



Le paysage régulateur de la régénération chez l'annélide *Platynereis dumerilii*

Mémoire en vue de l'obtention
d'une Habilitation à Diriger des Recherches

Pierre Kerner

Maître de conférences d'Université Paris Cité
Stem Cells, Regeneration and Evolution
Institut Jacques Monod - UMR 7592
UFR Sciences du Vivant

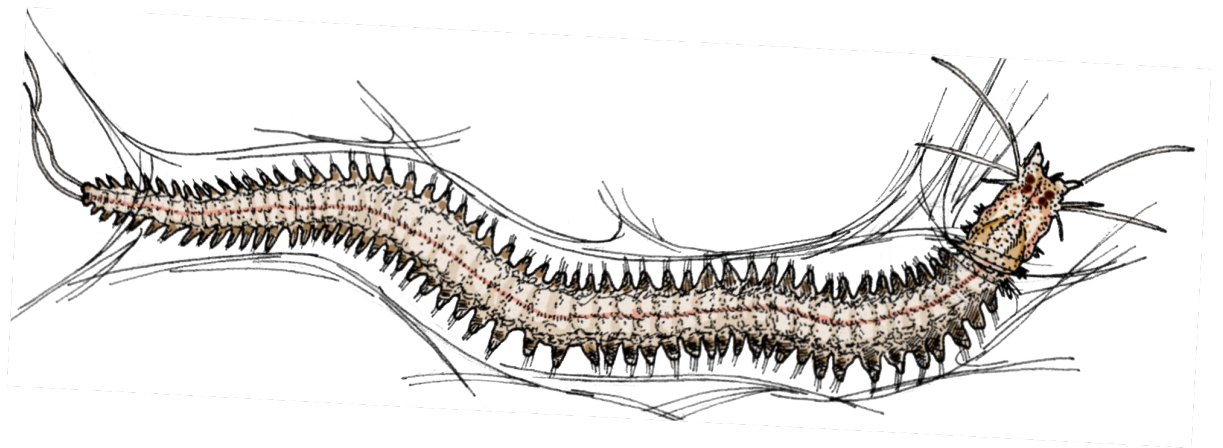


Illustration : Adrien Demilly

Ce document de synthèse de mon activité d'enseignement, de recherche et de communication scientifiques est structuré selon le format préconisé par l'UFR Sciences du Vivant d'Université Paris Cité.

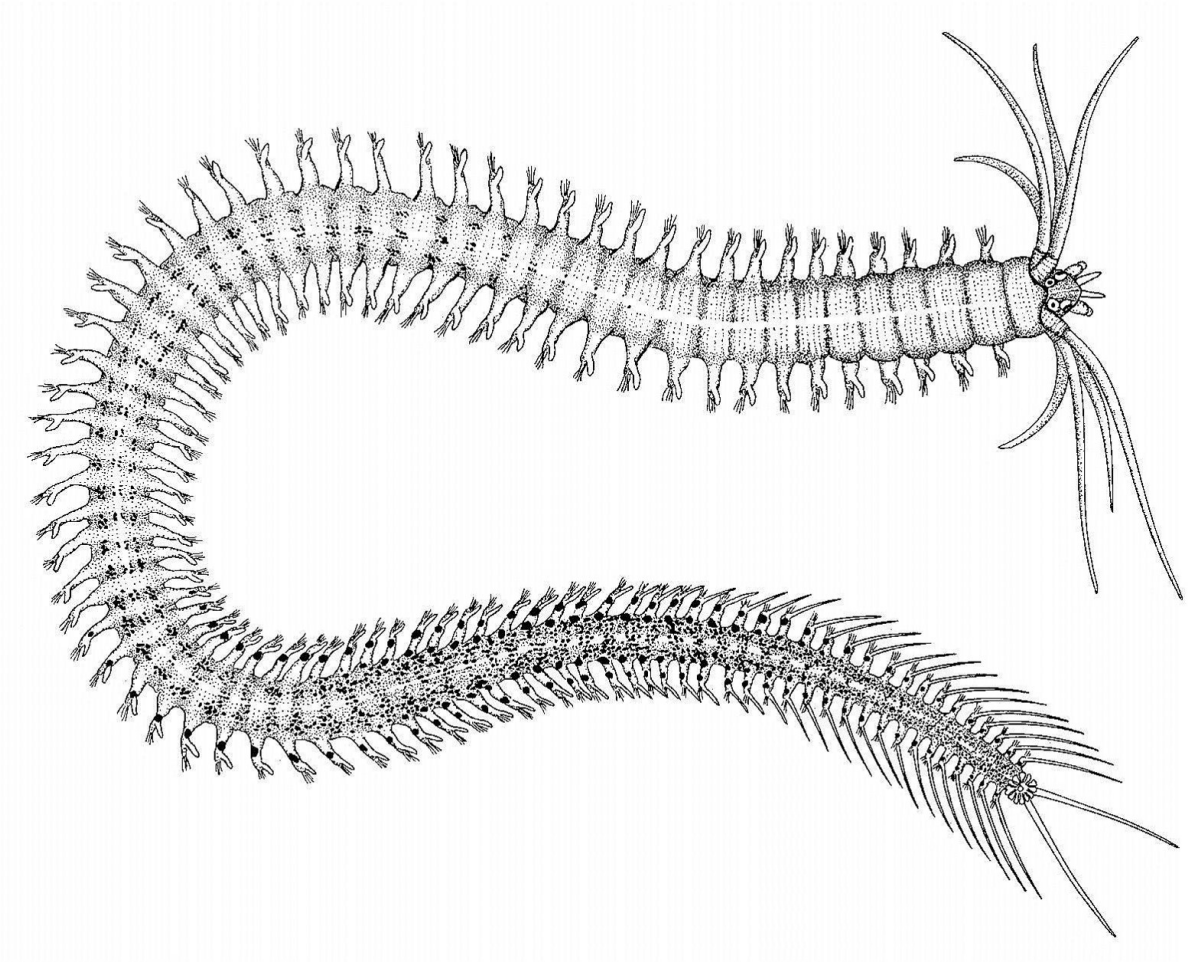
Deux parties, “**Le Paysage régulateur de la régénération**” (description de mes activités et projets de recherche passés, actuels et à venir) et “**Le cercle vertueux de la communication scientifique**” (description de mes activités d'enseignements, d'encadrements de projets d'innovation pédagogique, et leurs articulations avec la communication scientifique destinée au grand public) constituent la synthèse de mes travaux. Elles sont complétées par une description de 5 activités significatives, un curriculum vitae (**Annexe A**), une liste des étudiant·e·s encadré·e·s et de mes publications scientifiques (**Annexe B**), ainsi qu'un récapitulatif des formations que j'ai suivies (**Annexe C**) et d'une liste de mes responsabilités et activités scientifiques et administratives (**Annexe D**).

Sommaire

Table des matières

Le Paysage régulateur de la régénération.....	4
Introduction	5
Phylogénomique	8
Facteurs de transcription et <i>cis</i> -régulation	12
Epigénétique et Régénération.....	19
Projets de Recherche.....	25
Le cercle vertueux de la communication scientifique	31
Introduction	32
Enseignement.....	33
Vulgarisation et Médiation Scientifiques	35
Alliance de Comités de Lecture (ACoLe)	37
Cinq Activités Significatives.....	44
Bibliographie.....	48
ANNEXE A : CURRICULUM VITAE	53
ANNEXE B : Encadrements et Publications	58
ANNEXE C : Formations Suivies	60
ANNEXE D : Responsabilités et activités scientifiques et administratives.....	61

Le Paysage régulateur de la régénération



Synthèse des travaux de Recherche

Introduction

C'est sur les bancs de l'université que j'ai découvert la célèbre citation de Theodosius Dobzhansky : « Rien en biologie n'a de sens, si ce n'est à la lumière de l'évolution ». Cet adage a confirmé ma passion et ma fascination, encore intactes aujourd'hui, pour la biologie évolutive, et plus particulièrement pour la génétique évolutive du développement (Evo Devo).

C'est par contre au cours de ma thèse que j'ai découvert une autre citation célèbre, de Charles Darwin cette fois-ci, qui conclut son ouvrage *L'Origine des espèces* sur cette note poétique : « [...] d'une si simple origine, une multitude infinie de belles et merveilleuses formes ont, et continuent à, évoluer. ». Darwin explique comment un processus naturel peut conduire à l'accumulation de modifications qui aboutissent finalement à l'émergence d'espèces différentes. 166 ans plus tard, la théorie de l'évolution a subi de nombreuses modifications, notamment pour tenir compte des lois de l'hérédité, grâce aux découvertes de l'ADN et de la génétique. Cependant, nous avons toujours du mal à reconstituer fidèlement l'histoire évolutive des différentes lignées des espèces vivantes (notamment animales) pour expliquer leur incroyable diversité morphologique.

L'Evo Devo est ainsi un domaine de recherche en biologie qui propose qu'une fusion des études sur le développement et la génétique évolutive sous-jacente peut permettre d'explorer efficacement l'évolution des formes adoptées par les organismes multicellulaires. Gerd Müller le définit comme l'étude des relations mécaniques entre les processus de développement individuel et les changements phénotypiques au cours de l'évolution (Müller, 2007). En résumé, l'Evo Devo pourrait nous renseigner sur les mécanismes de l'évolution animale en étudiant et en comparant leur développement et les gènes qui contrôlent ces processus.

L'une des découvertes fondamentales (et des plus surprenantes) de l'Evo Devo des quatre dernières décennies est que la plupart des animaux, aussi différents soient-ils en apparence, partagent plusieurs familles de gènes qui régulent les principaux aspects du schéma corporel. Il s'agit de la découverte d'une « boîte à outils » génétique commune à tous les animaux, contenant de nombreuses familles de facteurs de transcription et la plupart des voies de signalisation. Établir rigoureusement l'identité des membres de ces boîtes à outils est donc un prérequis indispensable à toute bonne étude d'Evo Devo. Cela implique souvent des études de gènes appartenant à des familles multigéniques complexes et pour lesquels il est crucial d'établir les liens d'orthologie ou de paralogie. Des analyses phylogénétiques rigoureuses permettent de se prémunir contre les erreurs d'interprétation quant à ces relations de parenté, mais elles peuvent aussi approfondir nos connaissances quant aux mécanismes

qui façonnent les génomes des organismes. C'est devenu progressivement mon aire d'expertise, acquise durant ma thèse et que je continue de développer aujourd'hui (voir partie **Phylogénomique**), à travers mes propres projets et l'encadrement de nombreux membres de mon équipe de recherche.

L'existence d'une « boîte à outils » génétique commune partagée par des lignées animales très différentes et éloignées d'un point de vue évolutif a généré un paradoxe dans la communauté des chercheurs en Evo Devo : d'un côté, c'est une chance, car cela a permis de comparer la façon dont le nombre, la régulation ou la fonction des gènes de la boîte à outils ont changé au cours de l'évolution animale. D'un autre côté, il reste maintenant à comprendre comment des protéines très similaires peuvent être à la base d'une telle diversité morphologique. Une autre découverte, qui a bouleversé les fondements de la biologie il y a quelques décennies, pourrait apporter une réponse à cette question. La partie de notre génome qui code pour les séquences de protéines est extrêmement restreinte et les larges parties d'ADN restants, très labiles, ont été initialement qualifiées avec mépris d'«ADN poubelle». Cependant, de nombreux types de séquences d'ADN non codantes ont des fonctions biologiques connues, notamment dans la régulation de la transcription des séquences codant pour des protéines. Certaines d'entre elles sont organisées en modules *cis*-régulateurs (CRM), qui sont des régions d'ADN liées par des facteurs de transcription pour réguler l'expression d'un gène associé. Ces modules peuvent donner lieu à une expression différentielle du même gène, à la fois dans le temps et dans l'espace. Ainsi, la recherche de l'explication de la diversité morphologique chez les animaux est passée d'un strict intérêt sur les séquences codantes à un intérêt croissant pour les séquences contrôlant l'expression spatio-temporelle des gènes conservés au cours de l'évolution, ou régions *cis*-régulatrices. En effet, comme la plupart des animaux partagent un répertoire conservé de gènes de construction et de structuration du corps, la diversité morphologique semble évoluer principalement par des changements dans le déploiement de ces gènes au cours du développement. L'accumulation de divergences morphologiques entre lignées réside donc peut-être surtout dans la modification des CRM qui forment ces régions régulatrices. Durant ma carrière, pour explorer l'évolution de différentes structures à l'échelle des animaux, j'ai donc privilégié des études comparatives des patrons d'expression de nombreux facteurs de transcription. À partir de mon post-doc, j'ai également initié des études sur l'évolution de la *cis*-régulation. Ces deux volets sont discutés dans la partie **Facteurs de transcription et *cis*-régulation**.

Lorsque l'on s'intéresse aux motifs de liaisons à l'ADN des facteurs de transcription, il peut être particulièrement utile d'étudier les mécanismes épigénétiques et plus

particulièrement les variations de l'état de la chromatine. En effet, de nombreuses techniques moléculaires employées dans des études d'épigénétique peuvent contribuer à identifier des motifs de liaisons à l'ADN et permettre d'interroger la conservation évolutive des CRM. C'est pourquoi j'ai commencé dès 2011 à m'intéresser à certains mécanismes impliqués à d'autres niveaux que la régulation transcriptionnelle, dans des études à la croisée de mes intérêts pour la phylogénomique et l'évolution des mécanismes de régulation de l'expression génétique. Pour correspondre au mieux à la thématique principale actuelle de mon équipe d'accueil, l'étude du comportement des cellules souches et de la régénération, je dédie aujourd'hui l'essentiel de mes recherches à l'étude des mécanismes épigénétiques et *cis*-régulateurs impliqués dans la régénération de l'annélide marin *Platynereis dumerilii*. Je suis donc investi dans l'encadrement de différentes recherches permettant l'étude comparative de la régulation de la méthylation des acides nucléiques (ADN et ARN) et la caractérisation de l'état de la chromatine au cours de la régénération et le développement embryonnaire. Ce volet de recherche, en partie prospectif, sera présenté dans la partie **Epigénétique et Régénération** puis détaillé dans la partie **Projets de Recherche**.

Je conclurai en effet ma synthèse de mes travaux de recherche par une présentation de mes **Projets de Recherche** pour lesquels je souhaite encadrer des doctorant·e·s au sein de l'équipe « Cellules Souches, Régénération et Évolution » dirigée par Eve Gazave à l'Institut Jacques Monod.

Phylogénomique

2005-2009 Doctorat (Université Paris XI)

Durant ma thèse, je me suis formé à la phylogénomique en réalisant plusieurs études qui ont permis d'élucider les histoires évolutives de certaines familles multigéniques cruciales pour le développement du système nerveux chez différentes lignées animales. Il est en effet primordial d'établir les liens d'orthologie ou de paralogie des membres de ces familles pour mener des études rigoureuses de comparaison d'expression (voir **partie Facteurs de Transcription et cis-régulation**). Des analyses phylogénétiques rigoureuses permettent non seulement d'éviter les erreurs d'interprétation de leurs relations de parenté, mais aussi d'affiner notre compréhension des mécanismes impliqués dans l'évolution des génomes. Ainsi, les analyses menées durant ma thèse ont permis de proposer un modèle évolutif rendant compte de l'expansion de la superfamille des gènes *bHLH* (basic helix-loop-helix) chez les animaux (Simionato et al., 2007), d'explorer l'origine de l'organisation en complexe des gènes *Iroquois* (Kerner, Ikmi, et al., 2009) et enfin, de chercher à comprendre les mécanismes génomiques qui permettent la rétention de paralogues dans un génome en étudiant les différents gènes *snail* présents chez deux annélides (Kerner, Hung, et al., 2009).

Nous avons mené la première analyse évolutive complète des facteurs de transcription bHLH à travers la lignée des métazoaires. Nos résultats indiquent une diversification initiale pré-métazoaire, suivie d'une expansion au début de l'évolution animale, puis une remarquable stabilité chez les bilatériens.

Notre étude de la famille *Irx/Iroquois* suggèrent qu'un complexe de deux gènes *Irx* a été conservé dans le clade des crustacés et insectes tandis que l'ancêtre commun des lamproies et du reste des vertébrés ne possédait qu'un complexe de trois gènes *Irx* qui s'est dupliqué en son entier dans le groupe des gnathostomes (vertébrés pourvus d'une mâchoire).

En plus de permettre de résoudre la classification de la superfamille des gènes *snail*, les données que j'ai obtenues sur différents paralogues de gènes *snail* appartenant aux deux espèces d'annélides *Platynereis dumerilii* et *Capitella teleta* m'ont permis de documenter un exemple intéressant de sous-fonctionnalisation génique, prédit par le modèle de Duplication Dégénérescence et Complémentation, et qui permet de comprendre un des mécanismes expliquant comment les gènes dupliqués peuvent subsister dans un génome.

2009-2011 Post Doctorat (Weill Cornell Medical College)

A la fin de ma thèse et pendant mon post-doc, j'ai également effectué une analyse génomique à grande échelle des gènes codant des protéines se liant à l'ARN (RNA Binding Proteins - RBP), la première étude phylogénétique que je ne dédiais pas à des facteurs de transcription et qui allait s'avérer importante pour mon travail d'encadrement de travaux de recherches en épitranscriptomique (voir **partie Epigénétique et Régénération**). Le principal modèle d'étude a été l'éponge *Amphimedon queenslandica* (Kerner et al., 2011). Nous avons établi l'histoire évolutive de 32 familles de protéines se liant à l'ARN, et découvert que la majeure partie de ces protéines présentes chez les métazoaires actuels était déjà établie chez le dernier ancêtre commun des animaux. Il est cependant probable que la grande majorité de ces protéines, héritée du génome d'un ancêtre unicellulaire, a été recrutée pour de nouvelles fonctions, en particulier pour celles impliquées dans l'acquisition de la multicellularité mais également pour le développement du système nerveux, la régulation des cellules souches et l'action d'ARN non codants.

Mes compétences en analyses phylogénétiques ont également été sollicitées dans mon laboratoire de Post-Doc lorsque des relations d'homologies de certains gènes isolés chez l'organisme modèle *Ciona intestinalis* étaient à clarifier (José-Edwards et al., 2011; Kugler et al., 2011).

Depuis 2011 : MCU Université Paris Cité

Depuis ma prise de poste en tant que Maître de Conférences, j'inclus une étude phylogénétique presque systématiquement dans les projets de stage que j'encadre. Plusieurs d'entre elles ont été intégrées dans des publications, dont une à travers une collaboration interne à l'Institut Jacques Monod (Karaz et al., 2016). Dans cette dernière étude sur Dbx1, un facteur de transcription à homéodomaine impliqué dans la spécification du destin neuronal, nos alignements de séquences de différentes espèces nous ont permis d'identifier deux domaines conservés liés au domaine répresseur d'*engrailed* (RD) dépendant de Groucho, ainsi qu'un domaine nouvellement décrit et composé d'acides aminés agglomérés sur l'extrémité C-terminale (Cter) qui est présent chez les tétrapodes mais aussi chez plusieurs espèces n'appartenant pas aux vertébrés.

L'étude phylogénétique que j'ai menée sur les gènes *Prdm*, impliqués dans une grande variété de fonctions au cours du développement animal, m'a donné l'occasion de tisser un lien entre facteurs de transcription et épigénétique, et plus particulièrement l'état de la chromatine. En effet, les gènes *Prdm* codent des facteurs de transcription caractérisés par la présence de plusieurs motifs de liaisons à l'ADN de type doigts de zinc ainsi qu'un domaine

PR, une forme particulière d'un domaine catalytique retrouvé dans un grand nombre de protéines à activité d'histones méthyltransférases (HMTs) : le domaine SET. Une activité HMT intrinsèque à la protéine n'a été démontrée que pour un petit nombre de protéines Prdm et les autres agissent *via* l'interaction avec des coactivateurs ou corépresseurs ayant eux-mêmes une activité enzymatique de modification de la chromatine. Nous avons recherché les gènes *Prdm* dans les génomes entièrement séquencés de 93 espèces différentes, représentatives de toutes les principales lignées métazoaires. Au total, 976 gènes *Prdm* ont été identifiés chez ces espèces. Le nombre de gènes *Prdm* par espèce varie de 2 à 19. Pour mieux comprendre comment la famille des gènes *Prdm* a évolué chez les métazoaires, nous avons effectué des analyses phylogénétiques en utilisant ce vaste panel de gènes *Prdm* identifiés. Ces analyses nous ont permis de définir 14 sous-familles différentes de gènes *Prdm* et d'établir, par reconstruction de l'état ancestral, que 11 d'entre elles sont ancestrales aux bilatériens (Fig. 1). Trois autres sous-familles ont été acquises au cours des premières étapes de l'évolution des vertébrés (Prdm5, Prdm11 et Prdm17). Plusieurs événements de duplication et de perte de gènes ont été identifiés et cartographiés sur l'arbre phylogénétique des métazoaires. En étudiant un grand nombre de génomes non métazoaires, nous avons confirmé que les gènes *Prdm* constituent probablement une famille de gènes spécifique aux métazoaires. Nos données suggèrent également que les gènes *Prdm* sont nés avant la diversification des animaux par l'association d'un seul gène ancestral codant pour le domaine SET avec un ou plusieurs gènes codant pour les doigts de zinc.

