

## ► DIPLÔMES ET FORMATION INITIALE

- 2016 **Doctorat en Modèles, Méthodes et Algorithmes en Biologie, Santé et Environnement**, Université Grenoble-Alpes, Grenoble.
- 2012-2016 Thèse de doctorat, label de formation "Recherche et Enseignement Supérieur".
- 2011 **Master Écologie, Biodiversité, Évolution**, Université Pierre et Marie Curie, Paris.  
Parcours "Écologie Évolutive".
- 2010-2011 Master 2 Écologie, Biodiversité, Évolution, École Normale Supérieure d'Ulm/Université Pierre et Marie Curie, parcours "Écologie évolutive".
- 2009-2010 Année de césure, École Normale Supérieure d'Ulm, deux stages de recherche scientifique à l'étranger.
- 2008-2009 Master 1 Écologie et Évolution, École Normale Supérieure.
- 2008 **Licence de Biologie**, École Normale Supérieure d'Ulm, Paris.
- 2007-2008 Année de licence 3 en Biologie à l'École Normale Supérieure d'Ulm.
- 2005-2007 Classe préparatoire BCPST (Biologie, Chimie, Physique, Sciences de la Terre) au Lycée Carnot (Dijon).
- 2005 **Baccalauréat général, section S**, Lycée Charles de Gaulle, Dijon.

## ► EXPÉRIENCE DE RECHERCHE

- Depuis Sep. 2019 **Maître de conférence**, École Pratique des Hautes Études (EPHE), Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB), Muséum National d'Histoire Naturelle, Paris, France.
- Jan. 2018 – Sep. 2019 **Post-doctorat**, Centre d'Écologie Fonctionnelle et Évolutive, CNRS, Montpellier, France.  
Encadrant : Luis-Miguel Chevin  
Adaptation avec fluctuation de la sélection : approches génomiques et phénotypiques en populations naturelles.
- Mai 2017 – Juil. 2019 **Consultant scientifique à distance**, Centre d'Investigation Clinique, CHU, Nancy, France.  
Consultant scientifique pour Dr. Nicolas Girerd sur l'étude par génétique quantitative de la cohorte STANISLAS.
- Sep. 2016 –  
Décembre 2017 **Post-doctorat, 16 mois**, University of Auckland, Auckland, New Zealand.  
Encadrants : Anna Santure et Patricia Brekke.  
Prédire le potentiel adaptatif d'une espèce menacée néo-zélandaise, le hihi (*Notiomystis cincta*) à l'aide d'outils de la génomique et de la génétique quantitative.
- Mars – Juil. 2016 **Post-doctorat, 5 mois**, Laboratoire d'Écologie Alpine, Université Grenoble – Alpes, Grenoble, France.  
Encadrant : François Pompanon.  
Patrons adaptatifs génétiques et épigénétique chez deux espèces domestiquées : le mouton (*Ovis aries*) et la chèvre (*Capra hircus*).
- Jan. 2012 –  
Jan. 2016 **Thèse de doctorat**, Laboratoire d'Écologie Alpine (LECA), Université Joseph Fourier, Grenoble, France.  
Directeurs : Oscar Gaggiotti et Irène Till-Bottraud.  
Méthodes pour l'étude de l'adaptation locale et application au contexte de l'adaptation aux conditions d'altitude chez la plante alpine *Arabis alpina*.
- Jan. – Déc. 2011 **Stage de recherche, 11 mois**, Laboratoire de biométrie et biologie évolutive (LBBE), Université Claude Bernard, Lyon, France.  
Encadrant : Blandine Doligez et Olivier Gimenez.  
Modèles et méthodes pour l'estimation de l'héritabilité des traits binaires en populations naturelles : une étude par simulation et une étude de cas sur l'âge à première reproduction chez le gobe-mouche à collier (*Ficedula albicollis*).
- Jan. – Juin 2010 **Stage de recherche, 5 mois**, Simon Blomberg's Lab, University of Queensland, Brisbane, Australia.  
Encadrant : Simon Blomberg.  
Approches bayésiennes pour l'intégration de l'incertitude phylogénétique dans les analyses comparatives.

