

Gaëlle LELANDAIS

Professeure des Universités, Université Paris – Saclay

CURRICULUM VITAE

Née le 7 septembre 1978 (42 ans)

Nationalité Française

Mariée, 1 enfant

Tel : 06.15.44.52.16

Mèl: gaelle.lelandais@universite-paris-saclay.fr

Département de Biologie

Institut de Biologie Intégrative de la
Cellule (I2BC), CNRS UMR 9198

Bâtiment 21

Avenue de la Terrasse

91190 Gif-sur-Yvette Cedex

○ RESUME DES ACTIVITES

Recherche	Mots clés : Analyse de données ; Bioinformatique ; Techniques expérimentales haut débit (transcriptomique, protéomique); Génomique fonctionnelle des microorganismes (levures et champignons filamenteux).
<i>Production scientifique</i>	Auteur de 38 articles de journaux et 5 chapitres de livres ; 2 packages R disponibles sur https://cran.r-project.org/ (ARTIVA et bPeaks); 2 outils WEB (MiCoViTo et MitoGenesisDB); 2 applications WEB (bPeaks App et PIXEL Web App).
<i>Financements</i>	En cours : Partenaire de l'ANR SLIM pour le développement d'une méthode de quantification de la variation des abondances de protéines intactes, par spectrométrie de masse (2018 - 2021, 25 k€ pour le partenaire). Partenaire de l'ANR MinOmics pour le développement de réseaux biologiques large échelle (2019 – 2023, une thèse financée sur le sujet). Revenus annuels issus de la formation professionnelle (4 k€ en 2018 et 6 k€ en 2019). Passés : Partenaire de l'ANR CandiHub pour l'identification de nouveaux régulateurs de virulence des levures <i>Candida albicans</i> et <i>Candida glabrata</i> , par une approche de biologie des systèmes (2014 - 2018, 150 k€ pour le partenaire). Porteur d'un projet pilote pour l'analyse quantitative sans marquage (<i>label free</i>) de protéomes de levures en condition de stress (2014 - 2015, 3 k€).
<i>Encadrement scientifique</i>	En cours : Thèse de Nicolas Sénécaut (école doctorale FdV, depuis 2018) ; Thèse de Thibault Poinignon (école doctorale SDSV, depuis 2020). Passés : 1 post-doctorant (2008 - 2010); 2 doctorants (2010 – 2013 ; 2017 – 2020); 8 étudiants de Master 2 (entre 2007 et 2019); 2 étudiants de Master 1 (entre 2004 et 2006).

Enseignements	Mots clés : Statistiques appliqués à la biologie ; Bioinformatique ; Programmation R ; Génomique fonctionnelle ; Analyse de données "omiques".
<i>Licence</i>	"Initiation à l'algorithmique" (TD, L1 Science du vivant); "Génétique et biologie moléculaire" (TD, L1 Science du vivant); "Méthodologie scientifique" (TD, L1 Science du vivant); "Biostatistiques" (TD, L1 PACES); "Bioinformatique" (Cours, TD et TP, L3 ENS Cachan).
<i>Master</i>	"Modélisation des systèmes et réseaux biologiques" (Responsable de l'option , Cours et TP, M1 Bioinformatique); "Analyse de données génomiques" (Responsable de l'option , Cours et TP, M2 Bioinformatique); "Atelier NGS" (Cours et TP, M2 Bioinformatique).
<i>Formation professionnelle</i>	Co-fondatrice du diplôme universitaire "Création, analyse et valorisation de données omiques" https://omics-school.net/ (120 heures sur une année).