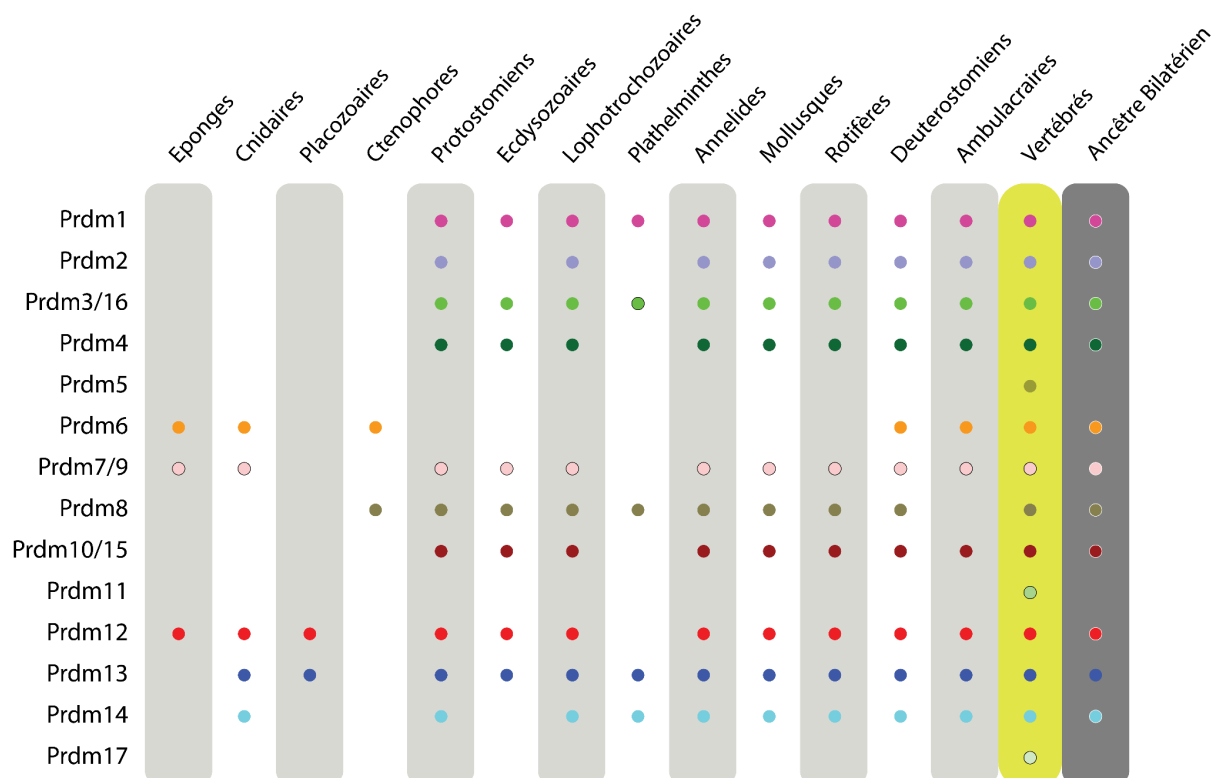


Figure 1 : Répartition des 14 sous-familles *Prdm* dans les principaux groupes de métazoaires. Une dernière colonne résume l'ensemble ancestral supposé des sous-familles *Prdm* dans le génome de l'ancêtre des Bilatériens (Vervoort et al., 2016).

En 2017, mon intérêt accru pour les mécanismes épigénétiques lors de la régénération m'a poussé à participer à plusieurs études phylogénétiques des acteurs de la méthylation des acides nucléiques. Je me suis tout d'abord intéressé à la méthylation des cytosines de l'ADN (méthylation m5C) qui est une modification épigénétique majeure modulant l'expression des gènes et régulant de multiples aspects du développement embryonnaire et de la reprogrammation cellulaire chez les vertébrés. Avec Michel Vervoort et Anabelle Planques (Planques et al., 2021), nous avons identifié la composition putative chez le dernier ancêtre commun des bilatériens de la machinerie de la méthylation (protéines writers, modifiers et readers) et du complexe NuRD (nucleosome remodeling and deacetylase complex - qui fait le lien entre la méthylation de l'ADN et les modifications des histones).

Facteurs de transcription et *cis*-régulation

2005-2009 Doctorat (Université Paris XI)

Mon projet de recherche durant ma thèse s'est principalement concentré sur **l'étude de l'évolution du système nerveux des animaux**. J'ai pu mener cette thèse dans le laboratoire du Professeur Michel Vervoort grâce à un financement par une Bourse pour Docteur Ingénieur et un poste de demi-ATER, à l'issue duquel j'ai publié 6 articles dont 4 en premier auteur ou co-premier auteur. Mon attrait pour l'encadrement de recherche m'a poussé à accompagner quatre étudiant·e·s durant ma thèse (deux étudiant·e·s en Licence et deux doctorants). Les travaux de deux d'entre eux (J. Hung et J. Béhague) ont été inclus dans une publication durant mon doctorat (Kerner, Hung, et al., 2009).

Ma thèse s'appuie sur la comparaison morpho-anatomique du tissu nerveux chez différentes espèces et sur la comparaison des processus développementaux et génétiques dirigeant sa formation. Je me suis surtout intéressé aux animaux présentant une symétrie bilatérale, les Bilatériens, qui sont caractérisés par la présence d'un système nerveux central et périphérique, soulevant ainsi la question de l'origine évolutive du système nerveux et de sa centralisation.

Les Bilatériens comportent trois grandes lignées, à savoir les deutérostomiens (comme les tuniciers, les échinodermes et les vertébrés), les ecdysozoaires (notamment les arthropodes et les nématodes) et les lophotrochozoaires (aussi connus sous le nom de spiraliens et incluant les annélides et les mollusques), ces deux dernières formant le groupe des protostomiens. Parmi ces trois lignées, les études à même de répondre à la question de l'origine évolutive du système nerveux étaient menées quasi-exclusivement chez les vertébrés et la drosophile. C'est pourquoi il paraissait nécessaire de chercher, durant mon doctorat, des données complémentaires chez un organisme appartenant aux Lophotrochozoaires, l'annélide marin *Platynereis dumerilii*. Ces données fournissent des informations cruciales pour déterminer quels aspects de la neurogenèse sont ancestraux aux Bilatériens et quels sont ceux qui proviennent de dérives spécifiques à l'une ou l'autre lignée.

Chez les trois grandes lignées des bilatériens à savoir les deutérostomiens, les lophotrochozoaires et les ecdysozoaires, il existe de nombreuses différences concernant la structure, la localisation et le développement de ce Système Nerveux Central. Cependant, quatre étapes développementales durant la neurogenèse sont toujours présentes chez ces organismes (formation du neurectoderme, détermination des progéniteurs neuraux, détermination de l'identité des précurseurs neuraux et différenciation) et permettent une

comparaison des gènes impliqués dans chacune de ces étapes entre bilatériens. Afin de réaliser cette comparaison, j'ai mené une approche gène candidat sur les réseaux génétiques impliqués durant la neurogenèse chez l'annélide *Platynereis dumerilii*, en isolant des homologues de facteurs de transcription impliqués dans la neurogenèse chez les arthropodes et/ou les vertébrés. J'ai ensuite étudié leur expression au cours du développement et de la croissance post-larvaire chez *Platynereis*. A l'aide de cette approche, d'importantes similitudes entre la neurogenèse des vertébrés et celle de *Platynereis* ont été mises en évidence. J'ai ainsi participé à l'étude d'orthologues de gènes codant des facteurs de transcription à basic-Helix-Loop-Helix (bHLH) neuraux chez *Platynereis*, *Pdu-achaete-scute*, *Pdu-atonal*, *Pdu-Neurogenin*, *Pdu-NeuroD* et *Pdu-olig* et caractérisé leurs profils d'expression. Les profils d'expression observés indiquent que tous ces gènes sont impliqués dans des étapes précises de la neurogenèse de *Platynereis*. Nos résultats suggèrent que la fonction au cours de la neurogenèse de ces gènes chez *Platynereis* est de manière générale plus similaire à la situation observée chez les vertébrés que chez la drosophile (Simionato et al., 2008). L'étude de l'expression d'orthologues des facteurs de transcription *SoxB*, *SoxC*, *Prox* et *Churchill* chez *Platynereis*, nous a permis de montrer qu'ils étaient tous exprimés durant la neurogenèse de l'annélide. Chez *Platynereis*, les orthologues des gènes *SoxB* et *Prox* présentent des patrons d'expression similaires à ceux observés chez la drosophile et les vertébrés, suggérant un rôle conservé à l'échelle des bilatériens pour ces deux gènes, tandis que les orthologues des gènes *SoxC* et *Churchill* présentent des patrons d'expression suggérant un rôle dans la différenciation neurale, ce qui montrerait une similitude avec les vertébrés pour le gène *SoxC* mais une situation sans précédent pour le gène *Churchill* (Kerner, Simionato, et al., 2009).

Certains de mes résultats montrent cependant des cas de similitude accrue entre la situation chez *Platynereis* et les arthropodes. En effet, mon étude de l'orthologue du facteur de transcription *Hunchback* montre qu'on le retrouve exprimé dans des domaines mésodermiques et neurectodermiques. Il s'agit d'une situation similaire à celle de nombreux arthropodes et de quelques organismes lophotrochozoaires, suggérant notamment un rôle ancestral du gène *Hunchback* dans la neurogenèse des organismes protostomiens (Kerner et al., 2006).

J'ai ainsi caractérisé les profils d'expression d'une vingtaine de facteurs de transcription candidats impliqués dans la neurogenèse des vertébrés et des arthropodes, ce qui a permis de révéler de profondes similitudes entre la neurogenèse de l'annélide et celle des vertébrés. En reprenant l'ensemble des données que j'ai obtenues, nous avons notamment remarqué que les gènes exprimés dans la partie dorsale du tube neural des vertébrés ont leurs homologues exprimés dans des cellules du Système Nerveux Périphérique

chez l'annélide. Ceci suggère une homologie surprenante entre la région la plus dorsale du tube neural des vertébrés (Fig. 2), et une partie du Système Nerveux Périphérique de *Platynereis*. Cela implique un modèle évolutif original où une partie du système nerveux périphérique ancestral se serait retrouvé incorporé au sein de la partie dorsale du tube neural caractérisant les vertébrés.

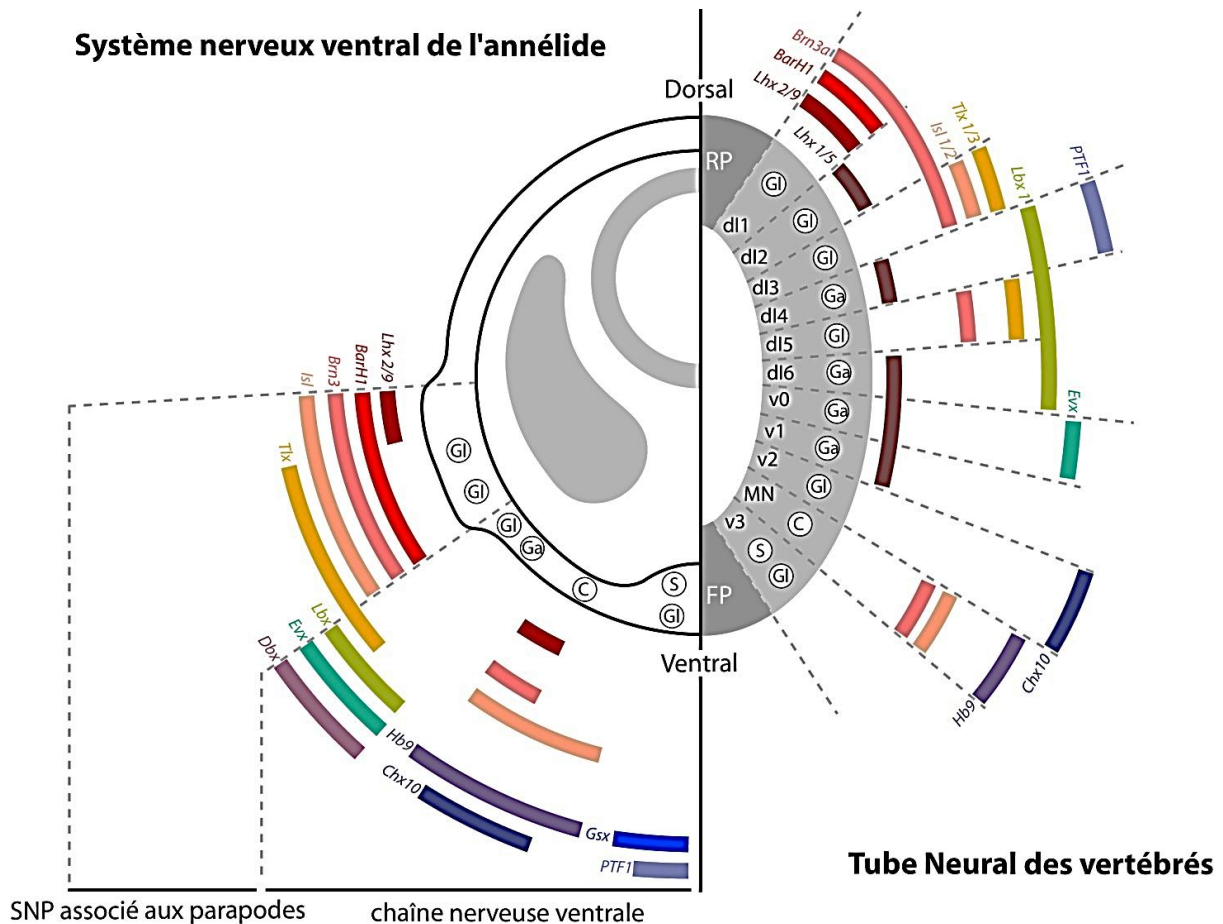


Figure 2 : Schéma de l'organisation médio-latérale du système nerveux de *Platynereis dumerilii* et les correspondances putatives avec l'organisation du tube neural des vertébrés. Compilation des données obtenues à l'aide de la caractérisation des profils d'expression de gènes candidats ainsi que les profils immunohistochimiques des populations de neurones de la chaîne nerveuse ventrale et périphérique de *Platynereis* (Denes et al., 2007; Simionato et al., 2008). Abréviations : RP : Roof Plate (plafond du tube neural), FP : Floor plate (plancher du tube neural), S : Neurones sérotoninergiques, GI : Neurones Glutamateurgiques, C : Neurones Cholinergiques, Ga : Neurones GABAergiques.

2009-2011 Post Doctorat (Weill Cornell Medical College)

À l'issue de mon doctorat et de mon contrat d'ATER, pour acquérir une expérience internationale et découvrir d'autres thématiques en Evo Devo, j'ai choisi de rejoindre l'équipe

du Dr. Anna Di Gregorio, dans le Département de Biologie Cellulaire et Développement du Weill Cornell Medical College de New York. J'y ai démarré plusieurs projets de recherche sur **l'étude des réseaux de régulation génétique impliqués dans la mise en place de la notochorde et des muscles** chez différents tuniciers, espèces animales invertébrées marines appartenant à un sous embranchement des chordés et proches parents des vertébrés.

Ma thèse ayant été consacrée aux facteurs de transcription, je nourrissais un intérêt de plus en plus accru pour l'étude de leur fonctionnement et notamment l'interaction qu'ils entretiennent directement avec l'ADN à travers leur liaison sur des motifs spécifiques (DNA binding sites). Ainsi, la régulation transcriptionnelle d'un gène passe essentiellement par une modulation de l'activité de la machinerie de transcription associée à son promoteur *via* l'effet collectif d'activation ou d'inhibition de facteurs de transcription liés à des sites de fixation à l'ADN. Ces motifs sont souvent organisés en modules *cis*-régulateurs (CRM) et peuvent être en amont, en aval du promoteur, y compris dans les régions introniques. Ces CRMs, aussi connus sous le nom d'enhancers, donnent lieu à une expression différentielle d'un même gène, à la fois dans le temps et dans l'espace.

Les chordés doivent leur nom à une structure embryonnaire appelée la notochorde. Celle-ci est spécifiée par *Brachyury*, un facteur de transcription dont la fonction a été conservée au cours de l'évolution des chordés. Le laboratoire du Dr. Di Gregorio a choisi l'ascidie *Ciona intestinalis* pour explorer les réseaux génétiques en aval de *Brachyury*.

Dès mon arrivée, j'ai participé à un projet visant à isoler et caractériser l'expression de 50 gènes cibles de *Brachyury*, chez un autre tunicier : *Oikopleura dioica*. C'est un organisme à la morphologie et au génome profondément divergent. C'est pourquoi il était intéressant d'explorer la conservation de la fonction des 50 gènes-cibles notochordaux de *Ciona intestinalis*, chez cet autre tunicier. Ainsi, j'ai pu révéler que 24 des gènes cibles présents dans le génome de *Ciona intestinalis* sont absents de celui d'*Oikopleura*. En comptant les duplications géniques spécifiques à *Oikopleura*, j'ai étudié les 28 gènes restants, et pu montrer que 13 restent exprimés dans la notochorde, 7 sont exprimés de manière diffuse dans la queue et 8 sont exprimés dans d'autres tissus. Ces résultats, publiés dans un article dont je suis co-premier auteur (Kugler et al., 2011), nous ont permis de démontrer la grande variabilité de l'implication des gènes responsables de la formation de la notochorde chez deux tuniciers (Ferrier, 2011).

Ce genre d'études promeut des changements de paradigmes au sein de la discipline de l'Evo Devo (Ferrández-Roldán et al., 2019). Initialement, le paradoxe principal étudié par

la communauté Evo Devo résultait de la découverte de boîtes à outils génétiques conservées à l'échelle des animaux qui permettaient de construire une grande variété de morphologies (Jacob, 1977), ou pour le dire simplement : les mêmes gènes (unité génétique) sont utilisés pour construire des formes différentes (diversité phénotypique). Notre étude comparative révélant la réduction drastique des gènes notochordaux conservés dans le génome d'*Oikopleura* s'insère dans la découverte de l'omniprésence de la perte de gènes au cours de l'évolution, affectant notamment des gènes de développement importants (Albalat & Cañestro, 2016). Cela a conduit à la formulation d'un paradoxe inverse de l'Evo Devo (Cañestro et al., 2007). Cette hypothèse propose que les organismes peuvent développer des morphologies fondamentalement similaires (unité phénotypique, exemple de la présence d'une notochorde) malgré d'importantes différences dans leurs outils génétiques (diversité génétique) (Fig. 3).

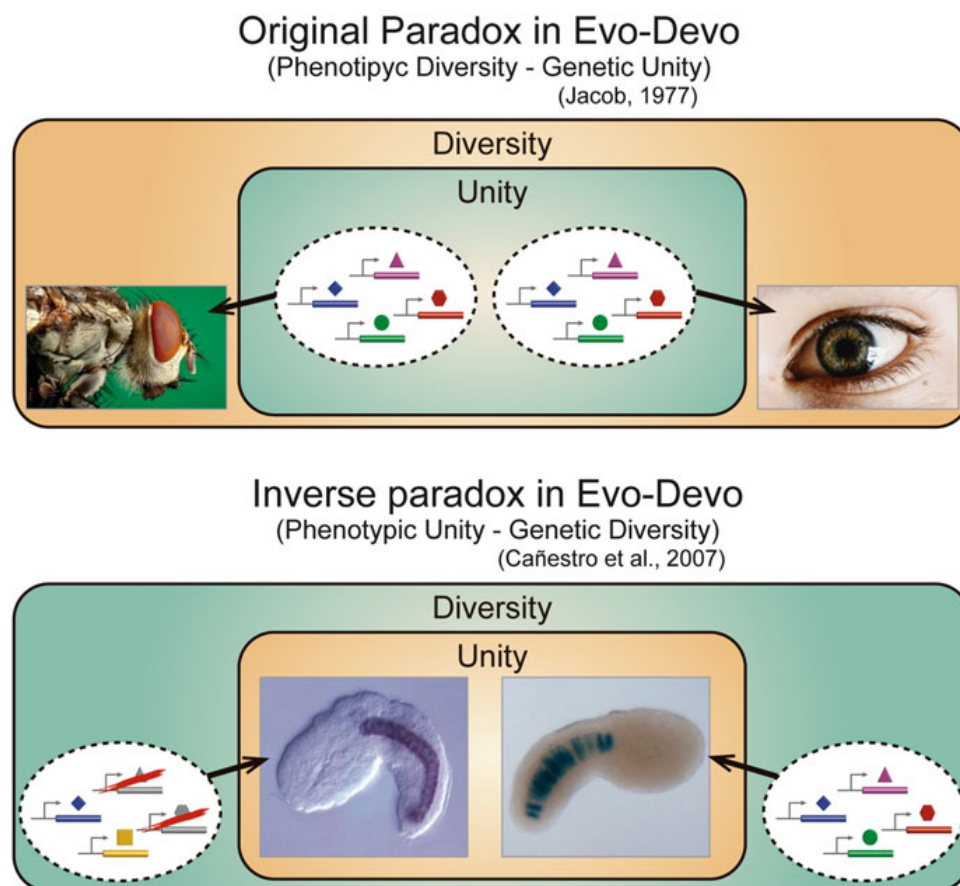


Figure 3 : Contrairement au paradoxe originel, le paradoxe inverse de l'Evo Devo propose que les organismes peuvent développer des morphologies fondamentalement similaires (unité phénotypique) malgré d'importantes différences dans leurs outils génétiques (diversité génétique). Comme les différences dans les outils génétiques sont souvent la conséquence des pertes de gènes, l'étude d'*Oikopleura dioica* a été fondamentale pour construire ce nouveau cadre conceptuel (tiré de Ferrández-Roldán et al., 2019).

J'ai participé également à un travail commun dans le laboratoire pour caractériser l'activité régulatrice *in vivo* de 240 fragments aléatoires de séquences génomiques chez *Ciona intestinalis*. Ces fragments ont été clonés en amont d'un promoteur basal de *Ciona* fusionné au gène rapporteur lacZ. Ils ont ensuite été systématiquement testés *in vivo* pour leur activité régulatrice à l'aide d'une simple procédure d'électroporation suivie d'une révélation au X-gal. Je me suis intéressé à une collection de 10 de ces régions *cis*-régulatrices qui conduisent à une activité musculaire. J'ai travaillé ainsi à l'identification des séquences minimales de chacun de ces fragments à l'aide de protocoles de troncation sériées, c'est-à-dire un sous clonage de portions du fragment d'origine dont l'activité est testée après électroporation (Shi et al., 2005). Les modules de fixations aux facteurs de transcription composant ces régions minimales sont ensuite disséqués par mutagenèse dirigée.

Afin de faciliter cette recherche de séquences régulatrices minimales, j'ai implémenté dans cette équipe une nouvelle approche d'empreinte phylogénétique qui consiste en la comparaison systématique des séquences de *Ciona intestinalis* avec les séquences correspondantes chez une espèce sœur dont le génome a également été séquencé : l'ascidie *Ciona savignyi* (Johnson et al., 2005). En établissant les profils de conservation de séquences, on parvient rapidement à identifier des régions comprenant potentiellement les séquences minimales portant l'activité régulatrice. En plus d'offrir un moyen d'accélérer l'identification de séquences régulatrices, cette approche ouvre la possibilité d'explorer l'évolution de modules *cis*-régulateurs entre deux espèces proches.