- Août – Déc. 2010** **Stage de recherche, 5 mois**, *Groupe de recherche sur l'Écologie et le Comportement Animal (GRECA), Université du Québec à Montréal (UQÀM), Montréal, Canada.*  
 Encadrant : Luc-Alain Giraldeau.  
 Étude de la personnalité animale dans le contexte de la sélection sexuelle et des stratégies d'approvisionnement.
- Fév. – Juin 2009** **Stage de recherche, 4 mois**, *David Reznick's Lab, University of California – Riverside, Riverside, California (U.S.A.).*  
 Encadrant : Andrés Lopèz-Sepulcre.  
 Réponse fonctionnelle de prédation avec compétition intra- et inter-spécifique.
- Juin – Juil. 2008** **Stage de recherche, 2 mois**, *Laboratoire Écologie, Systématique, Évolution (ESE), Université Paris-Sud, Orsay, France.*  
 Encadrant : Jean-Michel Guillon.  
 Évolution de la dispersion et du sex-ratio dans un environnement spatialement et temporellement variable.

## ► INTÉRÊTS DE RECHERCHE

- Génétique de l'Adaptation
- Génétique des populations
- Écologie évolutive
- Génétique quantitative

## ► COMPÉTENCES

### SCIENTIFIQUES

- |  |  |
|--|--|
| <b>Biologie</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>● Biologie évolutive</li> <li>● Génétique des populations</li> <li>● Génétique quantitative</li> <li>● Écologie</li> <li>● Analyses comparatives phylogénétiques</li> </ul> | <b>Mathématiques</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>● Probabilités</li> <li>● Algèbre linéaire</li> <li>● Analyse</li> </ul> |
|--|--|

### STATISTIQUES / INFORMATIQUES

- |   |  |
|---|--|
| <b>Statistiques</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>● Statistiques bayésiennes</li> <li>● Modélisation statistique</li> <li>● Génétique statistique</li> </ul> | <b>Bioinformatique et traitement de données</b> <ul style="list-style-type: none"> <li>● R, Awk, BASH Shell</li> <li>● SAMtools, FASTQC, BWA, Blast, FreeBayes, Stacks, Gowinda, simuPOP</li> <li>● C/C++, Python, Matlab</li> </ul> |
| <b>Systèmes</b> GNU/Linux, MacOS X, Windows   | <b>Bureautique</b> L <sup>A</sup> T <sub>E</sub> X, HTML, LibreOffice/Office   |

### LANGUES

- |                                   |                        |
|-----------------------------------|------------------------|
| <b>Français</b> Langue maternelle | <b>Anglais</b> Courant |
|-----------------------------------|------------------------|

## ► PUBLICATIONS

### ARTICLES DE RECHERCHE

- Ecol. Lett.* ANDRELLO, M., **P. de VILLEMEREUIL**, M. CARBONI, D. BUSSON, M.-J. FORTIN, O. E. GAGGIOTTI et I. TILL-BOTTRAUD (2020). Accounting for stochasticity in demographic compensation along the elevational range of an alpine plant. *Ecol. Lett.* 23.5, p. 870-880. DOI : 10.1111/e1e.13488.
- Proc. Natl. Acad. Sci.* **De VILLEMEREUIL, P.**, A. CHARMANTIER, D. ARLT, P. BIZE, P. BREKKE, L. BROUWER, A. COCKBURN, S. D. CÔTÉ, F. S. DOBSON, S. R. EVANS, M. FESTA-BIANCHET, M. GAMELON, S. HAMEL, J. HEGELBACH, K. JERSTAD, B. KEMPENAERS, L. E. B. KRUK, J. KUMPULA, T. KVALNES, A. G. McADAM, S. E. McFARLANE, M. B. MORRISSEY, T. PÄRT, J. M. PEMBERTON, A. QVARNSTRÖM, O.-W. RØSTAD, J. SCHROEDER, J. C. SENAR, B. C. SHELDON, M. van de POL, M. E. VISSER, N. T. WHEELWRIGHT, J. TUFTO et L.-M. CHEVIN (2020a). Fluctuating optimum and temporally variable selection on breeding date in birds and mammals. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 117.50, p. 31969-31978. DOI : 10.1073/pnas.2009003117.
- J. Ecol.* **De VILLEMEREUIL, P.**, O. E. GAGGIOTTI et J. GOUDET (2020b). Common garden experiments to study local adaptation need to account for population structure. *J. Ecol.* n/a.n/a. DOI : 10.1111/1365-2745.13528.