○ PARCOURS PROFESSIONNEL

Professeure des universités	Nommée en 2016 à l'Université Paris Sud, Département de Biologie, Science du Vivant.
<i>depuis 2019</i>	Rattachement à l'Institut de Biologie Intégrative de la Cellule (I2BC). CNRS UMR 9198. Gif / Orsay. Equipe de Fabienne MALAGNAC "Epigénétique et Développement chez les Champignons".
<i>2016 - 2019</i>	Rattachement à l'Institut de Biologie Intégrative de la Cellule (I2BC). CNRS UMR 9198. Gif / Orsay. Equipe de Olivier LESPINET "Bioinformatique Moléculaire".
Maître de conférences	Nommée en 2006 à l'Université Paris Diderot - Paris 7, UFR des Sciences du Vivant.
<i>2012 - 2016</i>	Rattachement à l'Institut Jacques Monod (IJM). CNRS UMR 7592. Paris. Equipe de Jean-Michel CAMADRO "Mitochondries, métaux et stress oxydatif".
<i>2006 - 2012</i>	Rattachement à l'équipe Dynamique des Structures et des Interactions des Macromolécules Biologiques (DSIMB). INSERM U665. Paris. Direction de l'équipe par Catherine ETCHEBEST.
ATER	Demi-poste à l'université Paris Diderot - Paris 7, UFR des Sciences du Vivant.
<i>2005 - 2006</i>	Rattachement à l'Equipe de Bioinformatique Génomique et Moléculaire (EBGM). INSERM U726. Paris. Direction de l'unité par Catherine ETCHEBEST.

Doctorat	Bourse ministérielle MENRT, Ecole Doctorale Biochimie et Biologie Moléculaire (B2M, Université Paris Diderot - Paris 7).
2002 - 2005	Travaux de thèse réalisés au LGM (CNRS UMR 8541). Ecole Normale Supérieures (Ulm, Paris). Direction de la thèse par Claude JACQ.

○ PUBLICATIONS

- | | |
|-------------|---|
| 2020 | 1. Functional networks of co-expressed genes to explore iron homeostasis processes in the pathogenic yeast <i>Candida glabrata</i>. Denecker T, Zhou Li Y, Fairhead C, Budin K, Camadro JM, Bolotin-Fukuhara M, Angoulvant A, <u>Lelandais G</u> . NAR Genomics and Bioinformatics - 10.1093/nargab/lqaa027 |
| 2019 | 2. Label-free quantitative proteomics in <i>Candida</i> yeast species: technical and biological replicates to assess data reproducibility. <u>Lelandais G</u> , Denecker T, Garcia C, Danila N, Léger T, Camadro JM. BMC Res Notes. 2019 Aug 1;12(1):470. doi: 10.1186/s13104-019-4505-8.
3. Pixel: a content management platform for quantitative omics data. Denecker T, Durand W, Maupetit J, Hébert C, Camadro JM, Poulain P, <u>Lelandais G</u> . PeerJ. 2019 Mar 27;7:e6623. doi: 10.7717/peerj.6623. eCollection 2019. |
| 2018 | 4. Comparative Transcriptomics Highlights New Features of the Iron Starvation Response in the Human Pathogen <i>Candida glabrata</i>. Benchouaia M, Ripoche H, Sissoko M, Thiébaut A, Merhej J, Delaveau T, Fasseu L, Benaissa S, Lorieux G, Jourden L, Le Crom S, <u>Lelandais G</u> , Corel E, Devaux F. Front Microbiol. 2018 Nov 16;9:2689. doi: 10.3389/fmicb.2018.02689. eCollection 2018.
5. Empowering the detection of ChIP-seq "basic peaks" (bPeaks) in small eukaryotic genomes with a web user-interactive interface. Denecker T, <u>Lelandais G</u> . BMC Res Notes. 2018 Oct 4;11(1):698. doi: 10.1186/s13104-018-3802-y. |
| 2017 | 6. Meet-U: Educating through research immersion. Abdollahi N, Albani A, Anthony E, Baud A, Cardon M, Clerc R, Czernecki D, Conte R, David L, Delaune A, Djerroud S, Fourgoux P, Guiglielmoni N, Laurentie J, Lehmann N, Lochard C, Montagne R, Myrodia V, Opuu V, Parey E, Polit L, Privé S, Quignot C, Ruiz-Cuevas M, Sissoko M, Sompairac N, Vallerix A, Verrecchia V, Delarue M, Guérois R, Ponty Y, Sacquin-Mora S, Carbone A, Froidevaux C, Le Crom S, Lespinet O, Weigt M, Abboud S, Bernardes J, Bouvier G, Dequeker C, Ferré A, Fuchs P, <u>Lelandais G</u> , Poulain P, Richard H, Schweke H, Laine E, Lopes A. PLoS Comput Biol. 2018 Mar 15;14(3):e1005992. doi: 10.1371/journal.pcbi.1005992. eCollection 2018 Mar.
7. The CCAAT-Binding Complex Controls Respiratory Gene Expression and Iron Homeostasis in <i>Candida Glabrata</i>. Thiébaut A, Delaveau T, Benchouaia M, Boeri J, Garcia M, <u>Lelandais G</u> , Devaux F. Sci Rep. 2017 Jun 14;7(1):3531. doi: 10.1038/s41598-017-03750-5.
8. Acclimation of a low iron adapted <i>Ostreococcus</i> strain to iron limitation through cell biomass lowering. Botebol H, <u>Lelandais G</u> , Six C, Lesuisse E, Meng A, Bittner L, Lecrom S, Sutak R, Lozano JC, Schatt P, Vergé V, Blain |