Depuis 2011 : MCU Université Paris Cité

En réintégrant mon équipe de thèse lors de ma prise de poste de Maître de Conférences en 2011, j'avais initialement décidé de poursuivre mon travail de recherche doctoral pour étudier **le réseau génétique du contrôle de la détermination des précurseurs neuraux chez *Platynereis***. J'avais pour projet initial d'identifier le réseau génétique régulateur en aval des gènes proneuraux et impliqué dans la détermination des cellules neurales chez *Platynereis*, notamment pour isoler les régions régulatrices de *Neurogenin* et *Achaete-scute*. Je comptais aussi réaliser l'empreinte phylogénétique des séquences de *Platynereis* par comparaison avec celles disponibles chez les annélides polychètes *Capitella teleta* et *Nereis virens*.

Avant 2016, j'ai pu encadrer le travail de plusieurs étudiant·e·s et notamment participer à diverses collaborations au sein d'équipes d'Université Paris Cité qui ont abouti à quatre publications. Mon encadrement de ces recherches concernait une étudiante en Licence (Karaz et al., 2016), un étudiant en Master 2 (Vervoort et al., 2016) et deux doctorant·e·s (Song

et al., 2020; Vervoort et al., 2016). Un changement d'équipe a eu lieu fin 2016 après la scission de l'équipe « Evolution et Développement des Métazoaires », co-dirigée par Guillaume Balavoine et Michel Vervoort. J'ai ainsi rejoint l'équipe « Cellules souches, Développement et Évolution » dirigée par le Pr. Vervoort ce qui a impliqué un changement de thématique de recherche.

Mon intérêt pour la formation du système nerveux de l'annélide *Platynereis dumerilii* n'a cependant pas disparu, et je partage régulièrement mon expertise dans l'équipe lorsque des désordres neuronaux sont obtenus dans des études fonctionnelles de la régénération. C'est dans ce cadre que j'ai récemment encadré les travaux d'une étudiante de première année de Master, Mélusine Nicolas, pour explorer la régulation du destin neuronal par la voie de signalisation Notch pendant la régénération de *Platynereis dumerilii*.

En effet, une récente analyse transcriptomique de la régénération postérieure de notre annélide, menée par l'équipe en bulk RNA-seq, a révélé que la signalisation Notch est une voie clé impliquée dans ce processus (Paré et al., 2023). La voie Notch constitue un mécanisme conservé qui influence les décisions relatives au destin cellulaire par le biais d'interactions récepteur-ligand (Gazave et al., 2009). Des résultats obtenus par Loïc Bideau pendant son doctorat avaient montré que l'inhibition de cette voie durant la régénération postérieure à travers l'utilisation de l'agent pharmacologique LY411575 dirigé contre la γ -secretase entraînait un arrêt précoce de la régénération et une très forte désorganisation du système nerveux. Cependant, il est possible que ce phénotype neural soit la conséquence d'une zone de croissance défaillante. Avec Mélusine Nicolas, nous avons décidé de mener des traitements LY411575 tardifs, durant les phases d'élongation postérieure, pour permettre une régénération correcte de la zone de croissance afin de faire la distinction entre la désorganisation neuronale et une éventuelle réduction de la fonctionnalité de la zone de croissance due à l'inhibition de Notch. Mélusine Nicolas a notamment exploité les nombreux facteurs de transcription de neurogenèse étudiés durant ma thèse pour caractériser l'étendue des défauts du système nerveux central durant ces traitements tardifs. Ses résultats ont contribué à démontrer l'implication de la voie Notch dans la formation du système nerveux au cours de la neurogenèse post-embryonnaire et sont inclus dans une publication en révision chez EMBO Reports, et disponible sur BioRxiv (Bideau et al., 2025).

Epigénétique et Régénération

Fin 2016, j'ai rejoint l'équipe du Pr. Michel Vervoort et d'Eve Gazave dont la thématique principale est devenue l'étude du comportement des cellules souches et de la régénération. Dans cette nouvelle équipe «Cellules souches, Régénération et Évolution», j'ai dû renouveler mon sujet principal de recherche, et me consacre aujourd'hui à **l'étude des mécanismes épigénétiques et cis-régulateurs impliqués lors de la régénération chez *Platynereis dumerilii***.

Mon équipe s'intéresse plus particulièrement à la régénération restauratrice, c'est-à-dire la capacité à remplacer une partie du corps perdue suite à une blessure ou une amputation (Bideau et al., 2021). En m'impliquant dans cette thématique, je me suis familiarisé avec certaines controverses concernant le processus régénératif et notamment s'il doit être considéré comme faisant partie du développement (Vervoort, 2011). En effet, bien que régénération et développement embryonnaire partagent certains mécanismes cellulaires et génétiques, la régénération présente des spécificités telles que la cicatrisation, l'immunité, la reprogrammation cellulaire, la transdifférenciation ou encore la dépendance nerveuse, qui invitent à considérer ces deux phénomènes comme distincts. Malgré ces spécificités, on ignore toujours si les mécanismes uniques de la régénération suffisent à justifier son exclusion de véritables processus développementaux.

Dans le cadre de ma reconversion thématique, j'ai notamment entamé des collaborations avec différentes équipes de recherche comme celle de Jérôme Hui, à Hong Kong, dans le cadre d'un projet PROCORE m'ayant permis de me rendre sur place et d'accueillir plusieurs membres de cette équipe dans notre institut. Cette collaboration a abouti à la publication d'une review dans Cellular and Molecular Life Sciences (Bideau et al., 2021) : La régénération animale à l'ère de la transcriptomique.

Lors de la préparation de ce manuscrit, je me suis plongé dans la littérature concernant cette thématique pour l'appréhender au mieux (Poss, 2010), notamment à travers la production de la figure reproduite ici (Fig. 4). Elle cartographie des données actualisées sur les pouvoirs de régénération de différentes lignées de métazoaires afin de discuter de l'histoire évolutive de ce mécanisme. Une telle figure est cruciale pour discriminer entre les hypothèses d'une origine unique de la capacité de régénération ou d'acquisitions indépendantes par convergences évolutives.

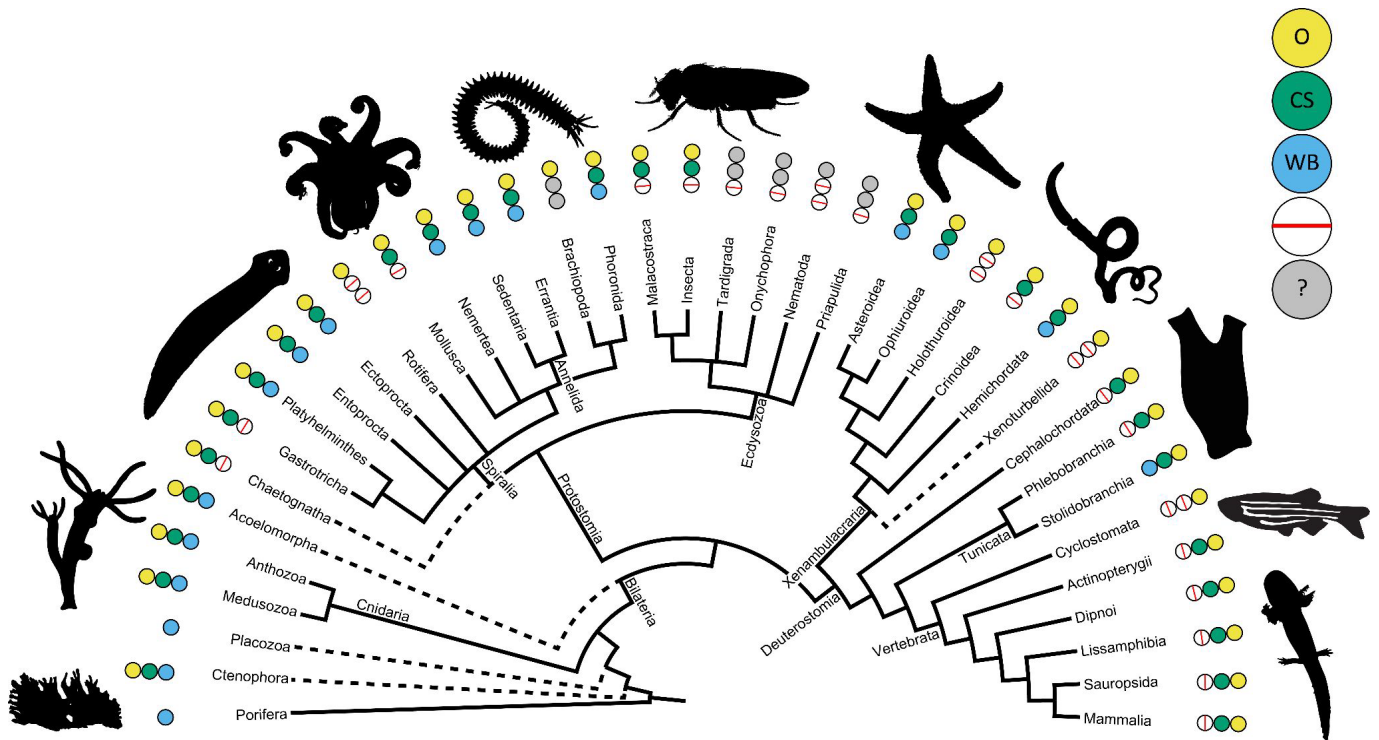


Figure 4 : Cartographie des types de régénération sur l'arbre phylogénétique des métazoaires. La plupart des embranchements de métazoaires comprennent des espèces représentatives dont la capacité à régénérer des organes (O, cercles jaunes) et des structures complexes (CS, cercles verts) est attestée. Bien qu'absente (cercles barrés) chez tous les vertébrés, les ecdysozoaires et quelques autres lignées éparses, la régénération du corps entier (WB, cercles bleus) est un phénomène très répandu chez les métazoaires. L'absence de données étayées (cercles gris) est surtout observée chez les brachiopodes et les ecdysozoaires (tiré de Bideau et al., 2021).

Notre review compile aussi de nombreuses données transcriptomiques permettant d'explorer les processus de régénération à l'échelle des métazoaires. Elle souligne qu'une approche comparative exploitant ce genre de données peut permettre une meilleure compréhension de l'évolution de la régénération chez les animaux. D'autre part, elle fait ressortir l'importance de l'utilisation de la technologie du single cell RNA-seq (scRNAseq) et de l'intégration d'approches épigénomiques pour aider le décryptage des mécanismes contrôlant la régénération et leur évolution chez les animaux. C'est dans ce dernier axe de recherche que je me suis progressivement spécialisé au sein de l'équipe qui a démarré plusieurs projets cherchant à caractériser les modifications des histones (projet de Quentin Schenkelaars, manuscrit en préparation), l'état de la chromatine et la méthylation des acides nucléiques. Cette dernière thématique était le projet d'Anabelle Planques, ATER de notre équipe entre 2017 et 2019, auquel j'ai également participé.

Anabelle Planques a tout d'abord largement contribué à la caractérisation anatomique, cellulaire et moléculaire des différentes étapes de la régénération lors de la régénération postérieure chez *Platynereis dumerilii* (Fig. 5, Planques et al., 2019).

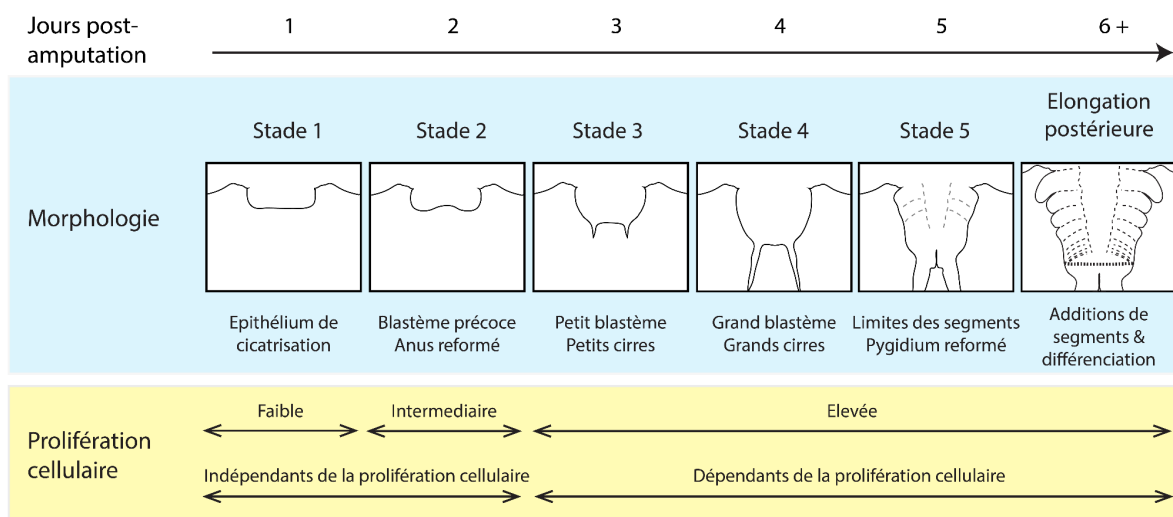


Figure 5 : Résumé schématique des principaux événements de la régénération postérieure de *Platynereis dumerilii*. Un jour après l'amputation (1 jpa), la cicatrisation est terminée. À 2 jpa, un blastème de régénération (structure composée de cellules indifférenciées) se forme et sa taille augmente au cours des jours suivants. Un anus fonctionnel est rétabli à 2 jpa. Le pygidium commence à se différencier à partir de 2 jpa, comme le montre la présence de cirres anaux, et est complètement reformé à 5 jpa. Une zone de croissance régénérée est également déjà présente à 2 jpa et commence à produire des segments qui, à partir de 5 jpa, deviennent morphologiquement distincts. A partir de ce stade, l'élongation postérieure reprend et la régénération est achevée (adapté de Planques et al., 2019).

Anabelle Planques s'est ensuite investie dans la caractérisation de la méthylation des acides nucléiques chez notre ver marin au cours de son développement et de sa régénération postérieure. Nous avons collaboré dans un projet consacré à la méthylation m5C, qui a fait l'objet d'une publication dans BMC Biology (Planques et al., 2021). Notre étude montre que *Platynereis dumerilii* présente des niveaux élevés de méthylation m5C, comparables à ceux observés dans les cellules somatiques de mammifères. La méthylation y est dynamique, avec une baisse notable lors de la transition larvaire vers le stade post-larvaire. Comme expliqué dans la **partie Phylogénomique**, j'ai participé à l'identification de la composition putative chez le dernier ancêtre commun des bilatériens de la machinerie de la méthylation (protéines writers, modifiers et readers) et du complexe NuRD. Anabelle Planques a mis en évidence l'expression variable des membres de cette machinerie durant le développement et la régénération chez *Platynereis dumerilii*. L'inhibition de la méthylation m5C par un agent pharmacologique, la Décitabine, perturbe les processus développementaux et régénératifs,

suggérant ainsi un rôle clé de la méthylation m5C dans ces phénomènes. Cette étude a donc confirmé que notre annélide est un modèle prometteur pour l'étude de cette modification épigénétique, que je continue d'explorer à travers l'encadrement des recherches de Brice Pichard, doctorant ayant intégré notre équipe en 2022 sous la direction initiale de Michel Vervoort et Eve Gazave (voir **partie Projets de Recherche**).

L'investissement récent de mon équipe dans les thématiques d'épigénétique m'a permis d'articuler pleinement l'intérêt pour l'évolution des mécanismes *cis*-régulateurs, développé pendant mon postdoctorat, avec les enjeux de recherche de mon laboratoire. En effet, il est possible d'exploiter des informations sur l'épigénome, notamment la cartographie de l'accessibilité de la chromatine, pour révéler l'emplacement de promoteurs, d'enhancers et d'autres éléments *cis*-régulateurs. Cette cartographie est notamment rendue possible grâce au séquençage haut-débit de la chromatine accessible à la transposase (ATAC-seq) (Buenrostro et al., 2015; Grandi et al., 2022). Avec Michel Vervoort, j'ai donc déposé et obtenu une demande de financement (40000€) lors d'un appel à projet « Emergence en Recherche » auprès de l'IdEx d'Université Paris Cité. Ce projet intitulé « le paysage régulateur de la régénération » a pour objectif de caractériser le paysage épigénétique pendant la régénération postérieure de *Platynereis dumerilii* afin d'identifier des régions *cis*-régulatrices spécifiques de la régénération.

En effet, des études récentes portant sur des organismes modèles de régénération et utilisant une analyse approfondie des génomes, des transcriptomes et des épigénomes ont permis de découvrir des régions régulatrices contrôlant des gènes essentiels à la régénération réparatrice (Goldman & Poss, 2020). Ces régions sont généralement découvertes grâce à l'identification de marques de chromatine ouvertes sur des séquences enrichies dans des régénérats par rapport à des échantillons non lésés. Récemment, l'exploitation de la technique d'ATAC-seq chez le ver acoelomorpha *Hofstenia miamia* a permis de caractériser des régions génomiques épigénétiquement actives hébergeant probablement des éléments enhancer (Gehrke et al., 2019). L'analyse ultérieure de la composition de ces enhancers en sites de fixation de facteurs de transcription peut aider à découvrir des réseaux d'expression génique spécifiques, voire l'activité de facteurs pionniers capables de traduire les signaux de lésion en remodelage de la chromatine. La caractérisation et la dissection *in vivo* de ces enhancers de régénération pourraient faire progresser l'analyse comparative des dynamiques de la régénération restauratrice chez différentes espèces.

Une de mes premières missions a donc consisté à établir des protocoles d'extractions nucléaires à partir d'échantillons de larves, de queues et de blastèmes de *Platynereis dumerilii*. J'ai initié une prestation de service avec l'entreprise Active Motif, afin d'assurer la

prise en charge de nos échantillons (tagmatisation, préparation des librairies ATAC-Seq), le séquençage, et enfin la cartographie des pics d'accessibilité de la chromatine sur le génome de *Platynereis*. Mes résultats préliminaires me semblaient difficilement interprétables. Ils ont pu être analysés en détail grâce au travail de Siméon Hebrew Nthuku, étudiant de première année de Master. Ses compétences en bioinformatique se sont révélées déterminantes pour mettre en évidence des incohérences dans le nombre de pics fournis par Active Motif.

Le stage de Siméon Hebrew Nthuku a en effet permis d'identifier plusieurs freins au déploiement de la technique d'ATAC-seq dans notre équipe.

- L'évaluation morphologique des noyaux issus de blastèmes de *Platynereis dumerilii* (3 jpa, Fig. 5) montre que les échantillons obtenus contiennent des agrégats de débris, probablement liés à la présence de fragments de cuticule résistants issus du prélèvement et au paramètre de centrifugation utilisé. Une optimisation ultérieure du protocole pourrait inclure l'ajout d'une étape d'homogénéisation supplémentaire, l'utilisation d'une solution enzymatique à base de chitinase et l'emploi d'un filtre cellulaire afin d'obtenir des noyaux de meilleure qualité.
- La cartographie et l'analyse des données d'ATAC-seq effectuées par Active Motif reposaient sur des versions antérieures du génome et du transcriptome de régénération de *Platynereis*. La publication récente de nouvelles versions de ces ressources génomiques et transcriptomiques (Mutemi et al., 2024; Paré et al., 2023) ouvre désormais la voie à une cartographie actualisée et plus précise de ces données.
- La plupart des outils utilisés pour analyser les données ATAC-seq ont été adaptés des protocoles d'analyse ChIP-seq. Cependant, l'émergence de pipelines bioinformatiques adaptés à l'ATAC-seq, tels que PEPATAC (Smith et al., 2021), peut permettre d'améliorer la fiabilité de l'identification des pics et de l'analyse en aval.

Ainsi, avec Simon Hebrew Nthuku, nous avons pu déterminer la nécessité de réaliser la préparation des librairies d'ATAC-seq directement dans notre laboratoire. D'autre part, les particularités du génome de *Platynereis* en matière d'annotation et de variabilité, ainsi que l'évolution rapide des pipelines d'analyse des données ATAC-seq, nous ont convaincus de l'importance de développer en interne nos propres outils d'analyse afin d'en assurer une maîtrise complète. À terme, le recours à un prestataire externe serait limité uniquement à l'étape du séquençage.

Après le décès brutal du Pr. Michel Vervoort en décembre 2022, Eve Gazave a repris la direction de l'équipe. J'ai pris en charge le co-encadrement des travaux de thèse de Brice

Pichard (Doctorant BioSPC) sur la régulation de l'épigénome et de l'épitranscriptome de *Platynereis dumerilii* au cours du développement embryonnaire et de la régénération (Autorisation d'encadrement de thèse accordée en avril 2023). Cette décision est étroitement liée à mon investissement dans les thématiques d'épigénétiques, notamment sur la méthylation m5C de l'ADN, mais aussi de par mon expertise en phylogénomique pour diriger l'analyse de la machinerie de la méthylation m6A de l'ARNm (voir **Partie Phylogénomique**). L'avancée des travaux en cours de Brice Pichard sont détaillés dans la **partie Projets de Recherche**.

Projets de Recherche

Parmi tous les projets initiés entre 2011 et 2016, j'ai poursuivi celui concernant la famille des gènes *Prdm*, dont l'histoire évolutive à l'échelle des Métazoaires est déjà publiée (Vervoort et al., 2016). J'ai pour objectif aujourd'hui de réaliser une étude comparative de l'expression de chaque membre de cette famille à l'échelle des annélides. Pour cela, je souhaite combiner des résultats d'hybridations *in situ* au cours du développement de *Platynereis dumerilii* réalisés par plusieurs membres de l'équipe depuis 2011 (Vullien, A., Baduel, L., Meulemeester, D., Béhague, J., Bleuven, C., Thouzé, F., Layan, M., Le Gouez, C.), mais aussi exploiter les nombreux jeux de données transcriptomiques disponibles chez cette espèce (Fig.6, Achim et al., 2018; Chou et al., 2018; Conzelmann et al., 2013; Paré et al., 2023; Schenk et al., 2019; Vergara et al., 2021). Cela me permettra ainsi d'établir une synthèse des expressions et des fonctions des gènes *Prdm* du point de vue phylogénétique des annélides (article en préparation). Cela est d'autant plus intéressant que le génome de *Platynereis dumerilii* contient 10 des 11 représentants ancestraux de cette famille à l'échelle des Bilatériens.