- Proc. R. Soc. B Biol. Sci.* DUNTSCH, L., B. M. TOMOTANI, **P. de VILLEMEREUIL**, P. BREKKE, K. D. LEE, J. G. EWEN et A. W. SANTURE (2020). Polygenic basis for adaptive morphological variation in a threatened Aotearoa | New Zealand bird, the hihi (*Notiomystis cincta*). *Proc. R. Soc. B Biol. Sci.* 287.1933, p. 20200948. DOI : 10.1098/rspb.2020.0948.
- Evol. Ecol.* RUTSCHMANN, A., **P. de VILLEMEREUIL**, P. BREKKE, J. G. EWEN, N. ANDERSON et A. W. SANTURE (2020a). Consequences of space sharing on individual phenotypes in the New Zealand hihi. *Evol. Ecol.* 34.5, p. 821-839. DOI : 10.1007/s10682-020-10063-z.
- Ecol. Evol.* RUTSCHMANN, A., D. ROZEN-RECHELS, A. DUPOUÉ, P. BLAIMONT, **P. de VILLEMEREUIL**, D. MILES, M. RICHARD et J. CLOBERT (2020b). Climate dependent heating efficiency in the common lizard. *Ecol. Evol.* 10.15, p. 8007-8017. DOI : 10.1002/ece3.6241.
- Biol. J. Linn. Soc.* SALLOUM, P., **P. de VILLEMEREUIL**, A. W. SANTURE, J. M. WATERS et S. D. LAVERY (2020). Hitchhiking consequences for genetic and morphological patterns : the influence of kelp rafting on a brooding chiton. *Biol. J. Linn. Soc.* 130.4, p. 756-770. DOI : 10.1093/biolinnean/blaa073.
- J. Anim. Breed. Genet.* **De VILLEMEREUIL, P.** (2019). On the relevance of Bayesian statistics and MCMC for animal models. *J. Anim. Breed. Genet.* 136.5, p. 339-340. DOI : 10.1111/jbg.12426.
- Evol. Appl.* **De VILLEMEREUIL, P.**, A. RUTSCHMANN, J. G. EWEN, A. W. SANTURE et P. BREKKE (2019a). Can threatened species adapt in a restored habitat? No expected evolutionary response in lay date for the New Zealand hihi. *Evol. Appl.* 12.3, p. 482-497. DOI : 10.1111/eva.12727.
- Current Biology* **De VILLEMEREUIL, P.**, A. RUTSCHMANN, K. D. LEE, J. G. EWEN, P. BREKKE et A. W. SANTURE (2019b). Little adaptive potential in a threatened passerine bird. *Current Biology* 29.5, 889-894.e3. DOI : 10.1016/j.cub.2019.01.072.
- Evolution* LEGRICE, R. J., G. TEZANOS-PINTO, **P. de VILLEMEREUIL**, G. I. HOLWELL et C. J. PAINTING (2019). Directional selection on body size but no apparent survival cost to being large in wild New Zealand giraffe weevils. *Evolution* 73.4, p. 762-776. DOI : 10.1111/evo.13698.
- Syst. Biol.* NAKAGAWA, S. et **P. de VILLEMEREUIL** (2019). A general method for simultaneously accounting for phylogenetic and species sampling uncertainty via Rubin's rules in comparative analysis. *Syst. Biol.* 68.4, p. 632-641. DOI : 10.1093/sysbio/syy089 **Les deux auteurs sont co-premiers auteurs.**
- Eur. J. Prev. Cardiol.* XHAARD, C., C. DANDINE-ROULLAND, **P. de VILLEMEREUIL**, E. L. FLOCH, D. BACQ-DAIAN, J.-L. MACHU, J. P. FERREIRA, J.-F. DELEUZE, F. ZANNAD, P. ROSSIGNOL et N. GIRERD (2019). Heritability of a resting heart rate in a 20-year follow-up family cohort with GWAS data : Insights from the STANISLAS cohort : *Eur. J. Prev. Cardiol.* DOI : 10.1177/2047487319890763.
- Nat. Commun.* ALBERTO, F. J., F. BOYER, P. OROZCO-TERWENGEL, I. STREETER, B. SERVIN, **P. de VILLEMEREUIL**, B. BENJELLOUN, P. LIBRADO, F. BISCARINI, L. COLLI, M. BARBATO, W. ZAMANI, A. ALBERTI, S. ENGELEN, A. STELLA, S. JOOST, P. AJMONE-MARSAN, R. NEGRINI, L. ORLANDO, H. R. REZAEI, S. NADERI, L. CLARKE, P. FLICEK, P. WINCKER, E. COISSAC, J. KIJAS, G. TOSSER-KLOPP, A. CHIKHI, M. W. BRUFORD, P. TABERLET et F. POMPANON (2018). Convergent genomic signatures of domestication in sheep and goats. *Nat. Commun.* 9.1, p. 813. DOI : 10.1038/s41467-018-03206-y.
- Ann. N. Y. Acad. Sci.* **De VILLEMEREUIL, P.** (2018). Quantitative genetics methods depending on the nature of the phenotypic trait. *Ann. N. Y. Acad. Sci.* The Year in Evolutionary Biology 1422.1, p. 29-47. DOI : 10.1111/nyas.13571.
- J. Evol. Biol.* **De VILLEMEREUIL, P.**, M. B. MORRISSEY, S. NAKAGAWA et H. SCHIELZETH (2018a). Fixed-effect variance and the estimation of repeatabilities and heritabilities : issues and solutions. *J. Evol. Biol.* 31.4, p. 621-632. DOI : 10.1111/jeb.13232.
- J. Ecol.* **De VILLEMEREUIL, P.**, M. MOUTERDE, O. E. GAGGIOTTI et I. TILL-BOTTRAUD (2018b). Patterns of phenotypic plasticity and local adaptation in the wide elevation range of the alpine plant *Arabis alpina*. *J. Ecol.* 106.5, p. 1952-1971. DOI : 10.1111/1365-2745.12955.