- S, Bouget FY. Sci Rep. 2017 Mar 23;7(1):327. doi: 10.1038/s41598-017-00216-6.
- 2016**
9. **Tma108, a putative M1 aminopeptidase, is a specific nascent chain-associated protein in *Saccharomyces cerevisiae*.** Delaveau T, Davoine D, Jolly A, Vallot A, Rouvière JO, Gerber A, Brochet S, Plessis M, Roquigny R, Merhej J, Leger T, Garcia C, Lelandais G, Laine E, Palancade B, Devaux F, Garcia M. Nucleic Acids Res. 2016 Oct 14;44(18):8826-8841. Epub 2016 Aug 31.
 10. **A Network of Paralogous Stress Response Transcription Factors in the Human Pathogen *Candida glabrata*.** Merhej J, Thiebaut A, Blugeon C, Pouch J, Ali Chaouche Mel A, Camadro JM, Le Crom S, Lelandais G, Devaux F. Front Microbiol. 2016 May 9;7:645. doi: 10.3389/fmicb.2016.00645. eCollection 2016.
 11. ***Ostreococcus tauri* is a new model green alga for studying iron metabolism in eukaryotic phytoplankton.** Lelandais G, Scheiber I, Paz-Yepes J, Lozano JC, Botebol H, Pilátová J, Žárský V, Léger T, Blaiseau PL, Bowler C, Bouget FY, Camadro JM, Sutak R, Lesuisse E. BMC Genomics. 2016 May 3;17:319. doi: 10.1186/s12864-016-2666-6.
 12. **ChIPseq in Yeast Species: From Chromatin Immunoprecipitation to High-Throughput Sequencing and Bioinformatics Data Analyses.** G. Lelandais, C. Blugeon, J. Merhej. Methods Mol Biol. 2016;1361:185-202. doi: 10.1007/978-1-4939-3079-1_11. PMID: 26483023
- 2015**
13. **Fermentation and Alternative Respiration Compensate for NADH Dehydrogenase Deficiency in a Prokaryotic Model of DJ-1 Associated Parkinsonism.** N. Messaoudi, V. Gautier, J. Dairou, M. Mihoub, G. Lelandais, P. Bouloc, A. Landoulsi, G. Richarme. Microbiology. 2015 Sep 15. doi: 10.1099/mic.0.000181
 14. **Yap7 is a Transcriptional Repressor of Nitric Oxide Oxidase in Yeasts, which arose from Neofunctionalization after Whole Genome Duplication.** J. Merhej, T. Delaveau, J. Guitard, B. Palancade, C. Hennequin, M. Garcia, G. Lelandais, F. Devaux. Mol Microbiol. 2015 Mar 2. doi: 10.1111/mmi.12983.
 15. **The metacaspase Mca1p has a dual role in farnesol-induced apoptosis in *Candida albicans*.** T. Léger, C. Garcia, M. Ounissi, G. Lelandais, JM. Camadro. Mol Cell Proteomics, 2015 Jan;14(1):93-108. doi: 10.1074/mcp.M114.041210. Epub 2014 Oct 27.
- 2014**
16. **bPeaks: a bioinformatics tool to detect transcription factor binding sites from ChIPseq data in yeasts and other organisms with small genomes.** J. Merhej, A. Frigo, S. Le Crom, JM. Camadro, F. Devaux and G. Lelandais. Yeast, 2014 Oct;31(10):375-91. doi: 10.1002/yea.3031. Epub 2014 Jul 28.
- 2013**
17. **Global stress response in prokaryotic model of DJ-1 associated Parkinsonism.** N. Messaoudi, V. Gautier, F. Kthiri, G. Lelandais, M. Mihoub, D. Joseleau-Petit, T. Caldas, C. Bohn, L. Tolosa, G. Rao, K. Tao, A. Landoulsi, P. Bouloc, G. Richarme. J Bacteriol. 2013 Jan 4.