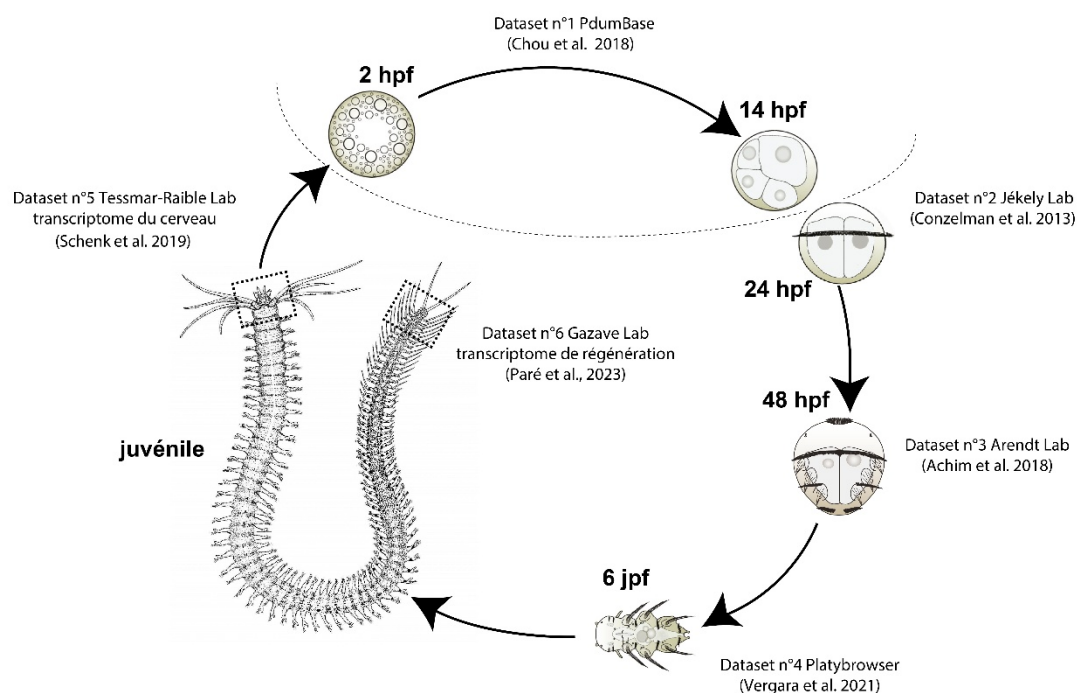


Figure 6 : Datasets collectés en vue d'une analyse de la dynamique d'expression des gènes *Prdm* au cours du cycle de vie de *Platynereis dumerilii*.

Un de mes objectifs de recherche est aussi de poursuivre l'encadrement des étudiant·e·s intégrant l'équipe d'Eve Gazave à différents niveaux de leurs cursus, de la Licence au Doctorat, pour les assister ou diriger leurs recherches en phylogénomiques. Le dernier stagiaire de 1ère année de Master accueilli au sein de l'équipe, Léo Le Boudec, mène actuellement l'analyse phylogénétique de 19 familles de gènes (Facteurs de Transcription, RBP, acteurs du remodelage de la chromatine...) identifiés au cours de recherches bioinformatiques sur des données de single cell RNA-seq chez 9 types de cellules souches appartenant à 15 espèces différentes (Paré et al., in prep). L'objectif est d'étendre nos connaissances sur un programme génétique commun (germline multipotency program ou -GMP) exprimé dans les cellules souches germinales et somatiques de nombreuses espèces (Juliano et al., 2010). Nous voudrions tester leur conservation et leur expression au cours de la régénération, du développement et de l'élongation postérieure de l'annélide *Platynereis dumerilii* (Gazave et al., 2013; Planques et al., 2019).

Au cours de l'année 2026, Brice Pichard terminera sa 4ème de thèse que je co-encadre avec Eve Gazave, durant laquelle il aura exploré les interactions entre les «épi-marques» m5C et m6A dans la reprogrammation cellulaire. La méthylation m5C de l'ADN et m6A des ARNm, jouent en effet un rôle clé dans la régulation transcriptionnelle et l'identité cellulaire. m5C est associée à une répression transcriptionnelle, tandis que m6A régule la stabilisation et la dégradation des ARNm. Toutes deux contribuent donc au maintien et à la différenciation cellulaire (Greenberg & Bourc'his, 2019; Ru et al., 2020). De manière intéressante, des interactions directes entre les méthylations m5C de l'ADN et m6A des ARNm ont récemment été révélées dans des contextes de différenciation cellulaire (Deng et al., 2022; Ge et al., 2024).

Pour déterminer l'histoire évolutive de la machinerie associée à la méthylation m6A, nous avons récupéré les séquences homologues putatives de 19 protéines humaines (10 writers, 1 eraser, and 8 readers) dans les protéomes de 50 espèces aux positions phylogénétiques clés dans l'arbre des métazoaires. La plupart d'entre eux sont conservés chez les métazoaires, à l'exception du writer CAPAM, de l'eraser ALKBH5 et des deux readers HNRPC et HNRPG, que l'on ne trouve que chez les bilatériens. De manière surprenante, l'eraser FTO ne se trouve que chez les deutérostomiens. Par conséquent, l'ancêtre des métazoaires possédait presque toute la panoplie des writers et des readers de la machinerie m6A, mais aucun eraser connu.

Pour comprendre comment ces épi-marques, et leurs interactions, régissent la reprogrammation cellulaire, Brice Pichard exploite la régénération postérieure de *Platynereis dumerilii* durant laquelle la perte des cellules souches responsables de sa croissance est

compensée par la dédifférenciation de cellules adjacentes au site d'amputation (Bideau et al., 2024). Les travaux d'Anabelle Planques ont montré que *Platynereis dumerilii* possède un génome fortement méthylé et que m5C joue un rôle clé dans la régénération notamment des cellules souches de la zone de croissance (Planques et al., 2021). Brice Pichard travaille à fournir une description plus fine de la dynamique de cette méthylation et de comprendre ses effets sur les trajectoires cellulaires lors de la reformation des tissus. En collaboration avec Anaïs Bardet (IGBMC, Strasbourg), nous utilisons la pipeline MethyLasso (Balaramane et al., 2024) pour analyser les données de Whole Genome Bisulfite Sequencing (WGBS) qu'il a générées pour 5 stades de régénération. Cette collaboration est particulièrement pertinente étant donné que notre annélide possède un génome fortement méthylé, similaire à ceux des mammifères pour lesquels MethyLasso a initialement été conçu. Cet outil permet en effet d'identifier plusieurs catégories importantes de régions génomiques : des régions faiblement méthylées (Low Methylated Region, Un-Methylated Region et DNA Methylation Valley - LMR, UMR et DMV), généralement associées à une activité régulatrice, ainsi que des régions dont le niveau de méthylation est très variable (Partially Methylated Region - PMD), caractéristiques de contextes spécifiques tels que les cellules en cours de reprogrammation (Fig. 7).

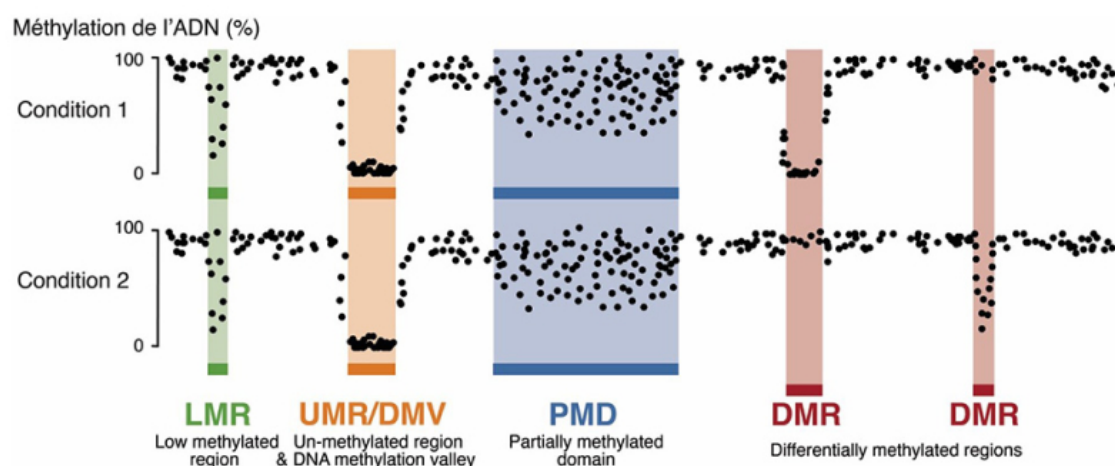


Figure 7 : Résumé Graphique des différents types de régions détectées par la pipeline MethyLasso (Balaramane et al., 2024). Le niveau de méthylation de chaque cytosine le long du génome est représenté par un point.

Nous allons étudier les liens entre méthylation de l'ADN et expression génique en régénération, en analysant les régions différenciellement méthylées (DMRs) identifiées à partir de données de RNA-seq et de WGBS (Fig. 7). Le traitement par décitabine, un agent hypométhylant, entraîne un ralentissement de la régénération et des anomalies persistantes dans les tissus nouvellement formés, probablement dues à un impact sur les cellules souches

de la zone de croissance (Planques et al., 2021). L'intégration approfondie des données transcriptomiques et épigénomiques nous permettra de déterminer comment ces modifications de méthylation influencent l'expression génique et génèrent ces défauts tissulaires.

Brice Pichard mène une caractérisation similaire de la méthylation m6A des ARNm lors de la régénération postérieure de *Platynereis dumerilii*, à travers une analyse phylogénétique et transcriptomique des différents membres de la machinerie associée à cette épi-marque. Pour évaluer le rôle fonctionnel de m6A, il utilise l'agent pharmacologique STM2457, qui bloque le dépôt de cette méthylation (Dai et al., 2024) et provoque un ralentissement de la régénération. L'analyse des effets de cette inhibition, aux niveaux cellulaire et moléculaire, indique que la prolifération cellulaire (EdU) n'est pas affectée, mais qu'un grand nombre de cellules entrent en apoptose (TUNEL). Brice Pichard va donc caractériser l'impact de cette apoptose excessive sur la formation des tissus régénérés.

Pour explorer l'interaction entre les méthylations m5C et m6A, il analysera si la méthylation m5C régule l'expression des gènes impliqués dans la machinerie m6A, en mesurant notamment l'effet de la décitabine sur les niveaux globaux de m6A dans les ARNm. Il testera l'influence inverse en analysant les modifications du profil de méthylation m5C suite à un traitement avec l'inhibiteur STM2457, ce qui permettra de déterminer si ces deux types d'épi-marques contrôlent ensemble un groupe spécifique de gènes lors de la dédifférenciation et de la reprogrammation cellulaire. L'ensemble de ses travaux feront l'objet de deux publications accompagnant la soumission de son manuscrit de thèse.

Je souhaite également poursuivre mes travaux sur la caractérisation du paysage régulateur de la régénération, initiés par l'obtention du financement Émergence en Recherche (IdEx d'Université Paris Cité) qui a notamment servi à l'encadrement du stage de Siméon Hebrew Nthuku en 2022. Je propose de caractériser le paysage épigénétique pendant la régénération postérieure de *Platynereis dumerilii*, afin d'identifier différents types de régions *cis*-régulatrices de la régénération : "enhancers de régénération/développement", "enhancers spécifiques de régénération" et "enhancers induits par mémorisation des lésions" (après des amputations sériées). Mon objectif est de caractériser ces enhancers par une analyse comparative (ATAC-seq) sur des stades larvaires, de croissance normale et de régénération (Phase 1, voir Fig. 8).

En exploitant les données de bulk RNA-seq (voir Fig. 6) et de scRNA-seq au cours de la régénération et du développement larvaire accumulées par notre équipe et la communauté *Platynereis*, je vais pouvoir confirmer l'expression dynamique des gènes putatifs contrôlés par les différents enhancers identifiés. Une analyse minutieuse de ces enhancers, notamment à travers une comparaison inter-espèces (en collaboration avec Yves Clément, MCU en bioinformatique dans notre équipe), pourrait révéler des motifs conservés de sites de fixation de facteurs de transcription. L'ensemble de ces données pourrait également être exploité pour entraîner des algorithmes de Deep Learning comme AlphaGenome (Avsec et al., 2025), qui semblent constituer des outils puissants pour déchiffrer le code de régulation génétique. La détection d'enhancer dans le génome de *Platynereis* pourrait ainsi conduire à l'identification de nouveaux facteurs cruciaux de la régulation de la régénération.

L'étude *in vivo* d'une sélection de ces régions régulatrices à l'aide de gènes rapporteurs m'aidera à mieux comprendre la dynamique de régénération restauratrice chez notre espèce modèle (Phase 2, Fig. 8). Cela passe par l'injection d'une construction rapportrice composée des enhancers de régénération insérés en amont d'un promoteur minimal et d'un gène GFP. Pour les "enhancers de régénération/développement", ce type de construction peut facilement être testé chez les larves de *Platynereis* par transgénèse transitoire basée sur des transposons, après injection d'œufs fécondés, comme cela a été fait précédemment (Backfisch et al., 2014; Özpolat et al., 2017). La dynamique d'expression de ces gènes rapporteurs est ensuite suivie par microscopie confocale.

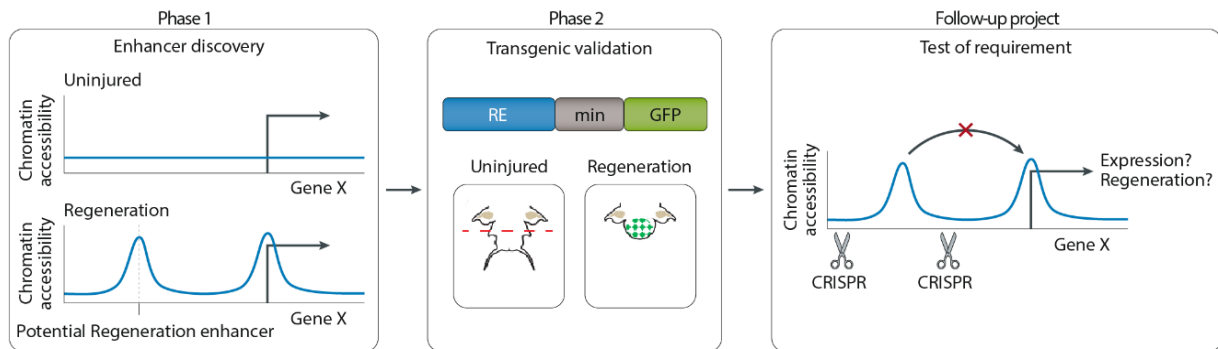


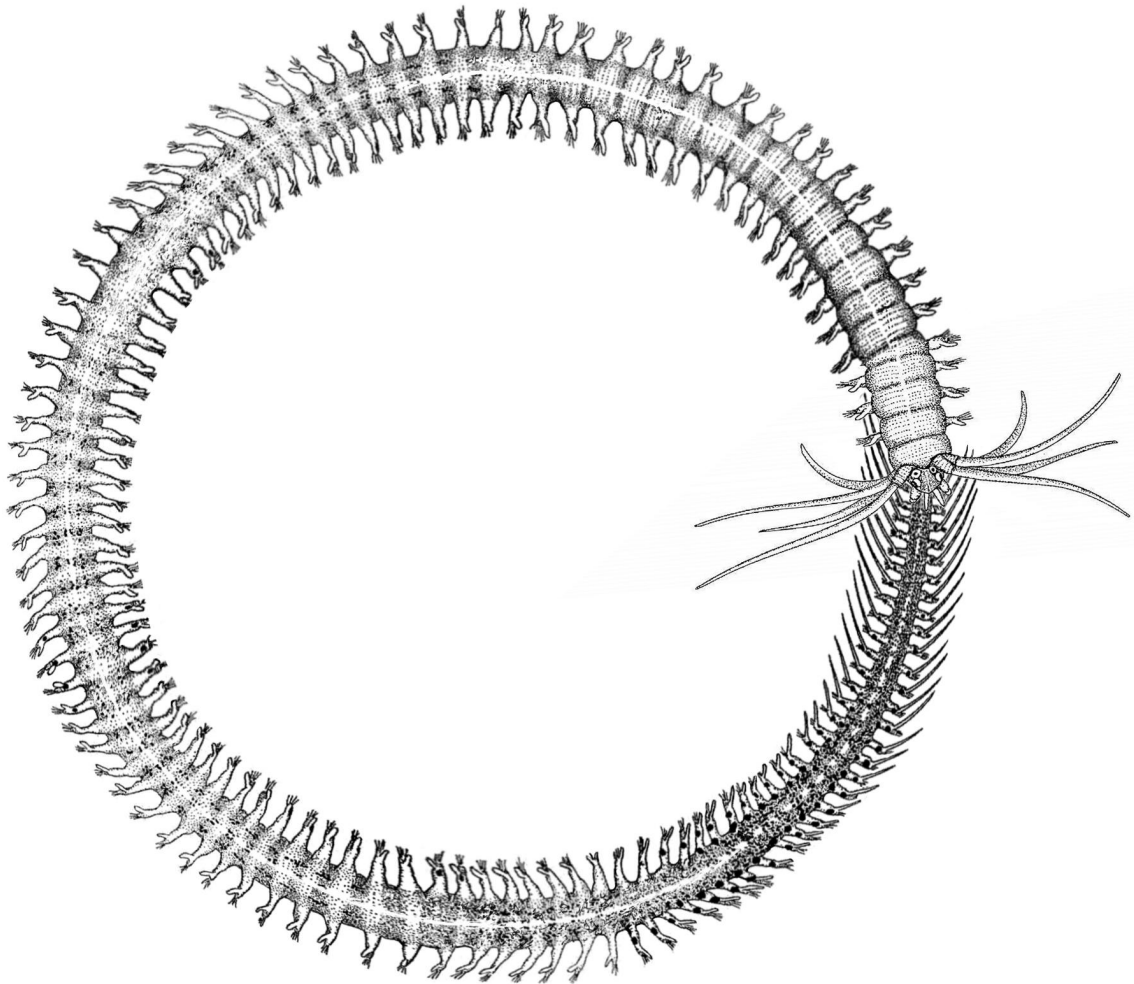
Figure 8 : Workflow de mon projet pour l'identification et l'analyse des enhancers de régénération. Dans la phase I, j'identifierai des régions de séquence avec une configuration de chromatine active ou ouverte dans différents contextes (développement, élongation postérieure et régénération). Dans la phase 2, les enhancers de régénération putatifs (RE - bleu) seront insérés en amont d'un promoteur minimal (gris) dirigeant le gène rapporteur GFP. Dans le cadre d'un projet à long terme, la microdissection d'enhancers peut ensuite être réalisée *in vivo* à l'aide de constructions rapportrices transitoires ou d'une édition directe du génome, comme illustré (adapté de Goldman & Poss, 2020).

Je souhaite aussi générer des vers transgéniques F0 dérivés d'œufs injectés, comme déjà fait avec succès chez *Platynereis* (Backfisch et al., 2014). La fluorescence de la GFP dans ces vers sera ensuite suivie au cours de leur croissance normale et dans des contextes de régénération. Ces vers transgéniques seront essentiels pour valider notre collection d'enhancers putatifs *in vivo* et pour évaluer leur activité lors de la régénération.

Enfin, il peut être envisageable de procéder à des microdissections de ces régions régulatrices à l'aide de la technologie CRISPR/Cas9 (Fig. 8), déjà utilisée avec succès chez *Platynereis dumerilii* (Bezares-Calderón et al., 2018). Cela pourrait fournir des informations cruciales sur la grammaire *cis*-régulatrice utilisée lors des événements de régénération chez *Platynereis dumerilii*. En regard des données épigénétiques accumulées par notre équipe et la communauté *Platynereis*, voire à l'échelle des métazoaires, cela permettrait d'interroger fondamentalement le fonctionnement de l'organisation de la chromatine lors de la régénération animale (Jia et al., 2023).

Je souhaite développer ce projet de recherche, après l'obtention de mon HDR, à travers un dépôt de sujet de stage de M2 puis l'encadrement d'une thèse dédiée.

Le cercle vertueux de la communication scientifique



**Synthèse des travaux d'Enseignement
et de communication Scientifique**

Introduction

Passionné par l'enseignement dès le début de mon cursus universitaire, je me suis rapidement investi, dès le doctorat, dans l'encadrement de stages étudiants et la réalisation d'enseignements en tant que vacataire. En 2008, j'ai consolidé cet engagement en obtenant un demi-poste d'ATER pour financer ma quatrième année de thèse, avant d'être nommé Maître de Conférences en 2011 à l'Université Paris Diderot (aujourd'hui Université Paris Cité). Actuellement, j'y enseigne l'Évolution, la Biodiversité, la Biologie des Animaux, les Neurosciences, la Biologie et la Génétique du Développement, ainsi que la Communication et la Vulgarisation Scientifiques à destination du grand public, couvrant ainsi l'ensemble des niveaux du cursus universitaire, de la première année de Licence jusqu'au M2.

Parallèlement à mes activités de recherche, je m'investis pleinement dans les autres missions essentielles d'un Enseignant-Chercheur : l'enseignement (voir **partie Enseignement**), l'organisation de la vie universitaire (voir **Annexe D**) et la communication scientifique vers le grand public. Convaincu de la nécessité d'une synergie entre ces différents domaines, j'ai toujours œuvré pour créer un cercle vertueux associant étroitement recherche, pédagogie, vulgarisation et organisation universitaire.

Cette volonté s'est concrétisée à travers la création de nouvelles Unités d'Enseignement transversales telles que l'UE libre « Culture Biologique Numérique » (CBioNum). Ce projet, cofondé avec Patrick Laurenti, repose sur un constat essentiel : enseigner et communiquer le savoir scientifique constituent des moyens efficaces d'en approfondir soi-même la compréhension. Autrement dit, transmettre une notion scientifique impose d'en explorer toutes les facettes afin de la présenter clairement et efficacement. Cette UE constitue donc une manière innovante d'enseigner, tournée vers l'apprentissage actif. Aujourd'hui, [CBioNum](#) est un blog étudiant alimenté par des contributions issues de plusieurs unités d'enseignement, obligatoires ou facultatives, en Licence et Master, ainsi que par des participations extracurriculaires.