- Trends Neurosci. Educ.* GARAMSZEGI, L. Z. et **P. de VILLEMEREUIL (2017)**. Perturbations on the uniform distribution of p-values can lead to misleading inferences from null-hypothesis testing. *Trends Neurosci. Educ.* 8-9, p. 18-27. DOI : 10.1016/j.tine.2017.10.001.
- Heredity* **De VILLEMEREUIL, P.**, O. E. GAGGIOTTI, M. MOUTERDE et I. TILL-BOTTRAUD (2016a). Common garden experiments in the genomic era : new perspectives and opportunities. *Heredity* 116.3, p. 249-254. DOI : 10.1038/hdy.2015.93.
- Genetics* **De VILLEMEREUIL, P.**, H. SCHIELZETH, S. NAKAGAWA et M. B. MORRISSEY (2016b). General methods for evolutionary quantitative genetic inference from generalised mixed models. *Genetics* 204.3, p. 1281-1294. DOI : 10.1534/genetics.115.186536.
- New Phytol.* TILL-BOTTRAUD, I. et **P. de VILLEMEREUIL (2016)**. Kin recognition or phenotype matching? *New Phytol.* 209.1, p. 13-14. DOI : 10.1111/nph.13554.
- J. Theor. Biol.* AGUILÉE, R., **P. de VILLEMEREUIL** et J.-M. GUILLON (2015). Dispersal evolution and resource matching in a spatially and temporally variable environment. *J. Theor. Biol.* 370, p. 184-196. DOI : 10.1016/j.jtbi.2015.01.018.
- Methods Ecol. Evol.* **De VILLEMEREUIL, P.** et O. E. GAGGIOTTI (2015). A new FST-based method to uncover local adaptation using environmental variables. *Methods Ecol. Evol.* 6.11, p. 1248-1258. DOI : 10.1111/2041-210X.12418.
- Heredity* FRICHOT, É., S. D. SCHOVILLE, **P. de VILLEMEREUIL**, O. E. GAGGIOTTI et O. FRANÇOIS (2015). Detecting adaptive evolution based on association with ecological gradients : Orientation matters! *Heredity* 115.1, p. 22-28. DOI : 10.1038/hdy.2015.7.
- Mol. Ecol.* **De VILLEMEREUIL, P.**, É. FRICHOT, É. BAZIN, O. FRANÇOIS et O. E. GAGGIOTTI (2014). Genome scan methods against more complex models : when and how much should we trust them ? *Mol. Ecol.* 23.8, p. 2006-2019. DOI : 10.1111/mec.12705.
- Methods Ecol. Evol.* **De VILLEMEREUIL, P.**, O. GIMENEZ et B. DOLIGEZ (2013). Comparing parent-offspring regression with frequentist and Bayesian animal models to estimate heritability in wild populations : a simulation study for Gaussian and binary traits. *Methods Ecol. Evol.* 4.3, p. 260-275. DOI : 10.1111/2041-210X.12011.
- BMC Evol. Biol.* **De VILLEMEREUIL, P.**, J. A. WELLS, R. D. EDWARDS et S. P. BLOMBERG (2012). Bayesian models for comparative analysis integrating phylogenetic uncertainty. *BMC Evol. Biol.* 12.1, p. 102. DOI : 10.1186/1471-2148-12-102.
- Ecol. Model.* **De VILLEMEREUIL, P.** et A. LÓPEZ-SEPULCRE (2011). Consumer functional responses under intra- and inter-specific interference competition. *Ecol. Model.* 222.3, p. 419-426. DOI : 10.1016/j.ecolmodel.2010.10.011.

