Devlieghere, F., Herman, L., De Gelder, L., Top, E. & Boon, N. (2012a). An environmental multiresistance plasmid can be transferred to foodborne pathogens. In *Microbial Ecology, 14th International symposium, Abstracts*.
- Van Meervenne, E., Van Coillie, E., Kerckhof, F.-M., Devlieghere, F., Herman, L., De Gelder, L., Top, E. & Boon, N. (2012b). An environmental multiresistance plasmid can be transferred to foodborne pathogens. In *FoodMicro 2012, Abstracts*.
- Van Meervenne, E., Van Coillie, E., Kerckhof, F.-M., Devlieghere, F., Herman, L., De Gelder, L. S., Top, E. M. & Boon, N. (2012c). Strain-specific transfer of antibiotic resistance from an environmental plasmid to foodborne pathogens. *BioMed Research International*, 2012.
- Vekeman, B., Kerckhof, F.-M., Cremers, G., de Vos, P., Vandamme, P., Boon, N., Op den Camp, H. J. & Heylen, K. (2016). New methyloceanibacter diversity from north sea sediments includes methanotroph containing solely the soluble methane monooxygenase. *Environmental microbiology*, 18(12):4523–4536.
- Zekker, I., Vlaeminck, S., Bagchi, S., Courtens, E., De Clippeleir, H., Kerckhof, F.-M. & Boon, N. (2012). Selecting nitrifying inocula on different ammonium concentrations. *Communications in agricultural and applied biological sciences*, 77(1):275–279.