CBioNum fait naturellement écho à mes activités personnelles et extra-professionnelles. En effet, j'entretiens une activité soutenue et diversifiée de vulgarisation scientifique depuis 2009 et la création de mon blog (**partie Vulgarisation et Médiation Scientifiques**). Enfin, CBioNum a été le point de départ d'un ambitieux projet d'innovation pédagogique pour créer une alliance de comités de lecture (ACoLe), visant à renforcer les liens entre l'Université, le monde de la communication scientifique et les grands enjeux sociétaux contemporains (voir **Projet ACoLe**).

Enseignement

J'enseigne dans plusieurs disciplines principales liées à mon travail de recherche (Evolution et Développement) ainsi que les principales directions pédagogiques valorisées à l'échelle de mon UFR (Ecologie et Communication Scientifique) pour les licences Sciences du Vivant et Sciences de la Vie et de la Terre (SV/SVT), pour la licence et le master européen de génétique (MEG), pour le master Neurosciences et pour le master Risques et Environnement (R&E). J'assure la responsabilité de plusieurs UE et me suis impliqué dans la création de certaines d'entre elles. De 2016 à 2021, j'ai été membre élu du Conseil d'Enseignement de l'UFR Sciences du Vivant, et je siège actuellement au Conseil d'Administration. Depuis septembre 2022, je suis co-responsable du domaine Biodiversité-Ecologie-Evolution (BEE) avec Élodie Martin.

Evolution :

L1 SV/SVT « Diversité et évolution des Organismes vivants » (co-responsable depuis 2019)
M1 R&E « Biodiversité et Evolution »
M1 MEG « Plasticité et évolution du développement » (co-créditeur et co-responsable)
M1 Neurosciences « Neurodéveloppement et évolution » (co-créditeur et co-responsable)
M2 MEG « Evolution and Development » (responsable)

Biologie du Développement :

L3 MEG « Biologie du développement animal » (créditeur et responsable)
M1 MEG « Génétique du Développement »

Ecologie :

L1/L2 UPCité « BiodiverCité » (co-créditeur et co-responsable)
M1 R&E « Formation au diagnostic écologique » (co-créditeur)

Communication Scientifique :

L1/L2 SV/SVT « Culture biologique du numérique » (co-créditeur et responsable)
M1 MEG « Communication Scientifique » (co-Responsable)

Depuis ma titularisation, j'ai contribué à plusieurs projets de transformation pédagogique, notamment des Travaux Pratiques de l'UE "Diversité et Évolution des Organismes Vivants", dont j'assure désormais la co-responsabilité et la majorité des cours magistraux. J'ai également participé à l'élaboration des nouvelles maquettes des licences SV, SVT, MEG et du master R&E, ainsi qu'à la coordination des UE Supradomaines depuis 2018.

Je suis également porteur de plusieurs projets d'innovations pédagogiques dans le cadre de divers réponses à appels à projets :

2025 Congé pour Projet Pédagogique (CPP durée 6 mois) pour développer ACoLe
2023 Projet ACoLe (AAP Innovation pédagogique –IdEx UPCité) (26 600 €)
2023 Projet CBioNum 2.0 (AMI Faculté des Sciences) (2000 €)

2022 Projet BiodiverCité (AAP Innovation pédagogique –IdEx UPCité) (40 099 €)
2022 Projet Papier-Mâché (AMI Faculté des Sciences) (4443 €)
2021 Projet UNaturalist : exploitation d'applications de smartphone pour identifications naturalistes (partenariat pédagogique dans le cadre du "Projet Ulab" de l'Institut des Défis, cofondé par le Learning Planet Institute (LPI 750 €)
2018 Co-porteur du projet « Optique » pour équiper l'UFR Sciences du Vivant de matériel de captation vidéo adapté aux prises de vues sur le terrain et en vue d'une création d'une médiathèque iconographique naturaliste. (17 240 €)
2017 Prix de l'innovation numérique (IN2017), Université Paris Diderot (5000 €)
2016 allocation d'un CRCT pédagogique de 48h pour le développement pédagogique de l'UE 'Culture Biologique Numérique'

Ces projets s'articulent autour de deux axes : l'observation naturaliste et la vulgarisation scientifique. Une troisième voie, la ludopédagogie, est en cours de développement avec Guillaume Anquetin (UFR de Chimie) et le soutien d'Anaïs Poulolo (Pôle d'Innovation Pédagogique). Nous avons constitué un groupe de réflexion et de partage de pratique en vue de la création d'un Gamelab, dans le cadre d'un AAP prévu en 2026.

Le projet CBioNum reste toutefois le pivot de mes démarches d'innovation pédagogique orientées vers la vulgarisation scientifique. Ce projet a bénéficié d'une allocation d'un CRCT pédagogique, remporté le Prix de l'innovation numérique (IN2017), bénéficié de deux financements de la Faculté des Sciences dans le cadre des AMI Médiation Scientifique 22/23 et enfin obtenu récemment le soutien de l'UFR Sciences du Vivant (AAP interne 4806 €) pour célébrer ses 10 ans et continuer à évoluer comme un véritable laboratoire d'apprentissage. Il constitue aussi le socle de mon projet d'Alliance de Comités de Lecture (**Projet ACoLe**) qui nourrit notamment des collaborations avec le monde de la didactique des sciences (projet VULGA-BLOG AAP Émergence Recherche – Début de carrière d'Alice Di Fabio, LDAR, Laboratoire de didactique André Revuz).

Plusieurs projets intègrent des applications mobiles d'identification naturaliste, telles qu'iNaturalist. Avec Christine Rampon, Lucie Schurr et Adrien Perrard, nous avons monté un partenariat pédagogique dans le cadre du "Projet Ulab" (Institut des Défis), pour créer une UE transversale autour de ces outils. L'UE "BiodiverCité", ouverte en 2024, invite les étudiant·e·s à organiser une sortie naturaliste à l'occasion du [City Nature Challenge \(Défi Nature Urbaine en Île-de-France\)](#). Ce projet bénéficiera prochainement de l'accompagnement de David Laille, Ingénieur pédagogique du [Projet P.A.R.I.S / Fire-UP](#).

Enfin, mon engagement pour une vulgarisation scientifique à visée pédagogique et citoyenne s'exprime aussi à travers des initiatives hors UFR, comme ma participation à l'Université Ouverte depuis 2017 (conférences sur le parasitisme et l'histoire du cerveau).

Vulgarisation et Médiation Scientifiques

C'est au cours de ma dernière année de thèse que j'ai entamé mon activité de vulgarisation scientifique à travers la création du blog « Strange Stuff and Funky Things », sélectionné pour rejoindre l'association en ligne de vulgarisateur·ice·s scientifiques francophones du Café des Sciences. Au sein de cette communauté, j'ai obtenu le poste de Vice-Président entre 2012-2017. Durant mon mandat, j'ai créé deux communautés de vulgarisation dédiées à l'illustration (Strip Science) et la vidéo (Vidéosciences). Pour faciliter et promouvoir la pratique de la vérification des faits et de la relecture par les pairs, j'ai œuvré à la création de groupes de relectures répartis en domaines (Biologie, Sciences Humaines et Sociales, etc.).

En parallèle, ma production personnelle en vulgarisation scientifique explore des formats très diversifiés : Livres et BD (5 chez Belin, Flammarion, Dunod & Delcourt), Radio (France Culture/France Inter), Podcast (Podcast Science), TV (Science & Vie TV), Vidéos (Séries Etymothèque et Evolessons), Réseaux Sociaux (Facebook, Instagram, Bluesky, Mastodon, TikTok), Événementiels (Pint of Science, Musée d'Orsay, etc.) [liste exhaustive dans **Annexe A : Curriculum Vitae**].

En tant que Maître de Conférences, j'ai rapidement cherché à créer des ponts entre le monde de la recherche, de la pédagogie, de la vulgarisation scientifique et de la structure universitaire. J'ai rejoint notamment en 2020 le groupe de travail de la Faculté des Sciences « Accompagnement des actions de médiation scientifique » dont je fais toujours partie. J'ai été mandaté par Xavier Coumoul, Vice-président à la Culture scientifique et à son Rayonnement d'Université Paris Cité pour une mission consacrée à un état des lieux de la communication entre 2022 et 2023. A cet égard, j'ai développé une cellule communication à l'échelle de l'Université, et co-rédigé deux demandes de labellisation SAPS (Science Avec et Pour la Société), de l'[Université Paris Cité](#) d'une part et de projets ANR 2018-2019 [[SCENICS](#) (SCiencE uNIversité Cnrs Société)] d'autre part, qui ont toutes deux été obtenues (442500€) et ont ouvert des soutiens à des initiatives incluant un volet vulgarisation scientifique. J'ai poursuivi ces activités dans [l'équipe décanale de la Faculté des Sciences](#) suite à l'attribution d'une mission sur la Communication et la Vulgarisation Scientifiques, notamment à travers l'organisation d'une [cinquième AMI Médiation Scientifique](#) (après avoir organisé l'évènement de restitution « [Fais voir ta Science](#) »). Aujourd'hui le groupe de travail est dirigé par Nawal Serradji (MCU UFR de Chimie), épaulée par Zélie Tournoud, Chargée de Médiation Scientifique de la Faculté des Sciences d'Université Paris Cité.

J'organise ainsi de nombreux projets universitaire de médiation scientifique :

2025 Événement « 10 ans de l'UE CBioNum » (4806 € AAP interne UFR SDV)
 2025 Projet Le Jargon des Labos (2700 € AMI Faculté des Sciences)
 2025 Projet T.R.E.S.O.R à 6 pattes (2730 € AMI Faculté des Sciences)
 2024/25 Co-organisation partenariat Université Paris Cité & Festival Double Science
 2024 Co-organisation "Fais voir ta Science" (Faculté des Sciences)
 2024 Participation au colloque Telling Science Drawing Science
 2024 Co-organisation et participation à la Nuit Blanche Lunaire (IPGP)
 2024 Animations iNaturalist lors de la fête du personnel d'Université Paris Cité
 2023 Co-organisation de la Journée des Initiatives Pédagogiques (JIP)
 2022-présent Encadrement d'étudiant·e·s pour des projets de Podcasts Universitaires pour 100 pour Sciences, Webradio d'Université Paris Cité (Enseignant référent de l'UFR SDV) : [TetraPod](#) et [Gène Z](#).
 2022-2023 Exposition itinérante BiodiverCité (AMI Faculté des Sciences) en partenariat avec le pôle Culture d'Université Paris Cité (15 000 €) [Grands Moulins, Station Forestière, LPI, Cité Universitaire Internationale]
 Juin 2018 Animation du compte Twitter ComSciComCa pour vulgariser le métier d'Enseignant Chercheur dans le cadre d'un stage de terrain (Auvergne)
 Juin 2018 Intervention dans le cadre du MOOC Centre Virchow-Villermé – Formation Interne – Usage de la vidéo dans le cadre pédagogique
 2013-2015 Organisation de diffusions de documentaires naturalistes pour les étudiant·e·s : Cycle Unideosciences

Mes activités de vulgarisation et médiation scientifique ont généré un intérêt académique auprès de plusieurs communautés d'étudiant·e·s et collègues, notamment issus des sciences humaines. Cela me conforte dans l'idée qu'un cercle vertueux, notamment interdisciplinaire, peut se mettre en place. J'ai ainsi participé à plusieurs entretiens pour la préparation de mémoires de recherche en Sociologie, Didactique des sciences, etc. : Benoist Blanchard (Thèse en Sciences de l'information et de la communication et en Arts), Paul Guille-Escuret (Master LOPHISS, Université Paris Diderot), Eva Gril (Master de Didactique des Sciences, Montpellier), Gwenaëlle Derrien (Master Information et médiation scientifique et technique), Dominique Pasquier (EHESS), Morgane Cretin-Reina & Gabrielle Rasata (Graphisme/Design).

Très récemment, Careylha Fitia Eric Andriana, a effectué son stage de deuxième année de Licence Sciences Pour un monde Durable sous ma supervision. Son sujet, l'organisation de la médiation scientifique universitaire face aux enjeux de la culture scientifique et de la démocratie participative, crée un précédent opportun au sein de la Faculté des Sciences pour que ces activités deviennent un sujet de recherche académique en soi.

Mon activité autour du projet ACoLe s'est aussi traduite par la participation à des colloques (Telling Science Drawing Science, Journée d'Étude sur les écritures alternatives).

Alliance de Comités de Lecture (ACoLe)

Le cercle vertueux généré par la médiation et vulgarisation scientifiques

La pratique de relecture en vulgarisation, catalyseur d'innovation en recherche et pédagogie

Un premier projet élaboré pendant la dernière année de ma thèse en 2009, le blog [Strange Stuff and Funky Things](#), est devenu un véritable laboratoire d'interactions entre les mondes académique, de l'enseignement et de la vulgarisation destinée au grand public. Le sujet principal des articles publiés sur le blog concerne l'évolution et certains sont en lien direct avec mon activité de recherche. J'ai aussi rapidement décidé d'ouvrir l'accès au blog à des collègues, qu'il s'agisse de membres de mon laboratoire (e.g. Adrien Demilly), d'étudiant·e·s (e.g. France Thouzé), ou de collègues de mon équipe enseignante (e.g. Patrick Laurenti, Christine Rampon et Véronique Borday-Birraux). Après quelques années d'existence, j'ai pu remarquer un mécanisme de cercle vertueux initié par certains articles de vulgarisation, qui pouvaient contribuer aux contenus et aux formats d'enseignement (et vice-versa), mais surtout déboucher sur des publications dans le monde académique, elles-mêmes de nouveau discutées au sein de canaux de vulgarisation scientifique. Ainsi, [un billet de mon blog présentant la technique CRISPR-Cas9](#) (rédigé par Adrien Demilly et moi-même) a incité deux collègues à rédiger un article scientifique publié dans médecine/science (Casane & Laurenti, 2016), lui-même discuté par Marc-Robinson Rechavi sur son blog "[Tout se passe comme si](#)".

Un autre exemple concerne [le billet que Patrick Laurenti a consacré aux coelacanthes sur mon blog](#), et qui a donc bénéficié de ma relecture des points de vue scientifique comme de la vulgarisation. Initié par ses propres contenus pédagogiques, Patrick Laurenti a pu mûrir ses réflexions au sujet de l'usage de l'expression "fossile-vivant" dans divers médias, publications de vulgarisation et articles scientifiques. Ce billet de blog a été le point de départ d'un travail approfondi, conduisant à la préparation d'un manuscrit soumis, avec son collègue Didier Casane, dans la revue Bioessays (Casane & Laurenti, 2013). Depuis, cette publication a généré un réel engouement pour la question et entraîné un débat tant dans la communauté scientifique (e.g. Cavin & Guinot, 2014), que sur les plateformes de vulgarisation ([presse en ligne](#), [blog](#), [vidéo YouTube](#), etc.), illustrant bien cette idée d'un cercle vertueux favorable aux milieux de la recherche, de l'enseignement et de la vulgarisation scientifique.

Ces deux exemples démontrent ainsi l'importance d'ouvrir les frontières entre le monde académique, celui des étudiant·e·s et le grand public, si tant est que la rigueur et l'exigence factuelle caractéristiques du monde scientifique sont respectées, notamment par la

systématisation des pratiques de relecture par les pairs.

Le développement progressif de protocoles de relecture scientifique en CSTI

L'impératif de cette pratique de vérification des faits et d'évaluation des contenus dans le milieu académique est intrinsèquement lié à son caractère obligatoire tant du point de vue de la valorisation de la recherche scientifique (à travers la publication d'articles dans des revues à comités de lecture), que pour le recrutement, l'avancement de carrière ou encore l'obtention de financement. Mais qu'en est-il de l'application de cette méthode dans le monde de la vulgarisation et de la CSTI (culture scientifique, technique et industrielle) ?

Mon expérience personnelle (publication d'ouvrages destinés au grand public, interactions avec les rédactions de magazines de vulgarisation scientifique), m'a permis de réaliser à quel point l'activité de vérification des faits et de relecture par les pairs était peu pratiquée voire tout à fait absente au cours des processus éditoriaux. J'ai donc fait le choix d'imposer cette pratique académique au monde de l'édition classique lors de la rédaction de tous mes ouvrages de vulgarisation pour lesquels mes éditeurs et moi avons sollicité des expert·e·s du domaine pour réaliser une vérification factuelle. Pour mon livre *Moi, Parasite*, alors que les éditions Belin n'ont pas de service ou partenaires de vérification factuelle, celle-ci a été assurée par Dr. Sophie Labaude, employée à cette occasion par l'entreprise [Big Bang Science Communication](#). Un exemple récent est plus encourageant pour la bande dessinée *L'Odyssée Évolutive* qui a bénéficié de la relecture scientifique d'Alexa Sadier (CR CNRS, ISEM), grâce au soutien logistique et une rémunération assurée par les éditions Delcourt.

Dans d'autres contextes, certaines communautés comme celle du [Café des Sciences](#) ou [Papier-Mâché](#), sont déjà sensibilisé·e·s à l'utilité de la pratique d'évaluation par les pairs, grâce à la présence de nombreux acteur·rice·s issu·e·s du milieu académique parmi leurs adhérent·e·s. Il est cependant nécessaire qu'une infrastructure coordonne les besoins et compétences des membres pour que ce travail de relecture puisse être effectif et efficient. J'ai ainsi personnellement participé, en tant que Vice-Président du Café des Sciences (Mandat 2012-2017), à la mise en place de groupes de relectures thématiques entre passeur·se·s de science. D'autre part, le règlement intérieur et la charte de bonne conduite des membres du Café des Sciences (admis après évaluation de leur contenu de vulgarisation), soulignent que "les membres s'engagent à diffuser dans la mesure du possible des informations correctes et vérifiables, notamment en indiquant leurs sources d'information. Lorsque des erreurs factuelles dans leur contenu leur sont signalées, ils et elles publient une forme d'erratum."

Enfin, mes missions de relectures de scripts dans des initiatives récentes de vulgarisation scientifique (pour les chaînes du [Vortex](#) [Arte], [Zeste de Science](#) [CNRS], [Scilabus](#) ou [La Boîte](#)

[à Curiosités](#)) montrent l'intérêt croissant pour une forme de validation scientifique des contenus à destination des grands publics, notamment à travers la sollicitation d'expert·e·s externes et l'allocation de budgets spécifiques à la vérification des faits.

Ces divers prototypes déontologiques au sein des communautés de vulgarisation scientifique, en particulier chez les professionnels-amateurs (pro-am), a d'ailleurs fait l'objet de nombreuses études sociologiques, didactiques et en science de la communication (Adenot, 2016; Debove et al., 2021). Ces dernières soulignent l'intérêt majeur de telles initiatives, notamment dans un contexte de défiance face aux informations scientifiques et en raison de l'influence grandissante des vulgarisateur·rice·s auprès d'un jeune public, qui se trouve ainsi sensibilisé aux questions des sources et vérifications des faits. Néanmoins, ces études révèlent la fragilité de ces initiatives sans soutien pérenne à travers l'implication des institutions qui doivent s'engager à valoriser cette déontologie.

Vérification des faits et évaluation par les pairs au cœur de l'innovation pédagogique

L'UE Culture Biologique Numérique, créée avec mon collègue Patrick Laurenti (MCU, UP Cité) en 2016, est un projet éducatif de communication scientifique à l'aide d'outils numériques : les étudiant·e·s ont pour objectif de produire un blog de vulgarisation scientifique contenant des billets, des vidéos et des podcasts. Pour développer ce nouveau type d'enseignements, nous avons bénéficié d'un CRCT pédagogique ayant abouti à l'obtention du Prix de l'innovation pédagogique numérique IN2017. Pour ce congé et cette distinction, les jurys sollicités ont notamment été sensibles à l'intégration de modules de vérification des faits et d'évaluation par les pairs dans ces UE.

En effet, les modalités de travail s'appuient sur le modèle académique de revue par les pairs : les étudiant·e·s participent à plusieurs cycles de relectures et de vérification des faits, entre eux mais aussi avec leurs enseignant·e·s et des collaborateur·rice·s extérieur·e·s (journalistes, vulgarisateur·rice·s, etc.). Un tel processus de cycles de "revue par les pairs" brise de surcroît le schéma de la note unique issue d'une relation verticale avec les enseignant·e·s et permet de prendre en compte les améliorations successives des productions (Fig. 9). Plusieurs partenariats ont ainsi été mis en place avec les associations de vulgarisation scientifique, le Café des Sciences et Papier-Mâché, pour effectuer des interventions et des relectures de productions scientifiques vulgarisées. Ces deux associations sont en effet connues pour leur promotion de processus de révision par les pairs, ainsi que des relectures de forme par des non spécialistes, assurant une vulgarisation factuelle, claire et agréable.

Cet enseignement actif (Collis & Moonen, 2002), suscitant le désir d'amélioration de leur

production par les étudiant·e·s s'inscrit dans "une pédagogie qui encourage les étudiant·e·s à contribuer à l'apprentissage des autres et à valoriser les contributions des autres" (Hamer et al., 2008). Plus particulièrement, la pratique de l'évaluation et la relecture par les pairs (peer assessment & peer reviewing") brise une évaluation verticale fournie par les enseignant·e·s de manière non itérative et propose plutôt, à travers un processus cyclique, un moyen aux étudiant·e·s d'aiguiser "leur esprit critique et de synthèse tout en multipliant les occasions de développer d'importantes compétences affectives, sociales, de communication et de jugement" (Søndergaard & Mulder, 2012).