## CHAPITRES DE LIVRE

**De VILLEMEREUIL, P.** et S. NAKAGAWA (2014). General Quantitative Genetic Methods for Comparative Biology. *Modern Phylogenetic Comparative Methods and Their Application in Evolutionary Biology*. Sous la dir. de L. Z. GARAMSZEGI. Berlin, Heidelberg : Springer Berlin Heidelberg, p. 287-303.

MORRISSEY, M. B., **P. de VILLEMEREUIL**, B. DOLIGEZ et O. GIMENEZ (2014). Bayesian approaches to the quantitative genetic analysis of natural populations. *Quantitative Genetics in the Wild*. Sous la dir. d'A. CHARMANTIER, D. GARANT et L. E. KRUK. Oxford (UK) : Oxford University Press, p. 228-253.

## REVUE CRITIQUE

- Nombre** En moyenne, une dizaine de revues critiques de manuscrits scientifiques effectuées chaque année.
- Journaux** *Proceedings of the Royal Society B, Molecular Ecology, Ecology Letters, Evolution Letters, New Phytologist, Systematic Biology, Molecular Ecology Resources, Methods in Ecology and Evolution, Evolution, PCI Evolutionary Biology, Heredity, Evolutionary Applications, PLoS ONE, Frontiers in Ecology and Evolution, Journal of Heredity, Journal of Theoretical Biology, Behavioural Ecology and Sociobiology, Annals of Botany, Journal of Animal Breeding & Genetics, Tree Genetics & Genomes.*

## ► DÉVELOPPEMENT DE LOGICIELS

- 2015 **BayeScEnv**, Logiciel pour détecter des locus du génome sous sélection.  
<https://github.com/devillemereuil/bayescenv/>
- 2016 **QGglm**, Paquet R pour calculer les paramètres de génétique quantitative suite à des inférences par GLMM.  
<https://github.com/devillemereuil/qgglm/>