- | | |
|-------------|--|
| 2012 | <p>18. Role of the Yap family in the transcriptional response to oxidative stress in yeasts. C. Goudot, F. Devaux and <u>G. Lelandais</u>. Oxidative Stress – Molecular Mechanisms and Biological Effects, ISBN: 978-953-51-0554-1.</p> <p>19. RNA sequencing revealed novel actors of the acquisition of drug resistance in <i>Candida albicans</i>. S. Dhamgaye, M. Bernard, <u>G. Lelandais</u>, O. Sismeiro, S. Lemoine, J.Y. Coppée, S. Le Crom, R. Prasad, F. Devaux. BMC Genomics. 2012 Aug 16;13(1):396.</p> |
| 2011 | <p>20. Recovering genetic network from continuous data with Dynamic Bayesian Networks. <u>G. Lelandais</u> and S. Lèbre. Handbook of Statistical Systems Biology (eds M. P. H. Stumpf, D. J. Balding and M. Girolami), John Wiley & Sons, Ltd, Chichester, UK. doi: 10.1002/9781119970606.ch12.</p> <p>21. Transcriptomic Analyses during the Transition from Biomass Production to Lipid Accumulation in the Oleaginous Yeast <i>Yarrowia lipolytica</i>. N. Morin, J. Cescut, A. Beopoulos, <u>G. Lelandais</u>, V. Le Berre, J.L. Uribe Larrea, C. Molina-Jouve, J.M. Nicaud. PLoS One. 2011;6(11):e27966. Epub 2011 Nov 22.</p> <p>22. The evolution of gene expression regulatory networks in yeasts. <u>G. Lelandais</u>, C. Goudot, F. Devaux. C R Biol. 2011 Aug-Sep;334(8-9):655-61. Epub 2011 Jul 2.</p> <p>23. The Reconstruction of Condition-Specific Transcriptional Modules Provides New Insights in the Evolution of Yeast AP-1 Proteins. C. Goudot, C. Etchebest, F. Devaux, <u>G. Lelandais</u>. PLoS One. 2011;6(6):e20924. Epub 2011 Jun 9.</p> <p>24. MitoGenesisDB: an expression data mining tool to explore spatio-temporal dynamics of mitochondrial biogenesis. J.C. Gelly, M. Orgeur, C. Jacq, <u>G. Lelandais</u>. Nucleic Acids Res. 2011 Jan;39(Database issue):D1079-84. Epub 2010 Sep</p> |
| 2010 | <p>25. Comparative transcriptomics of drought responses in Populus: a meta-analysis of genome-wide expression profiling in mature leaves and root apices across two genotypes. D. Cohen, M.B. Bogeat-Triboulot, E. Tisserant, S. Balzergue, M.L. Martin-Magniette, <u>G. Lelandais</u>, N. Ningre, J.P. Renou, J.P. Tamby, D. Le Thiec, I. Hummel. BMC Genomics. 2010 Nov 12;11:630.</p> <p>26. Posttranscriptional control of mitochondrial biogenesis: Spatio-temporal regulation of the protein import process. F. Devaux, <u>G. Lelandais</u>, M. Garcia, S. Goussard, C. Jacq. FEBS Lett. 2010 Oct 22;584(20):4273-9. Epub 2010 Sep 26. Review.</p> <p>27. Statistical inference of the time-varying structure of gene regulation networks. S. Lèbre, J. Becq, F. Devaux, M.P. Stumpf, <u>G. Lelandais</u>. BMC Syst Biol. 2010 Sep 22;4(1):130.</p> <p>28. Comparative Functional Genomics of Stress Responses in Yeasts. <u>G. Lelandais</u>, F. Devaux. OMICS 2010 Aug 9.</p> <p>29. Comparative analysis of missing value imputation methods to improve clustering and interpretation of microarray experiments. M. Celton, A. Malpertuy, <u>G. Lelandais</u>, A. G de Brevern. BMC Genomics. 2010 Jan 7;11:15.</p> |
| 2009 | <p>30. Spatio-temporal dynamics of yeast mitochondrial biogenesis: transcriptional and post-transcriptional mRNA oscillatory modules. <u>G.</u></p> |