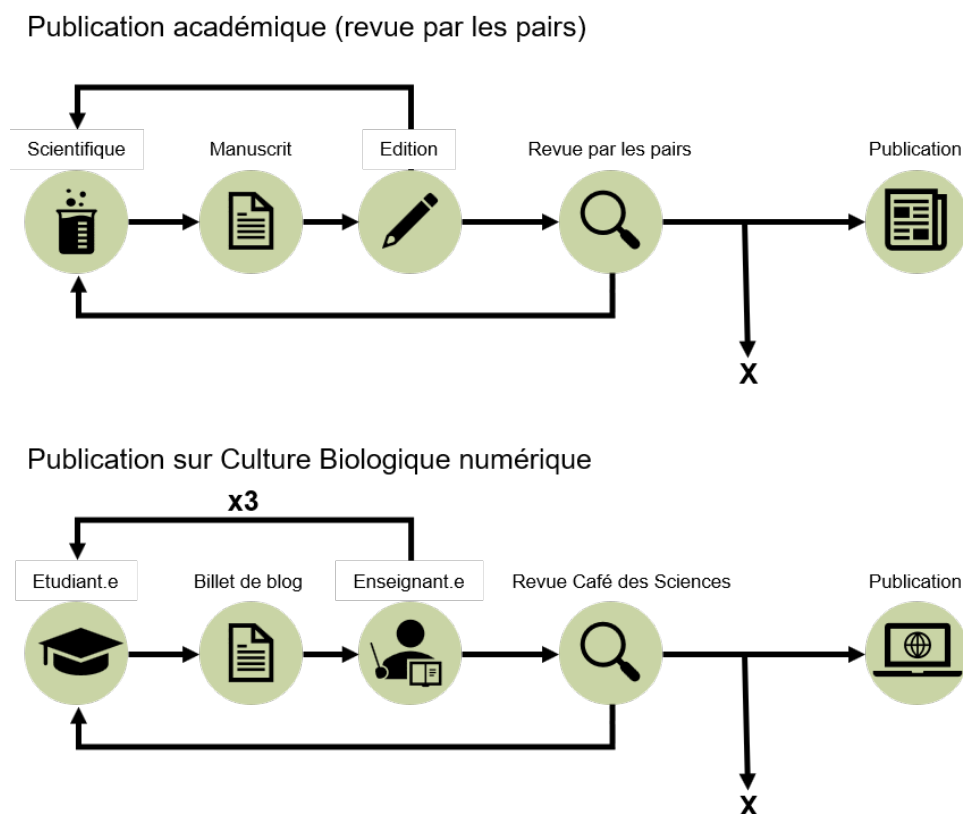


Figure 9 : Parallèle entre la pratique de revue par les pairs du monde académique et le processus de vulgarisation dans l'UE CBioNum. À la différence du processus de publication académique, il y a plusieurs cycles de relecture qui visent à augmenter la qualité de la production des étudiant·e·s de l'UE CBioNum. Seuls les manuscrits / billets de blog ayant atteint le niveau d'exigence escompté seront publiés (x indique la non publication)

La pratique de relecture et vérification scientifique commence aussi à se généraliser au sein d'Université Paris Cité au-delà du cadre des initiatives pédagogiques, ce qui offre une perspective de générer des dialogues interfacultaires et interdisciplinaires. Ainsi des initiatives étudiantes ou institutionnelles de vulgarisation sous divers formats (Blog - [Indésciences](#), Journal - [L'Octopus](#), Podcasts - Webradio [100 pour Sciences](#), [TetraPod](#), [GèneZ](#)) fleurissent au sein des trois facultés d'Université Paris Cité (Facultés des Sciences, Santé et Sociétés et

Humanités).

Cependant, la relecture et la vérification scientifique sont des activités chronophages et qu'il est difficile de valoriser, tant du point de vue de la rémunération que de la formation continue et de l'acquisition de compétences auprès d'instances comme les écoles doctorales ou les tutelles scientifiques. Il est donc nécessaire d'envisager des solutions de pérennisation de ces initiatives.

ACoLe : Une alliance de comités de lecture au service de l'Université et de la CSTI

Dans [un contexte de mésinformation scientifique](#), où se développe un accès au savoir où la distinction entre le vrai du faux est de plus en plus délicate, la formation à la vérification des faits et l'évaluation par les pairs est donc cruciale. La pratique de relecture en vulgarisation étant en plus un catalyseur d'innovations, j'ai proposé, dans le cadre d'une candidature en 2022 à l'Institut Universitaire de France (IUF) – chaire sénior de médiation scientifique, de créer une alliance de comités de lecture (ACoLe) au service de l'Université, du milieu de la CSTI et des grands enjeux de société. J'ai gardé cette idée pour la soumettre, avec succès, en 2023 à un [AAP IdEx d'innovation pédagogique](#) d'Université Paris Cité (26 600 €). Puis j'ai obtenu un Congé pour Projet Pédagogique (CPP) pour le second semestre 2025, afin d'initier une collaboration étroite avec Alice Di Fabio (LDAR) sur l'évaluation de l'efficacité du dispositif à travers des recherches en didactique des sciences (Projet VULGA-BLOG). J'ai profité de mon CPP pour contacter le collège doctoral ainsi que l'EUR G.E.N.E. pour initier un dialogue autour d'une proposition de contenu pour des heures de formation, consacrées à la relecture de contenus de vulgarisation scientifique. Avec ACoLe, mon objectif à long terme sera de faire dialoguer le milieu académique avec ceux de la CSTI et des acteur·ice·s des grands enjeux de société.

Le projet retenu lors de l'AAP IdEx d'innovation pédagogique 2023 propose de coordonner les activités de relecture et de vérification des faits à l'échelle universitaire en créant une alliance de comités de lecture composée de personnels d'enseignement, d'ingénierie pédagogique, des bibliothèques universitaires, de doctorant·e·s, d'étudiant·e·s, et de partenaires externes. ACoLe s'appuie sur le système [OJS](#) (Open Journal Systems) déjà exploité par UPCité sur la plateforme [OPUS](#) (Open Publishing Services) pour bénéficier d'une infrastructure logistique efficace tout en sensibilisant les intervenant·e·s et utilisateur·rice·s à l'importance de la pratique du Peer Review et de l'Open Science. L'exploitation de ce système a déjà fait ses preuves pour des projets pédagogiques en Finlande (Koskinen et al., 2021). Pour faciliter l'utilisation d'OJS et former les utilisateur·rice·s à la pratique générale et spécifique de la revue à comité de lecture, des guides et scripts seront rédigés par le comité d'ACoLe dont certains seront adaptés en capsules vidéos (graines numériques). L'ensemble

sera mis à disponibilité sur Moodle. Des interventions assurées par le personnel des bibliothèques compléteront ces guides pour notamment sensibiliser les étudiant·e·s aux questions de la recherche documentaire, la vérification des sources, la fiabilité des informations, et de l'importance de la science ouverte.

L'obtention d'un budget de 26600 euros nous a aussi servi à rémunérer des collaborateur·rice·s en heures de vacation sur deux ans mais également à préparer de nouveaux partenariats au sein de la formation continue des doctorant·e·s. L'apprentissage de la vérification des faits et de l'évaluation des contenus par des experts constituent une sensibilisation aux facteurs inhérents à la publication d'articles dans des revues à comités de lecture, aux procédures de recrutement, d'avancement de carrière ou encore d'obtention de financements. Cette pratique contribue aussi à l'acquisition d'une exigence déontologique pour toute communication destinée au grand public.

Dans un cadre pédagogique, ce projet cherche à développer les compétences des étudiant·e·s pour la diffusion d'une information fiable et précise, tout en développant leur esprit critique ce qui aura pour effet de raffermir leur résilience face à la désinformation. Cet objectif pédagogique s'appuiera sur des initiatives déjà existantes : les UE CBioNum (UE libre de Licence) et ComSci (UE obligatoire M1 MEG). Pour démontrer sa portabilité, le projet ACoLe sera adapté à une nouvelle UE (Option Vulgarisation Scientifique M1 MEG) mise en place en 2025 et dont je serai co-responsable.

Les productions de vulgarisation scientifique générées par ces différents enseignements bénéficieront de relectures rigoureuses et exigeantes, assurant leur fiabilité. Le projet ACoLe veut également généraliser cette pratique à l'échelle d'autres initiatives de sensibilisation et médiations scientifiques à UPCité. Ainsi, ACoLe se mettra au service d'initiatives étudiantes ou institutionnelles de vulgarisation sous divers formats associées aux 3 facultés.

L'évaluation par comité de lecture permettra aussi aux étudiant·e·s de rester actifs dans ce processus. L'évaluation par comité de lecture, jusqu'alors en dehors de l'apprentissage, devient un élément formatif. En plus d'être une opportunité d'apprendre de ses erreurs, elle permettra d'assimiler au mieux les notions de fiabilité, d'esprit critique et de précision. De manière analogue, des interventions d'Alice Di Fabio en didactique des sciences (MCU, LDAR) initient les étudiant·e·s à une démarche didactique et leur apportent des éléments théoriques sur des concepts élémentaires. L'idée est de les aider dans la réflexion préalable à la transmission de connaissances.

Enfin, un objectif d'ACoLe est la constitution de groupes de travail et d'un comité assurant une fonction référentielle auprès des institutions tutélaires et des associations ou

entreprises engagées dans la production de contenus de science popularisée pour le grand public (culture scientifique, technique et industrielle : CSTI, grands médias, etc.).

Ainsi, par sa double orientation vers l'univers académique, de l'enseignement supérieur et vers les CSTI, ACoLe constitue un véritable écosystème (Fig. 10) destiné à concevoir, valoriser, soutenir et pérenniser les diverses actions de validation scientifique des productions au sein de toutes les communautés partenaires. La pratique de la vérification des faits (fact-checking) et de la relecture par les pairs (peer-review) entretient un réseau d'action positives et un cercle vertueux pour aboutir à une meilleure qualité de productions, à destination notamment du grand public. D'autres retombées bénéfiques sont prévisibles, concernant la formation des acteur·rice·s de cet écosystème et l'émulation scientifique et interdisciplinaire.

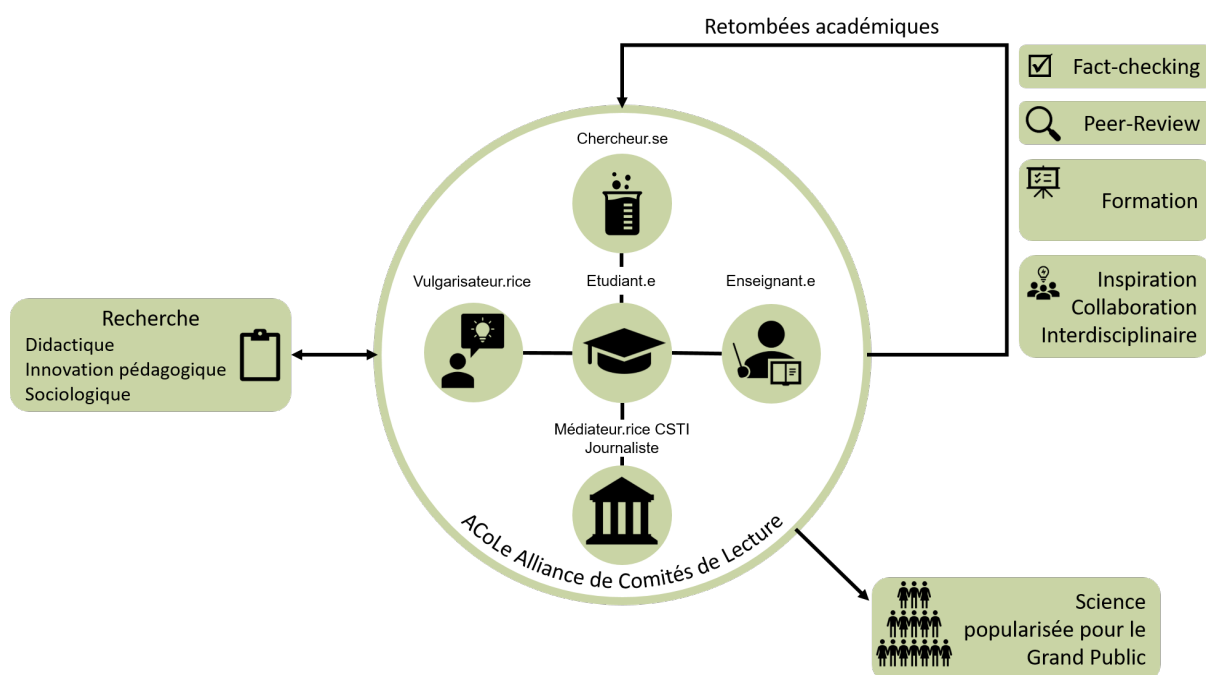


Figure 10 : L'écosystème ACoLe : fact-checking et peer-review au sein d'un cadre académique d'enseignement supérieur, de CSTI et de vulgarisation scientifique. Un réseau d'action positives et une forme de cercle vertueux aboutissent à une meilleure qualité de productions, à destination de divers bénéficiaires, notamment du grand public. D'autres retombées bénéfiques sont prévisibles, concernant la formation des acteur·rice·s de cet écosystème (e.g. Media training - formation aux médias) et l'émulation scientifique et interdisciplinaire (notamment par l'étude de cette alliance dans un cadre de recherche en didactique, innovation pédagogique ou sociologique).

Cinq Activités Significatives

Vervoort, M., Meulemeester, D., Béhague, J., & Kerner, P. (2016). **Evolution of *prdm* genes in animals : Insights from comparative genomics**. Mol Biol Evol 33(3), 679-696

Les gènes *Prdm* codent des facteurs de transcription impliqués dans une grande variété de fonctions au cours du développement animal. Comme la plupart des gènes *Prdm* ont été étudiés chez les vertébrés, en particulier chez la souris, on sait peu de choses sur l'évolution de cette famille de gènes. Nous avons recherché les gènes *Prdm* dans les génomes entièrement séquencés de 93 espèces différentes, représentatives de toutes les principales lignées métazoaires. Au total, 976 gènes *Prdm* ont été identifiés chez ces espèces. Le nombre de gènes *Prdm* par espèce varie de 2 à 19. Pour mieux comprendre comment la famille des gènes *Prdm* a évolué chez les métazoaires, nous avons effectué des analyses phylogénétiques en utilisant ce vaste panel de gènes *Prdm* identifiés. Ces analyses nous ont permis de définir 14 sous-familles différentes de gènes *Prdm* et d'établir, par reconstruction de l'état ancestral, que 11 d'entre elles sont ancestrales aux bilatériens. Trois autres sous-familles ont été acquises au cours des premières étapes de l'évolution des vertébrés (*Prdm5*, *Prdm11* et *Prdm17*). Plusieurs événements de duplication et de perte de gènes ont été identifiés et cartographiés sur l'arbre phylogénétique des métazoaires. En étudiant un grand nombre de génomes non métazoaires, nous avons confirmé que les gènes *Prdm* constituent probablement une famille de gènes spécifique aux métazoaires. Nos données suggèrent également que les gènes *Prdm* sont nés avant la diversification des animaux par l'association d'un seul gène ancestral codant pour le domaine SET avec un ou plusieurs gènes codant pour les doigts de zinc.

Vervoort, M. & Kerner P. (2020), **Le paysage de régulation de la régénération**, AAP "Emergence en Recherche", IdEx Université Paris Cité (40000€)

Contrairement aux humains et aux mammifères en général, de nombreux animaux présentent des capacités régénératives élevées. Chez ces espèces, l'étude des mécanismes de régulation épigénétique contrôlant l'activation des programmes génétiques de régénération par le remodelage de la chromatine pourrait donc avoir des impacts intéressants sur des applications médicales. Nous proposons d'utiliser notre espèce modèle à haut potentiel de régénération, le ver annélide *Platynereis dumerilii*, pour caractériser le paysage épigénétique pendant sa régénération postérieure afin d'identifier trois types de régions *cis*-régulatrices de la régénération : "enhancers de régénération/développement", "enhancers spécifiques de régénération" et "enhancers induits par mémorisation des lésions". Notre objectif est de

caractériser ces enhancers par une analyse comparative utilisant des données recueillies par séquençage haut-débit de la chromatine accessible à la transposase (ATAC-seq) sur des stades larvaires, de croissance normale et de régénération. Puis l'analyse des sites de liaison des facteurs de transcription aidera à découvrir les réseaux d'expression génétique spécifiques et les facteurs pionniers capables de traduire les signaux de lésion en remodelage de la chromatine. L'étude in vivo de ces régions régulatrices à l'aide de gènes rapporteurs et la dissection de ces enhancers de régénération nous aideront à mieux comprendre la dynamique de régénération réparatrice chez notre espèce modèle. Nous pensons que notre projet pourra ainsi révéler des caractéristiques essentielles conservées de la régulation épigénétique de la régénération et offrir de nouvelles perspectives pour la biologie et la médecine régénératives.

Planques, A., Kerner, P., Ferry, L. et al. (2021) **DNA methylation atlas and machinery in the developing and regenerating annelid *Platynereis dumerilii***. BMC Biol 19, 148.

La méthylation des cytosines de l'ADN (méthylation m5C) est une modification épigénétique majeure qui module l'expression des gènes et constitue la base des mécanismes régulant de multiples aspects du développement embryonnaire et de la reprogrammation cellulaire chez les vertébrés. Notre étude montre que le ver annélide *Platynereis dumerilii*, modèle émergent en biologie du développement et de la régénération, présente des niveaux élevés de méthylation m5C, comparables à ceux observés dans les cellules somatiques de mammifères. La méthylation y est dynamique, avec une baisse notable lors de la transition larvaire vers le stade post-larvaire. Nous avons identifié un ensemble complet de gènes impliqués dans la machinerie de la méthylation et dans le complexe NuRD, récapitulant la composition de la machinerie du dernier ancêtre commun des bilatériens. Nous avons aussi mis en évidence leur expression variable durant le développement et la régénération. L'inhibition de la méthylation par Décitabine perturbe ces processus, suggérant ainsi un rôle clé de la méthylation m5C dans ces phénomènes et faisant de *P. dumerilii* un modèle prometteur pour l'étude de cette modification épigénétique.

Kerner, P. & Uzan, B. (2023). **Alliance de Comités de Lecture (ACoLe)**. AAP Innovation Pédagogique, StratEx Université Paris Cité (26600€)

Dans un contexte de mésinformation scientifique, où se développe un accès au savoir sans jamais distinguer précisément le vrai du faux, la formation à la vérification des faits et l'évaluation par les pairs est cruciale. Au sein de l'UFR SdV d'UPCité, nous avons créé des modules d'enseignement de communication et vulgarisation scientifique s'appuyant sur des comités de lecture : les étudiant·e·s apprennent à transmettre des connaissances en

participant à un blog destiné au grand public (CBioNum). Le processus d'évaluation se fait en revue par les pairs avec l'aide des associations Café des Sciences et Papier-Mâché. La charge de travail liée à la relecture, à la vérification scientifique et la difficulté de rémunérer ces activités constituent des freins à la généralisation de cette pratique. Elle pourrait pourtant facilement s'étendre à d'autres Facultés d'UPCité et favoriser les collaborations interdisciplinaires. Ainsi, pour coordonner ces activités de relecture et de vérification des faits, nous proposons de créer une alliance de comités de lecture (ACoLe). Cette alliance serait composée de personnels d'enseignement, d'ingénierie pédagogique, des bibliothèques universitaires, de doctorant·e·s, d'étudiant·e·s, et de partenaires externes. ACoLe s'appuiera sur le système OJS (Open Journal Systems) pour bénéficier d'une infrastructure logistique efficace tout en sensibilisant les intervenant·e·s et utilisateur·rice·s à l'importance de l'Open Science. Un soutien institutionnel permettrait de valoriser ces activités qui permettent de créer des ponts entre enseignement, recherche et communication scientifiques. L'efficacité de ce dispositif serait évaluée à travers des recherches en didactique des sciences (du vivant). ACoLe pourrait également faire dialoguer le milieu académique avec ceux de la CSTI et des acteur·ice·s des grands enjeux de société.

Bideau, L., Baduel, L., Krasovec, G., Dalle, C., Lamer, O., Nicolas, M., Couëtoux, A., Blugeon, C., Paré, L., Vervoort, M., Kerner, P., Gazave, E. (2025). **Multifaceted conserved functions of Notch during post-embryonic neurogenesis in the annelid *Platynereis***. bioRxiv

La signalisation Notch est une voie de signalisation conservée au cours de l'évolution. Elle est connue pour orchestrer la neurogenèse en régulant la transition des cellules progénitrices vers des neurones et des cellules gliales différenciées, ainsi que pour diriger la croissance des neurites et le guidage des axones chez de nombreuses espèces. Bien que largement étudiée chez les vertébrés et les ecdysozoaires, la fonction de Notch chez les spiraliens (y compris les mollusques, les annélides et les vers plats) est largement inexplorée, ce qui limite notre compréhension de ses fonctions conservées chez les bilatériens. Dans cette étude, nous nous concentrons sur l'annélide segmenté *Platynereis dumerilii*, un organisme modèle en neurobiologie et en régénération, afin d'étudier les fonctions de la signalisation Notch lors des processus de développement post-embryonnaire. Nous montrons que les composants de la voie Notch sont exprimés dans les territoires neurogéniques lors de l'élongation postérieure et de la régénération, deux processus qui nécessitent une neurogenèse soutenue. Grâce à des inhibitions chimiques de la voie de signalisation et à un profilage par séquençage de l'ARN, nous démontrons que la signalisation Notch régule la spécification des progéniteurs neuronaux, la différenciation et l'équilibre neurogénique global dans la partie postérieure en phase de régénération et d'élongation. De plus, la perturbation de l'activité de Notch provoque de graves défauts dans l'organisation du pygidium et du système nerveux central, notamment

un guidage anormal des axones et une mauvaise croissance des neurites. En résumé, nos résultats soutiennent l'hypothèse selon laquelle Notch possède des fonctions conservées à multiples facettes dans la neurogenèse chez les bilatériens, ce qui met en lumière les fonctions ancestrales de cette importante voie de signalisation.