## ► COMMUNICATIONS SCIENTIFIQUES

### ORAL

- Décembre 2019 **Séminaire invité**, *Équipe VPA (iEES)*, Sorbonne Université, Paris.  
Présentation des travaux précédents.
- Décembre 2019 **Séminaire invité**, *Équipe SMILE*, Collège de France, Paris.  
A brief checkup on the genome scan methods to detect local adaptation.
- Novembre 2019 **Symposium**, *GDR Plasticité phénotypique*, MNHN, Paris.  
Stress response syndrom as an adaptation to elevation conditions in *Arabis alpina*.
- Novembre 2019 **Symposium**, *Journée scientifique*, EPHE, Paris.  
Adaptation morphologique aux conditions d'altitude chez la plante alpine *Arabis alpina*.
- Février 2019 **Symposium**, *SMBE Satellite Meeting*, Vienne, Autriche.  
Studying local adaptation from genomic data in the halotolerant micro-algae *Dunaliella salina*.
- Août 2018 **Symposium**, *Evolution 2018*, Montpellier, France.  
Suitable is not optimal : evaluating the adaptive potential and evolutionary optima of a threatened bird species (the hihi, *Notiomystis cincta*) using pedigree-based and molecular data.
- Juin 2018 **Séminaire invité**, *Équipe AGAP*, CIRAD, Montpellier.  
Quantitative genetics methods depending on the nature of the phenotypic trait.
- Février 2018 **Symposium**, *Arabis alpina symposium*, Cologne, Allemagne.  
Patterns of phenotypic plasticity and local adaptation in the wide elevation range of the alpine plant *Arabis alpina*.
- Octobre 2016 **Colloque**, *SFÉcologie 2016*, Marseille, France.  
Local adaptation along an elevation-related resource gradient in the alpine plant *Arabis alpina*. (Présentation donnée par Irène Till-Bottraud suite à des problèmes logistiques pour participer au colloque).
- Avril 2015 **Séminaire invité**, *Lab seminar*, Édimbourg, Royaume-Uni.  
A brief check-up on the genome scan methods to detect local adaptation.
- Août 2014 **Colloque**, *Petit Pois Dérivé*, Orsay, France.  
BayeScEnv : A new  $F_{ST}$ -based method to uncover local adaptation using environmental variable.
- Avril 2014 **Séminaire invité**, *Behaviour and Evolution seminar*, Bielefeld, Allemagne.  
A brief check-up on the genome scan methods to detect local adaptation.
- Juin 2013 **Colloque**, *Software and Statistical Methods for Population Genetics*, Aussois, France.  
Genome scan methods against more complex models : when and how much should we trust them ?
- Août 2012 **Colloque**, *Petit Pois Dérivé*, Avignon, France.  
Heritability of Gaussian and binary traits : a simulation study of estimation methods.

### POSTER

- Août 2017 **Symposium**, *Detecting the Genomic Signal of Polygenic Adaptation and the Role of Epistasis in Evolution*, Zürich, Switzerland.  
Common gardens and population genomics to detect adaptive loci on non-model species : Concepts and example on *Arabis alpina*.
- Août 2017 **Colloque**, *ESEB 2017*, Gröningen, Netherlands.  
Adaptive potential and laying date in a threatened bird : the hihi.
- Août 2015 **Colloque**, *ESEB 2015*, Lausanne, Switzerland.  
BayeScEnv : a new  $F_{ST}$ -based method to uncover local adaptation using environmental variables.
- Mai 2015 **SMBE satellite meeting**, *Investigating biological adaptation with NGS : data and models*, Montpellier, France.  
BayeScEnv : a new  $F_{ST}$ -based method to uncover local adaptation using environmental variables.

## ► EXPÉRIENCE D'ENSEIGNEMENT

### AU SEIN DE L'EPHE

Formation pédagogique obligatoire de 35h au sein de Paris Sciences & Lettres (PSL) suite à mon recrutement en tant que maître de conférence.