- Lelandais, Y. Saint-Georges, C. Geneix, L. Al-Shikhley, G. Dujardin, C. Jacq. PLoS Comput Biol. 2009 Jun;5(6):e1000409. Epub 2009 Jun 12.
- 2008**
31. **Modeling a Regulatory Network Using Temporal Gene Expression Data: Why and How?** S. Lèbre and G. Lelandais. In Automation in Genomics and Proteomics: An Engineering Case-Based Approach: MIT and Harvard interdisciplinary special studies courses (R. Benson, G. Alterovitz and M. Ramoni, ed.). ISBN: 978-0-470-72723-2.
 32. **Genome Adaptation to Chemical Stress: Clues from Comparative Transcriptomics in *Saccharomyces cerevisiae* and *Candida glabrata*.** G. Lelandais, V. Tanty, C. Geneix, C. Etchebest, C. Jacq and F. Devaux. Genome Biol. 2008;9(11):R164. Epub 2008 Nov 24.
 33. **Structure and Properties of Transcriptional Networks Driving Selenite Stress Response in Yeasts.** H. Salin, V. Fardeau, E. Piccini, G. Lelandais, V. Tanty, S. Lemoine, C. Jacq and F. Devaux. BMC Genomics. 2008 Jul 15;9:333.
 34. **Bounded List Injective Homomorphism for Comparative Analysis of Protein-Protein Interaction Graphs.** I. Fagnot, G. Lelandais and S. Vialette. Journal of Discrete Algorithms. Volume 6, Issue 2, June 2008, Pages 178-191.
 35. **Responses of pathogenic and nonpathogenic yeast species to steroids reveal the functioning and evolution of multidrug resistance transcriptional networks.** D. Banerjee, G. Lelandais, S. Shukla, G. Mukhopadhyay, C. Jacq, F. Devaux and R. Prasad. Eukaryot Cell. 2008 Jan;7(1):68-77. Epub 2007 Nov 9.
- 2007**
36. **Clustering Gene Expression Data Using Graph Separators.** B. Kaba, N. Pinet, G. Lelandais, A. Sigayret, A. Berry. In Silico Biol. In Silico Biol. 2007;7(4-5):433-52.
 37. **The Central Role of PDR1 in the Foundation of Yeast Drug Resistance.** V. Fardeau, G. Lelandais, A. Oldfield, H. Salin, S. Lemoine, M. Garcia, V. Tanty, S. Le Crom, C. Jacq, and F. Devaux. J Biol Chem. 2007 Feb 16;282(7):5063-74. Epub 2006 Dec 11.
- 2006**
38. **Cross-Species Comparison Using Expression Data.** G. Lelandais and S. Le Crom. Introduction to Systems Biology (Book, Editor: Sangdun Choi) Humana Press Inc. ISBN: 978-1-58829-706-8.
 39. **Comparing Gene Expression Networks in a Multi-Dimensional Space to Extract Similarities and Differences between Organisms.** G. Lelandais, P. Vincens, A. Badel-Chagnon, S. Vialette, C. Jacq and S. Hazout. Bioinformatics 2006 Jun 1;22(11):1359-66.
- 2005**
40. **The Early Expression of Yeast Genes Affected by Chemical Stress.** A. Lucau-Danila*, G. Lelandais*, Z. Kozovska, V. Tanty, T. Delaveau, F. Devaux and C. Jacq, (*equal contributors). Mol Cell Biol. 2005 Mar;25(5):1860-8.
- 2004**
41. **MiCoViTo : a Tool for Gene-Centric Comparison and Visualization of Yeast Transcriptome States.** G. Lelandais, P. Marc, P. Vincens, C. Jacq and S. Vialette. BMC Bioinformatics. 2004 Mar 03;5(1):20.
 42. **yMGV: a Cross-Species Expression Data Mining Tool.** G. Lelandais, S. Le Crom, F. Devaux, S. Vialette, G.M. Church, C. Jacq and P. Marc. Nucleic Acids Res. 2004 Jan 1;32 Database issue:D323-5.

2003

43. **Competitive Promoter-Occupancy by two Yeast Paralogous Transcription Factors Controlling the Multi-Drug Resistance Phenomenon.** A. Lucau-Danila, T. Delaveau, G. Lelandais, F. Devaux and C. Jacq. J Biol Chem. 2003 Dec 26;278(52):52641-50. Epub 2003 Sep 25.