Bibliographie

- Achim, K., Eling, N., Vergara, H. M., Bertucci, P. Y., Musser, J., Vopalensky, P., Brunet, T., Collier, P., Benes, V., Marioni, J. C., & Arendt, D. (2018). Whole-Body Single-Cell Sequencing Reveals Transcriptional Domains in the Annelid Larval Body. *Molecular Biology and Evolution*, 35(5), 1047-1062. <https://doi.org/10.1093/molbev/msx336>
- Adenot, P. (2016). Les pro-am de la vulgarisation scientifique : De la co-construction de l'éthos de l'expert en régime numérique. *Itinéraires*, 2015-3. <https://doi.org/10.4000/itineraires.3013>
- Albalat, R., & Cañestro, C. (2016). Evolution by gene loss. *Nature Reviews Genetics*, 17(7), 379-391. <https://doi.org/10.1038/nrg.2016.39>
- Avsec, Ž., Latysheva, N., Cheng, J., Novati, G., Taylor, K. R., Ward, T., Bycroft, C., Nicolaisen, L., Arvaniti, E., Pan, J., Thomas, R., Dutordoir, V., Perino, M., De, S., Karollus, A., Gayoso, A., Sargeant, T., Mottram, A., Wong, L. H., ... Kohli, P. (2025). *AlphaGenome : Advancing regulatory variant effect prediction with a unified DNA sequence model*. *Bioinformatics*. <https://doi.org/10.1101/2025.06.25.661532>
- Backfisch, B., Kozin, V. V., Kirchmaier, S., Tessmar-Raible, K., & Raible, F. (2014). Tools for Gene-Regulatory Analyses in the Marine Annelid *Platynereis dumerilii*. *PLoS ONE*, 9(4), e93076. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0093076>
- Balaramane, D., Spill, Y. G., Weber, M., & Bardet, A. F. (2024). MethyLasso : A segmentation approach to analyze DNA methylation patterns and identify differentially methylated regions from whole-genome datasets. *Nucleic Acids Research*, 52(21), e98-e98. <https://doi.org/10.1093/nar/gkae880>
- Bezares-Calderón, L. A., Berger, J., Jasek, S., Verasztó, C., Mendes, S., Gühmann, M., Almeda, R., Shahidi, R., & Jékely, G. (2018). Neural circuitry of a polycystin-mediated hydrodynamic startle response for predator avoidance. *eLife*, 7, e36262. <https://doi.org/10.7554/eLife.36262>
- Bideau, L., Baduel, L., Krasovec, G., Dalle, C., Lamer, O., Nicolas, M., Couëtoux, A., Blugeon, C., Paré, L., Vervoort, M., Kerner, P., & Gazave, E. (2025). Multifaceted conserved functions of Notch during post-embryonic neurogenesis in the annelid *Platynereis*. *Developmental Biology*. <https://doi.org/10.1101/2025.03.09.642222>
- Bideau, L., Kerner, P., Hui, J., Vervoort, M., & Gazave, E. (2021). Animal regeneration in the era of transcriptomics. *Cellular and Molecular Life Sciences : CMLS*, 78(8), 3941-3956. <https://doi.org/10.1007/s00018-021-03760-7>
- Bideau, L., Velasquillo-Ramirez, Z., Baduel, L., Basso, M., Gilardi-Hebenstreit, P., Ribes, V., Vervoort, M., & Gazave, E. (2024). Variations in cell plasticity and proliferation underlie distinct modes of regeneration along the antero-posterior axis in the annelid *Platynereis*. *Development*, 151(20), dev202452. <https://doi.org/10.1242/dev.202452>
- Buenrostro, J. D., Wu, B., Chang, H. Y., & Greenleaf, W. J. (2015). ATAC-seq : A Method for Assaying Chromatin Accessibility Genome-Wide. *Current Protocols in Molecular Biology*, 109(1). <https://doi.org/10.1002/0471142727.mb2129s109>
- Cañestro, C., Yokoi, H., & Postlethwait, J. H. (2007). Evolutionary developmental biology and genomics. *Nature Reviews Genetics*, 8(12), 932-942. <https://doi.org/10.1038/nrg2226>
- Casane, D., & Laurenti, P. (2013). Why coelacanths are not 'living fossils' : A review of

- molecular and morphological data. *BioEssays*, 35(4), 332-338.
<https://doi.org/10.1002/bies.201200145>
- Casane, D., & Laurenti, P. (2016). Le cas CRISPR, mutations «*ready-made*» et évolution lamarckienne d'un système immunitaire adaptatif. *médecine/sciences*, 32(6), 640-645. <https://doi.org/10.1051/medsci/20163206029>
- Cavin, L., & Guinot, G. (2014). Coelacanth as “almost living fossil”. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 2. <https://doi.org/10.3389/fevo.2014.00049>
- Chou, H.-C., Acevedo-Luna, N., Kuhlman, J. A., & Schneider, S. Q. (2018). PdmBase : A transcriptome database and research tool for *Platynereis dumerilii* and early development of other metazoans. *BMC Genomics*, 19(1), 618.
<https://doi.org/10.1186/s12864-018-4987-0>
- Collis, B., & Moonen, J. (2002). The Contributing Student : A Pedagogy for Flexible Learning. *Computers in the Schools*, 19(3-4), 207-220.
https://doi.org/10.1300/j025v19n03_16
- Conzelmann, M., Williams, E. A., Krug, K., Franz-Wachtel, M., Macek, B., & Jékely, G. (2013). The neuropeptide complement of the marine annelid *Platynereis dumerilii*. *BMC Genomics*, 14(1), 906. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-14-906>
- Dai, W., Qiao, X., Fang, Y., Guo, R., Bai, P., Liu, S., Li, T., Jiang, Y., Wei, S., Na, Z., Xiao, X., & Li, D. (2024). Epigenetics-targeted drugs : Current paradigms and future challenges. *Signal Transduction and Targeted Therapy*, 9(1), 332.
<https://doi.org/10.1038/s41392-024-02039-0>
- Debove, S., Füsclin, T., Louis, T., & Masselot, P. (2021). French Science Communication on YouTube : A Survey of Individual and Institutional Communicators and Their Channel Characteristics. *Frontiers in Communication*, 6.
<https://doi.org/10.3389/fcomm.2021.612667>
- Denes, A. S., Jékely, G., Steinmetz, P. R. H., Raible, F., Snyman, H., Prud'homme, B., Ferrier, D. E. K., Balavoine, G., & Arendt, D. (2007). Molecular Architecture of Annelid Nerve Cord Supports Common Origin of Nervous System Centralization in Bilateria. *Cell*, 129(2), 277-288. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2007.02.040>
- Deng, S., Zhang, J., Su, J., Zuo, Z., Zeng, L., Liu, K., Zheng, Y., Huang, X., Bai, R., Zhuang, L., Ye, Y., Li, M., Pan, L., Deng, J., Wu, G., Li, R., Zhang, S., Wu, C., Lin, D., ... Zheng, J. (2022). RNA m6A regulates transcription via DNA demethylation and chromatin accessibility. *Nature Genetics*, 54(9), 1427-1437.
<https://doi.org/10.1038/s41588-022-01173-1>
- Ferrández-Roldán, A., Martí-Solans, J., Cañestro, C., & Albalat, R. (2019). *Oikopleura dioica* : An Emergent Chordate Model to Study the Impact of Gene Loss on the Evolution of the Mechanisms of Development. In W. Tworzydło & S. M. Bilinski (Éds.), *Evo-Devo : Non-model Species in Cell and Developmental Biology* (Vol. 68, p. 63-105). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-030-23459-1_4
- Ferrier, D. E. (2011). Tunicates push the limits of animal evo-devo. *BMC Biology*, 9(1), 3.
<https://doi.org/10.1186/1741-7007-9-3>
- Gazave, E., Béhague, J., Laplane, L., Guillou, A., Préau, L., Demilly, A., Balavoine, G., & Vervoort, M. (2013). Posterior elongation in the annelid *Platynereis dumerilii* involves stem cells molecularly related to primordial germ cells. *Developmental Biology*, 382(1), 246-267. <https://doi.org/10.1016/j.ydbio.2013.07.013>
- Gazave, E., Lapébie, P., Richards, G. S., Brunet, F., Ereskovsky, A. V., Degnan, B. M.,

- Borchiellini, C., Vervoort, M., & Renard, E. (2009). Origin and evolution of the Notch signalling pathway : An overview from eukaryotic genomes. *BMC Evolutionary Biology*, 9(1), 249. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-9-249>
- Ge, A. Y., Arab, A., Dai, R., Navickas, A., Fish, L., Garcia, K., Asgharian, H., Goudreau, J., Lee, S., Keenan, K., Pappalardi, M. B., McCabe, M. T., Przybyla, L., Goodarzi, H., & Gilbert, L. A. (2024). A multiomics approach reveals RNA dynamics promote cellular sensitivity to DNA hypomethylation. *Scientific Reports*, 14(1), 25940. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-77314-9>
- Gehrke, A. R., Neverett, E., Luo, Y.-J., Brandt, A., Ricci, L., Hulett, R. E., Gompers, A., Ruby, J. G., Rokhsar, D. S., Reddien, P. W., & Srivastava, M. (2019). Acoel genome reveals the regulatory landscape of whole-body regeneration. *Science*, 363(6432), eaau6173. <https://doi.org/10.1126/science.aau6173>
- Goldman, J. A., & Poss, K. D. (2020). Gene regulatory programmes of tissue regeneration. *Nature Reviews Genetics*. <https://doi.org/10.1038/s41576-020-0239-7>
- Grandi, F. C., Modi, H., Kampman, L., & Corces, M. R. (2022). Chromatin accessibility profiling by ATAC-seq. *Nature Protocols*, 17(6), 1518-1552. <https://doi.org/10.1038/s41596-022-00692-9>
- Greenberg, M. V. C., & Bourc'his, D. (2019). The diverse roles of DNA methylation in mammalian development and disease. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 20(10), 590-607. <https://doi.org/10.1038/s41580-019-0159-6>
- Hamer, J., Cutts, Q., Jackova, J., Luxton-Reilly, A., McCartney, R., Purchase, H., Riedesel, C., Saeli, M., Sanders, K., & Sheard, J. (2008). Contributing student pedagogy. *ACM SIGCSE Bulletin*, 40(4), 194-212. <https://doi.org/10.1145/1473195.1473242>
- Jacob, F. (1977). Evolution and Tinkering. *Science*, 196(4295), 1161-1166. <https://doi.org/10.1126/science.860134>
- Jia, X., Lin, W., & Wang, W. (2023). Regulation of chromatin organization during animal regeneration. *Cell Regeneration (London, England)*, 12(1), 19. <https://doi.org/10.1186/s13619-023-00162-x>
- Johnson, D. S., Zhou, Q., Yagi, K., Satoh, N., Wong, W., & Sidow, A. (2005). De novo discovery of a tissue-specific gene regulatory module in a chordate. *Genome Research*, 15(10), 1315-1324. <https://doi.org/10.1101/gr.4062605>
- José-Edwards, D. S., Kerner, P., Kugler, J. E., Deng, W., Jiang, D., & Di Gregorio, A. (2011). The identification of transcription factors expressed in the notochord of *Ciona intestinalis* adds new potential players to the brachyury gene regulatory network. *Developmental Dynamics : An Official Publication of the American Association of Anatomists*, 240(7), 1793-1805. <https://doi.org/10.1002/dvdy.22656>
- Juliano, C. E., Swartz, S. Z., & Wessel, G. M. (2010). A conserved germline multipotency program. *Development*, 137(24), 4113-4126. <https://doi.org/10.1242/dev.047969>
- Karaz, S., Courgeon, M., Lepetit, H., Bruno, E., Pannone, R., Tarallo, A., Thouzé, F., Kerner, P., Vervoort, M., Causeret, F., Pierani, A., & D'Onofrio, G. (2016). Neuronal fate specification by the Dbx1 transcription factor is linked to the evolutionary acquisition of a novel functional domain. *EvoDevo*, 7, 18. <https://doi.org/10.1186/s13227-016-0055-5>
- Kerner, P., Degnan, S. M., Marchand, L., Degnan, B. M., & Vervoort, M. (2011). Evolution of RNA-binding proteins in animals : Insights from genome-wide analysis in the sponge *Amphimedon queenslandica*. *Molecular Biology and Evolution*, 28(8), 2289-2303. <https://doi.org/10.1093/molbev/msr046>

- Kerner, P., Hung, J., Béhague, J., Le Gouar, M., Balavoine, G., & Vervoort, M. (2009). Insights into the evolution of the *snail* superfamily from metazoan wide molecular phylogenies and expression data in annelids. *BMC Evolutionary Biology*, 9(1), 94. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-9-94>
- Kerner, P., Ikmi, A., Coen, D., & Vervoort, M. (2009). Evolutionary history of the *iroquois/lrx* genes in metazoans. *BMC Evolutionary Biology*, 9, 74. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-9-74>
- Kerner, P., Simionato, E., Le Gouar, M., & Vervoort, M. (2009). Orthologs of key vertebrate neural genes are expressed during neurogenesis in the annelid *Platynereis dumerilii*. *Evolution & Development*, 11(5), 513-524. <https://doi.org/10.1111/j.1525-142X.2009.00359.x>
- Kerner, P., Zelada González, F., Le Gouar, M., Ledent, V., Arendt, D., & Vervoort, M. (2006). The expression of a hunchback ortholog in the polychaete annelid *Platynereis dumerilii* suggests an ancestral role in mesoderm development and neurogenesis. *Development Genes and Evolution*, 216(12), 821-828. <https://doi.org/10.1007/s00427-006-0100-9>
- Koskinen, K., Roinila, M., & Syvälahti, K. (2021). Open Journal Systems as a Pedagogical Tool to Teach and Learn Scholarly Publishing : The Helsinki University Library Experience. *LIBER Quarterly: The Journal of the Association of European Research Libraries*, 31(1), 1-17. <https://doi.org/10.18352/lq.10375>
- Kugler, J. E., Kerner, P., Bouquet, J.-M., Jiang, D., & Di Gregorio, A. (2011). Evolutionary changes in the notochord genetic toolkit : A comparative analysis of notochord genes in the ascidian *Ciona* and the larvacean *Oikopleura*. *BMC Evolutionary Biology*, 11, 21. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-11-21>
- Müller, G. B. (2007). Evo–devo : Extending the evolutionary synthesis. *Nature Reviews Genetics*, 8(12), 943-949. <https://doi.org/10.1038/nrg2219>
- Mutemi, K. N., Simakov, O., Pan, L., Santangeli, L., Null, R., Handberg-Thorsager, M., Vellutini, B. C., Peterson, K. J., Fromm, B., Larsson, T., Savage, E., Lopez, M. O., Hercog, R., Provaznik, J., Ordoñez-Rueda, D., Azevedo, N., Gazave, E., Vervoort, M., Tomancak, P., ... Arendt, D. (2024). A genome resource for the marine annelid *Platynereis dumerilii*. *Genomics*. <https://doi.org/10.1101/2024.06.21.600153>
- Özpolat, B. D., Handberg-Thorsager, M., Vervoort, M., & Balavoine, G. (2017). Cell lineage and cell cycling analyses of the 4d micromere using live imaging in the marine annelid *Platynereis dumerilii*. *eLife*, 6, e30463. <https://doi.org/10.7554/eLife.30463>
- Paré, L., Bideau, L., Baduel, L., Dalle, C., Benchouaia, M., Schneider, S. Q., Laplane, L., Clément, Y., Vervoort, M., & Gazave, E. (2023). Transcriptomic landscape of posterior regeneration in the annelid *Platynereis dumerilii*. *BMC Genomics*, 24(1), 583. <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09602-z>
- Planques, A., Kerner, P., Ferry, L., Grunau, C., Gazave, E., & Vervoort, M. (2021). DNA methylation atlas and machinery in the developing and regenerating annelid *Platynereis dumerilii*. *BMC Biology*, 19(1), 148. <https://doi.org/10.1186/s12915-021-01074-5>
- Planques, A., Malem, J., Parapar, J., Vervoort, M., & Gazave, E. (2019). Morphological, cellular and molecular characterization of posterior regeneration in the marine annelid *Platynereis dumerilii*. *Developmental Biology*, 445(2), 189-210. <https://doi.org/10.1016/j.ydbio.2018.11.004>
- Poss, K. D. (2010). Advances in understanding tissue regenerative capacity and

- mechanisms in animals. *Nature Reviews Genetics*, 11(10), 710-722.
<https://doi.org/10.1038/nrg2879>
- Ru, W., Zhang, X., Yue, B., Qi, A., Shen, X., Huang, Y., Lan, X., Lei, C., & Chen, H. (2020). Insight into m⁶ A methylation from occurrence to functions. *Open Biology*, 10(9), 200091. <https://doi.org/10.1098/rsob.200091>
- Schenk, S., Bannister, S. C., Sedlazeck, F. J., Anrather, D., Minh, B. Q., Bileck, A., Hartl, M., Von Haeseler, A., Gerner, C., Raible, F., & Tessmar-Raible, K. (2019). Combined transcriptome and proteome profiling reveals specific molecular brain signatures for sex, maturation and circalunar clock phase. *eLife*, 8, e41556.
<https://doi.org/10.7554/eLife.41556>
- Shi, W., Levine, M., & Davidson, B. (2005). Unraveling genomic regulatory networks in the simple chordate, *Ciona intestinalis*. *Genome Research*, 15(12), 1668-1674.
<https://doi.org/10.1101/gr.3768905>
- Simionato, E., Kerner, P., Dray, N., Le Gouar, M., Ledent, V., Arendt, D., & Vervoort, M. (2008). atonal- and achaete-scute-related genes in the annelid *Platynereis dumerilii* : Insights into the evolution of neural basic-Helix-Loop-Helix genes. *BMC Evolutionary Biology*, 8, 170. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-8-170>
- Simionato, E., Ledent, V., Richards, G., Thomas-Chollier, M., Kerner, P., Coornaert, D., Degnan, B. M., & Vervoort, M. (2007). Origin and diversification of the basic helix-loop-helix gene family in metazoans : Insights from comparative genomics. *BMC Evolutionary Biology*, 7, 33. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-7-33>
- Smith, J. P., Corces, M. R., Xu, J., Reuter, V. P., Chang, H. Y., & Sheffield, N. C. (2021). PEPATAC : An optimized pipeline for ATAC-seq data analysis with serial alignments. *NAR Genomics and Bioinformatics*, 3(4), lqab101.
<https://doi.org/10.1093/nargab/lqab101>
- Søndergaard, H., & Mulder, R. A. (2012). Collaborative learning through formative peer review : Pedagogy, programs and potential. *Computer Science Education*, 22(4), 343-367. <https://doi.org/10.1080/08993408.2012.728041>
- Song, S., Starunov, V., Bailly, X., Ruta, C., Kerner, P., Cornelissen, A. J. M., & Balavoine, G. (2020). Globins in the marine annelid *Platynereis dumerilii* shed new light on hemoglobin evolution in bilaterians. *BMC Evolutionary Biology*, 20(1), 165.
<https://doi.org/10.1186/s12862-020-01714-4>
- Vergara, H. M., Pape, C., Meechan, K. I., Zinchenko, V., Genoud, C., Wanner, A. A., Mutemi, K. N., Titze, B., Templin, R. M., Bertucci, P. Y., Simakov, O., Dürichen, W., Machado, P., Savage, E. L., Schermelleh, L., Schwab, Y., Friedrich, R. W., Kreshuk, A., Tischer, C., & Arendt, D. (2021). Whole-body integration of gene expression and single-cell morphology. *Cell*, 184(18), 4819-4837.e22.
<https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.07.017>
- Vervoort, M. (2011). Regeneration and Development in Animals. *Biological Theory*, 6(1), 25-35. <https://doi.org/10.1007/s13752-011-0005-3>
- Vervoort, M., Meulemeester, D., Béhague, J., & Kerner, P. (2016). Evolution of *Prdm* Genes in Animals : Insights from Comparative Genomics. *Molecular Biology and Evolution*, 33(3), 679-696. <https://doi.org/10.1093/molbev/msv260>

ANNEXE A : CURRICULUM VITAE

Researchgate https://www.researchgate.net/profile/Pierre_Kerner

ORCID <http://orcid.org/0000-0003-4001-0812>

LinkedIn <https://www.linkedin.com/in/pierre-kerner-a0336930/>

Date de naissance : 2 Septembre 1980

Sexe : Masculin

Nationalité : Française

Statut familial : Marié

Adresse professionnelle :

Equipe Gazave (StemDevEvo)

<https://stemdevevo.wordpress.com/>

Institut Jacques Monod

CNRS/Université Paris Cité

15 rue Hélène Brion 75205 Paris cedex 13, France

Téléphone : (+33) 1 57 27 80 24

Adresse personnelle :

170 rue Legendre

75017 Paris

Mobile : (+33) 6 68 15 41 91

E-mail: pierre.kerner@ijm.fr

Diplômes

2005-2009 **Doctorat de l'université Paris XI.** Mention très honorable.

Directeur de Thèse : Pr. Michel Vervoort

Laboratoire : « Evolution et développement des Métazoaires »

(Centre de Génétique Moléculaire. CNRS)

2004-2005 **Master/Magistère de Génétique.** Mention Bien.

3^{ème} année du Magistère. Université Denis Diderot PARIS VII.

Position académique passée et actuelle

2011-présent **Maître de Conférences, CN, Echelon 8**

UFR Sciences du Vivant

Université Paris Cité

2009-2011 **Post-Doctorat au Weill Cornell Medical College**

Encadrante: Dr. Anna Di Gregorio

(Department of Cell and Developmental Biology, New York, USA)

Sujet: « Etude moléculaire et fonctionnelle des réseaux génétiques impliqués dans la formation de la notochorde et des tissus musculaires chez l'ascidie *Ciona intestinalis* »

Enseignements

2011-présent **Maître de Conférences** **Université Paris Cité**

192 heures d'enseignements en Biologie Animale, Evolution et Développement, Neurosciences, Ecologie, Biodiversité et Communication Scientifique à destination du grand public.

2008-2009 **ATER** **Université Paris Diderot**

Biologie Animale. TD/TP. Niveau L1 et PCEM1. 96 heures d'enseignements.

2007 **Vacataire** **Université Paris Diderot**

Biologie Moléculaire. TD. Niveau L3. 30 heures d'enseignements.

2006 **Vacataire** **Université Paris Diderot**

Biologie du Développement. TD. Niveau PCEM1. 32 heures d'enseignements

Financements Recherche

Octobre 2023 – Septembre 2026 Prime individuelle RIPEC 3
Janvier 2020 – Janvier 2022 AAP « Emergence En Recherche » - IdEx
Université Paris Cité (40000€)
Avril 2011 – Août 2011 Bourse individuelle de la Philippe Foundation
(9840\$)
Oct. 2005 – Sept. 2008 “Bourse Docteur Ingénieur”, délivrée par
le CNRS.
Sept. 2003 – Août 2004 “Bourse du mérite de DEA”, délivrée par le
Ministère Français de l’Education Nationale et de la Recherche.