<b>Cours + TD</b>	Génétique des populations avancée (4.5h cours + 4.5h TD)	Master 2
<b>Cours + TD</b>	Transcriptomique en micro-biologie évolutive (1h cours + 2h TD)	Master 2
<b>Cours + TD</b>	Introduction à la génétique quantitative (3h cours + 3h TD)	Master 2
<b>Cours</b>	Introduction à l'écologie comportementale (3h cours)	Master 1
<b>Cours + TD</b>	Utilisation avancée du logiciel R (6h cours + 6h TD)	Master 1
<b>Cours</b>	Génétique des populations (3h)	Master 1
<b>Cours + TD</b>	Analyse <i>in silico</i> des génomes (6h cours + 6h TD)	Master 1

### PRÉ-RECRUTEMENT

Formation à l'enseignement durant mon label de thèse "Enseignement Supérieur et Recherche" comprenant **128 heures d'enseignements** et **20 jours de formation** professionnelle et pédagogique. Les temps indiqués ci-dessous sont les temps réels par groupe et par année.

<b>Cours + TD</b>	Introduction à la Génétique Quantitative (3 h + 3 h)	Master 1
<b>Cours</b>	Biostatistiques (21 h)	Licence 3
<b>Cours</b>	Génétique quantitative, adaptation locale et divergence entre populations (1,5 h)	Master 2
<b>Cours</b>	Scans génomiques pour détecter la sélection (1,5 h)	Master 2
<b>TD</b>	Biodiversité (4.5 h)	Licence 3
<b>TP</b>	Anatomie végétale (28 h)	Licence 1
<b>TD</b>	Tutorat pour l'utilisation de R (12 h)	Master 1
<b>Formations</b>	Organisation des "ateliers R" au sein du laboratoire de thèse	
<b>Formations</b>	Formation à l'utilisation de R pour les statistiques à l'université d'Auckland	
<b>Formation</b>	Formation à la génétique quantitative et au modèle animal (Centre d'Investigation Clinique, CHU, Nancy, France)	2 jours de formation
<b>Tutoriel</b>	Estimation de l'héritabilité à l'aide du modèle animal L'utilisation du paquet R MCMCglmm	

## ► ENCADREMENT, ANIMATION ET ADMINISTRATIF

<b>Thèse</b>	Co-encadrant d'une doctorante, Priscilla Saloum, à l'université d'Auckland.
<b>D.U.</b>	Encadrement d'un stage de diplôme universitaire d'un an (Médéric Mouterde).
<b>Master</b>	3 projets de M1 encadrés (Médéric Mouterde, Quentin Rousseau, Perrine Augrit).
<b>Licence</b>	<i>Undergraduate</i> canadienne en stage pour 2 mois (Sofia Karabatsos) et étudiant de L2 en stage pour 5 mois (Aymeric Pilleux).
<b>Comité de thèse</b>	Membre du comité de thèse de Laura Gervais (CEFS, Toulouse), sur l'invitation d'Erwan Quéméré, Mark Hewisson et Benoît Pujol.
<b>Administratif</b>	Membre du bureau de la société des post-doctorants de la <i>Faculty of Science</i> (University of Auckland).

## ► ACTIVITÉS DE MÉDIATION

<b>Octobre 2018</b>	"Speed dating" scientifique avec des lycéens lors de la Fête de la Science au CNRS.
<b>Août 2018</b>	Séance "bavardages évolutifs" lors du congrès Evolution 2018 à Montpellier.
<b>Décembre 2017</b>	Séance "Ask Me Anything" sur la biologie évolutive au sein de la communauté francophone du média social Reddit.
<b>Mars 2017</b>	Présentation de mes travaux de recherche à la réunion du groupe de conservation du hihi composé de scientifiques, gérants et bénévoles des réserves concernées.
<b>Étés 2012-2015</b>	Explications de notre expérience de jardin commun sur <i>Arabis alpina</i> durant plusieurs visites guidées du jardin botanique alpin Joseph Fourier.
<b>Août 2015</b>	Événement "Question of the Day" durant le congrès international de l'ESEB (Lausanne).

## ▶ AUTRES RESPONSABILITÉS COLLECTIVES

---

- Août 2018** Revue d'un financement de projet "Initiation into Research" pour le Fond National pour le Développement Scientifique et Technologique (FONDECYT) chilien.
- Depuis 2016** Assemblage de logiciels scientifiques (bioinformatique) et de bibliothèques R pour la distribution GNU/Linux openSUSE.