Consortiums: ANR STEM AAPG2020, PROCORE Campus France (2019-2020), ANR METAMERE Blanc
SVSE 2 (2012), ANR Annelivertebr Blanc (2009), ANR URBILATERIA (2006)

Encadrement

Co-encadrement de Doctorant : Brice Pichard (2023-) [ADT accordée – HDR en préparation]

Aide à l’encadrement de Doctorant·e·s : Julien Béhague [2 publications], Adrien Demilly [1 publication],
Solène Song [1 publication]

Encadrement d’étudiant·e·s en Master : Clara Bleuven, David Meulemeester [2 publications], Quentin
Lemaître, Siméon Hebrew Nthuku, Mélusine Nicolas [1 publication soumise], Léo Le Boudec

Encadrement d’étudiants en Licence : Johanne Hung [1 publication], Cyril Basquin, Gullen Lacin, France
Thouzé [1 publication], Maylis Layan, Camille Le Gouez, Careylha Fitia Eric Andriana

Encadrement d’élève du secondaire : Guilhem Dupasquier

Responsabilités Universitaires

2025-présent Membre élu du Conseil de l’UFR Sciences du Vivant

2023-2024 Chargé de mission du Doyen de la Faculté des Sciences (médiation & vulgarisation)

2022-2023 Chargé de mission pour le Vice-président à la Culture scientifique et à son Rayonnement de
l’Université Paris Cité. Co-rédacteur de labellisation SAPS (Science Avec et Pour la Société) et ANR
SCENICS.

2022-présent Co-responsable du domaine Biodiversité-Ecologie-Evolution

2022-présent Référent UFR SdV pour Webradio Universitaire 100 pour Sciences (TetraPod, GèneZ)

2020-présent Membre du groupe de Travail de la Faculté des Sciences « Accompagnement des actions de
médiation scientifique »

2019-2021 Membre du groupe de Travail Responsabilités

2016-2021 Membre élu du Conseil d’Enseignement de l’UFR Sciences du Vivant

Formation professionnelle

2025 Formation TEEP (Transition Écologique et Enjeux Pédagogiques) 6h30
(Gaëlle Charron et David Laille, Projet Fire-UP / Action P.A.R.I.S.)

2024 Formation Accessibilité pédagogique (Marie-Pierre Toubhans/INSEI)

2024 Webinaire de sensibilisation aux troubles Dys à l’université (Atypie-Friendly)

2023-2024 Participation assidue aux déjeuners PedaGo !

2021 Formation à l’usage de Wooclap (2h Formation en ligne)

2017 la pédagogie innovante à l’UFR SdV (½ journée - Paris Diderot)

2017 MOOC « Enseigner avec les Serious Games » plateforme FUN, umontpellier

2017 Formation à l’usage des outils du FabLab du SCRIPT (2½ journées)

2016 MOOC Les médiations culturelles et scientifiques à l’ère des réseaux sociaux (1 mois)

2016 Formation à l’usage de R (½ journée)

2014 Formation à l’usage d’une salle d’e-learning (½ journée)

Innovation Pédagogique/Médiation Scientifique Universitaire

2025 10 ans de CBioNum : Célébration d’un laboratoire d’apprentissage (AAP Interne UFR SdV 4806€)

2025 Projet "Le Jargon des Labos" (AMI Faculté des Sciences 2700€)

2025 Projet "TRESOR à 6 pattes" (AMI Faculté des Sciences 2730€)

2025 Congé pour Projet Pédagogique (CPP durée 6 mois) pour développer le Projet ACoLe

2024 Co-organisation "Fais voir ta Science" (restitution AMI Médiation Scientifique Faculté des Sciences)

2024 Participation au colloque Telling Science Drawing Science / Science en récit, science en image
 2024 Co-organisation et participation à la Nuit Blanche Lunaire (IPGP)
 2024 Animations iNaturalist lors de la fête du personnel d'Université Paris Cité
 2024-2025 Co-organisation partenariat Université Paris Cité & Festival Double·Science
 2023 Projet "CBioNum 2.0" (AMI Faculté des Sciences 2000€)
 2023 Co-organisation de la Journée des Initiatives Pédagogiques (JIP)
 2023 Projet ACoLe (Alliance de Comités de Lecture-AAP Innovation pédagogique-IdEx UPCité 26600€)
 2023 Candidature IUF 2023 - Chaire de Médiation scientifique [non obtenue]
 2022 Projet BiodiverCité (AAP Innovation pédagogique-IdEx UPCité 40099€)
 2022-2024 Exposition itinérante BiodiverCité (AMI Faculté des Sciences 15000€)
 2022 Projet Papier-Mâché (AMI Faculté des Sciences 4443€)
 2021 Projet UNaturalist : exploitation d'applications de smartphone pour identifications naturalistes (partenariat pédagogique dans le cadre du "Projet Ulab" de l'Institut des Défis, cofondé par le Learning Planet Institute (LPI 750€)
 2018 Co-porteur du projet « Optique » pour équiper l'UFR Sciences du Vivant de matériel de captation vidéo adapté aux prises de vues sur le terrain et en vue d'une création d'une médiathèque iconographique naturaliste. (17240€)
 2017-présent Intervenant dans le dispositif Université Ouverte
 2017 Prix de l'innovation numérique (IN2017), Université Paris Diderot (5000€) [CBioNum]
 2016 allocation d'un CRCT pédagogique de 96h répartis entre deux enseignants (Patrick Laurenti & Pierre Kerner) pour le développement pédagogique de l'UE 'Culture Biologique Numérique'
 2016-présent co-fondateur du blog 'Culture Biologique Numérique' <https://bionum.u-paris.fr/>
 Projet collaboratif alimenté par les productions des étudiant·e·s de l'UFR SdV de l'Université Paris Cité.
 2012-2013 Unideosciences : projections de documentaires scientifiques, UFR SdV

Interventions Colloques/Séminaires

Vulgarisation et Médiation Scientifique : Réseau Inter-Msh, Forum Jeunes Chercheurs Université de Bourgogne, RSG France – JeBiF, CENTURI, Workshop des métiers Université Paris Cité, Forum de la Médiation - Institut Pasteur, 40 ans du master AJCS

Intervention pour des conférences et sorties naturalistes pour l'Association Universitaire Timarcha depuis 2018 et pour l'association GNAUM en 2021.

Interviews accordés pour mémoires ou recherche

Benoist Blanchard (Thèse en Sciences de l'information et de la communication et en Arts), Paul Guille-Escuret (Master LOPHISS, Université Paris Diderot), Eva Gril (Master de Didactique des Sciences, Montpellier), Gwenaëlle Derrien (Master Information et médiation scientifique et technique. Parcours : Information Scientifique Et Médiation En Environnement - ISME), Dominique Pasquier (EHESP), Brice Girardey (Bioinformatique), Morgane Cretin-Reina & Gabrielle Rasata (Graphisme/Design).

Activité de Communication Scientifique destinée au grand public

Livres :

- P. Kerner & M. Sandon (2022). L'Odyssée Evolutive. Delcourt. ISBN-13 : 978-2-413-04268-6
- P.Baud & P. Kerner (2019). Nature Secrète : merveilles insolites du vivant. Dunod, ISBN-13 : 978-2100789504.
- C. Chamussy, J. Kerner, P. Kerner, M. Sabourdy (2019). Retour vers le Paléo: Flammarion. ISBN-13 : 978-2081451438.
- P. Kerner (2018). Moi, parasite. Belin. ISBN-13: 978-2410007756.
- Café des sciences [collectif] (2017). La science à contre-pied. Belin. ISBN-13: 978-2410003024.

Blog :

2009-présent blogueur sur Strange Stuff and Funky Things <http://ssaft.com/> (~800 billets)

Vie Associative :

2024-présent Membre du bureau de l'association naturaliste Timarcha (Réfèrent UPCité)

2012-2017 Vice-Président du Café des Sciences, association de vulgarisateurs scientifiques

2012-2013 Fondateur des communautés vidéos/illustration scientifiques Vidéosciences et Strip Science

Podcast / Chroniques Radio :

2016-présent Chroniques régulières sur « La Méthode Scientifique/La Science CQFD », France Culture
2021 « La Nature sur Ecoute », Hors-Série Futura Podcast avec E. Kerner (3 épisodes)
2012-présent Membre de Podcast Science <https://www.podcastscience.fm/> (~70 épisodes)
2011-2012 Chroniques hebdomadaires sur « La Tête au Carré », France Inter

Télévision/Vidéos :

2024-2025 Auteur et présentateur de la série de vidéos courtes « Etymothèque ». Cairn Productions. Soutien CNC Talent (30000€). 18 épisodes
Prix du Jury Frames Festival - Concours Emergence (3000€)
2025 Participation à une émission Sciences & Avenir sur Twitch.
2024 Participation à deux émissions Scope. Arte TV sur Twitch.
2024 Auteur et présentateur de la série de vidéos courtes « EvoLessons ». 15 épisodes crowdfundés (500€)
2019-2020 Auteur et présentateur dans « Bestioles », Science & Vie TV. Goldenia Studios. 20 épisodes.
2017-présent Chaîne Youtube de Vulgarisation « Strange Stuff and Funky Things »
2014-présent Relectures et collaborations avec différents vidéastes (Dr Nozman, La Boîte à Curiosités, Scilabus, Le Vortex, Zeste de Science, String Theory, etc.)

Magazine/Journaux :

Interviews dans les magazines Ça m'intéresse, Le Monde, Ouest France, Sciences & Avenir, MaxiScience, France Culture (site web), Mediapart, The Meta News

Evènements :

11/2024 Tables-rondes et interviews lors du Festival les Utopiales
11/2024 Tables-rondes Instant Cult'
2022-présent Co-organisateur du Défi Nature Urbaine (City Nature Challenge) Paris Ile de France
08/2023 Conférence lors du festival d'Astronomie de Fleurance « Les prémices du vivant »
06/2021 Cycle de visites guidées « La Nature en Portraits » avec E. Kerner, Musée d'Orsay
12/2018 Conférence Béton-Salon « Amours et Parasites »
01/2017 Co-organisateur du Festival Vidéosciences en partenariat avec le Carrefour Numérique de la Cité des Sciences et de l'Industrie
2016-présent Intervention pour des soirées Pint of Science (7 éditions)
2011-présent Animateurs de stand, tables-rondes et conférences pour représenter la communauté du Café des Sciences (Neocast, Festival Pariscience, Play Azur, Les Historiques de Montbazou, Festival Scientilivre, Lyon Science, Geek Touch, Geekopolis, Congrès AMCSTI, Forum des Jeunes Chercheurs de l'Université de Bourgogne, Pint Of Science, Congrès Sciences et Médias, JOBIM, PodParis)

Peer Reviews

Molecular Biology and Evolution, BMC Evolutionary Biology, Genome Biology, Genome Biology and Evolution & PLOS ONE

Participation aux rassemblements scientifiques

Communications affichées

2nd European society for Evolutionary Developmental Biology Conference, Ghent

Août 2008

Evolution of neurogenesis among Bilaterians. Insights from the annelid *Platynereis dumerilii*
P. Kerner, E. Simionato, N. Dray, M. Le Gouar, G. Balavoine, M. Vervoort

GRC Conference on Molecular Evolution, Ventura (Californie)

Février 2008

Evolution of neurogenesis among Bilaterians. Insights from the annelid *Platynereis dumerilii*
P. Kerner, E. Simionato, V. Ngô-Muller, M. Le Gouar, G. Balavoine, M. Vervoort

5th European Conference on Comparative Neurobiology, Paris

Avril 2007

Genetic and Molecular Characterization of Neurogenesis in the annelid *Platynereis dumerilii*
P. Kerner, M. Le Gouar, E. Simionato, V. Ngô-Muller, G. Balavoine, M. Vervoort

Journées de l'Institut Jacques Monod, Paris

Février 2007

Genetic and Molecular Study of Neurogenesis in an annelid, *Platynereis dumerilii*

P. Kerner, E. Simionato, M. Le Gouar, V. Ngô-Muller, V. Ledent, G. Balavoine, M. Vervoort

1st European society for Evolutionary Developmental Biology Conference, Prague

Août 2006

Genetic and Molecular Study of Neurogenesis in an annelid, *Platynereis dumerilii*

P. Kerner, E. Simionato, M. Le Gouar, N. Rabet, G. Balavoine, M. Vervoort

Communications orales

Journées d'études "Les écritures alternatives de la recherche au sein d'Université Paris Cité" (État des lieux, dynamiques, synergies)

Juin 2025

« Culture Biologique Numérique : le cercle vertueux de la vulgarisation scientifique »

P. Kerner (Institut Jacques Monod), B. Uzan (INSERM), P. Laurenti (LIED), A. di Fabio (Laboratoire de Didactique)

Colloque Telling Science Drawing Science (tsds 4^e édition), Angoulême

Novembre 2024

Communication scientifique en licence de sciences de la vie

A. Di Fabio, Laboratoire de Didactique André Revuz, P.Kerner, Institut Jacques Monod, Université Paris Cité

Colloque annuel de la Société Française de Biologie du Développement (SFBD), Dourdan

Septembre 2007

A conserved regulatory network is involved in neural determination and specification in the annelid *Platynereis dumerilii*

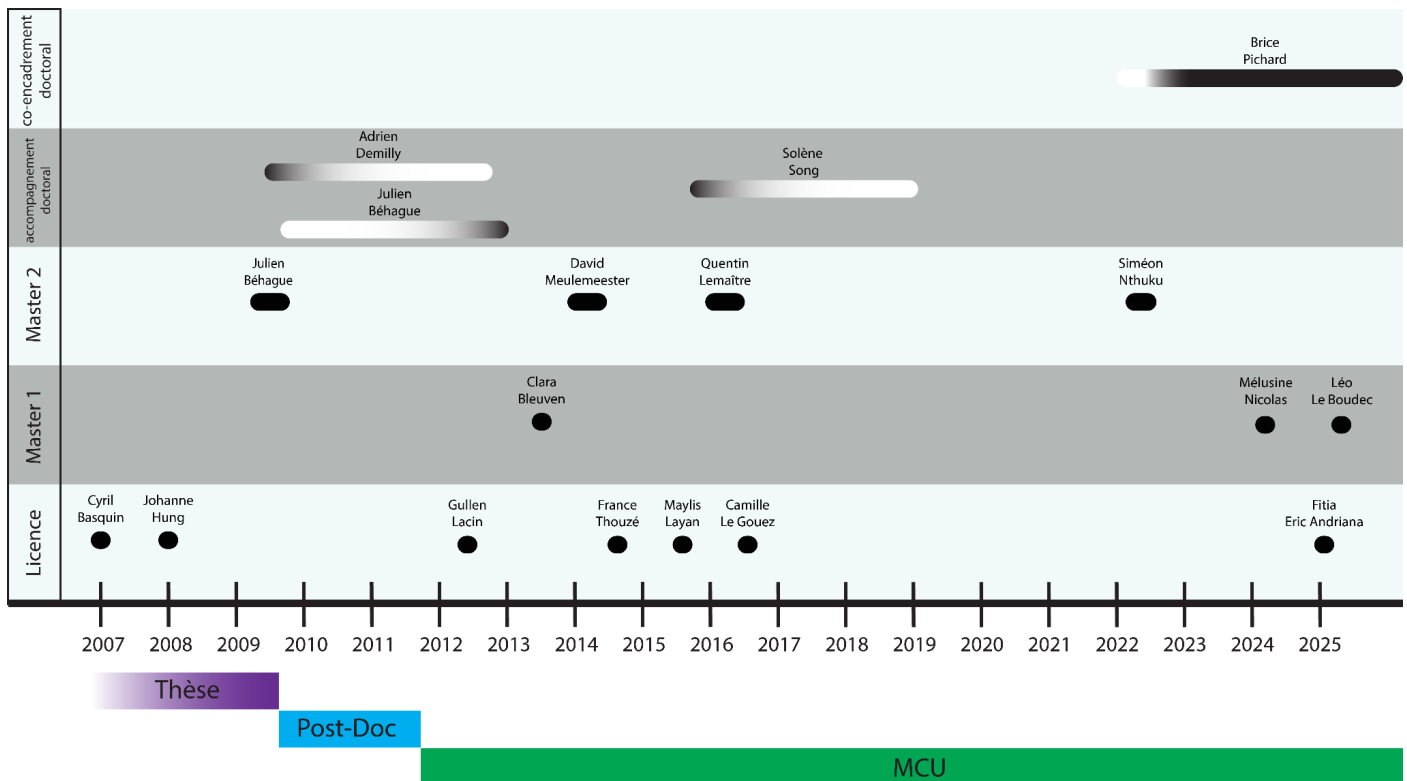
Collaborateur·ice·s

Anaïs Bardet (IGBMC, Université de Strasbourg), Lucie Laplane (IHPST), Jerome Hui (School of Life Sciences, The Chinese University of Hong Kong - Échange entre équipes dans le cadre d'un programme Procore), Eric Bellefroid (ILB), Frédéric Causeret (Imagine, UP Cité), Annemiek Cornelissen (MSC, UP Cité), Bernard Degnan (University of Queensland), Lucie Laplane (IHPST, Panthéon-Sorbonne), Alessandra Pierani (Imagine).

ANNEXE B : Encadrements et Publications

17 publications dans des revues internationales à comité de lecture (depuis 2006).
1274 citations, h-index 16, i10-index 18 ([Google scholar](https://scholar.google.com/citations?hl=fr&user=KernerP) 09/07/25).

Chronologie des activités de supervision et d'encadrement



[étudiant·e·s encadré·e·s **en gras**]

in prep

- Vullien, A., Baduel, L., **Meulemeester, D.**, **Béhague, J.**, **Bleuven, C.**, **Thouzé, F.**, **Layan, M.**, **Le Gouez, C.**, Vervoort, M., Gazave E., Kerner, P., An overview of *Prdm* genes expressions and functions from the phylogenetic vantage point of an annelid

2025

- Bideau, L., Baduel, L., Krasovec, G., Dalle, C., Lamer, O., **Nicolas, M.**, Couëtoux, A., Blugeon, C., Paré, L., Vervoort, M., Kerner, P., Gazave, E. (2025). Multifaceted conserved functions of Notch during post-embryonic neurogenesis in the annelid *Platynereis*. bioRxiv

2021

- Planques, A., Kerner, P., Ferry, L., Grunau, C., Gazave, E., & Vervoort, M. (2021). DNA methylation atlas and machinery in the developing and regenerating annelid *Platynereis dumerilii*. BMC Biology, 19(1), 148
- Bideau, L., Kerner, P., Hui, J., Vervoort, M. & Gazave, E. (2021) Animal regeneration in the era of transcriptomics. Cell Mol Life Sci, 78(8), 3941-3956.

2020

- Song, S.**, Starunov, V., Bailly, X., Ruta, C., Kerner, P., Cornelissen, A. J. M., & Balavoine, G. (2020). Globins in the marine annelid *Platynereis dumerilii* shed new light on hemoglobin evolution in bilaterians. BMC Evol Biol 20(1), 165

2016

- Karaz, S., Courgeon, M., Lepetit, H., Bruno, E., Pannone, R., Tarallo, A., **Thouzé, F.**, Kerner, P., Vervoort, M., Causeret, F., Pierani, A., & D'Onofrio, G. (2016). Neuronal fate specification by the Dbx1 transcription factor is linked to the evolutionary acquisition of a novel functional domain. EvoDevo 7(1), 18
- Vervoort, M., **Meulemeester, D.**, **Béhague, J.**, & Kerner, P. (2016). Evolution of *prdm* genes in animals : Insights from comparative genomics. Mol Biol Evol 33(3), 679-696

2015

- Starunov, V. V., Dray, N., Belikova, E. V., Kerner, P., Vervoort, M., & Balavoine, G. (2015). A metameric origin for the annelid pygidium? BMC Evol Biol 15(1), 25

2013

- Suga, H., Chen, Z., de Mendoza, A., Seb  -Pedr  s, A., Brown, M. W., Kramer, E., Carr, M., Kerner, P., Vervoort, M., S  nchez-Pons, N., Torruella, G., Derelle, R., Manning, G., Lang, B. F., Russ, C., Haas, B. J., Roger, A. J., Nusbaum, C., & Ruiz-Trillo, I. (2013). The Capsaspora genome reveals a complex unicellular prehistory of animals. Nat Commun 4(1), 2325

2011

- Jos  -Edwards, D. S., Kerner, P., Kugler, J. E., Deng, W., Jiang, D., & Di Gregorio, A. (2011). The identification of transcription factors expressed in the notochord of *Ciona intestinalis* adds new potential players to the brachyury gene regulatory network. Dev Dyn 240(7), 1793-1805
- Kerner, P., Degnan, S. M., Marchand, L., Degnan, B. M., & Vervoort, M. (2011). Evolution of RNA-binding proteins in animals: insights from genome-wide analysis in the sponge *Amphimedon queenslandica*, Mol Biol Evol, 28(8), 2289-2303.
- Kugler, J. E. *, Kerner, P. *, Bouquet, J.-M., Jiang, D., & Di Gregorio, A. (2011) Evolutionary changes in the notochord genetic toolkit: a comparative analysis of notochord genes in the ascidian *Ciona* and the larvacean *Oikopleura*, BMC Evol Biol 11(1):21
(*: premiers co-auteurs)
- **Demilly, A.**, Simionato, E., Ohayon, D., Kerner, P., Garc  s, A., & Vervoort, M. (2011). Coe genes are expressed in differentiating neurons in the central nervous system of protostomes. PLOS ONE 6(6), e21213.

2009

- Kerner, P., Simionato, E., Le Gouar, M., & Vervoort, M. (2009). Orthologs of key vertebrate neural genes are expressed during neurogenesis in the annelid *Platynereis dumerilii*, Evol Dev 11(5), 513-524.
- Kerner, P. *, Ikmi, A. *, Coen, D., & Vervoort, M. (2009). Evolutionary history of the iroquois/Irx genes in metazoans. BMC Evol Biol, 9(1), 74.
(*: premiers co-auteurs)
- Kerner, P., **Hung, J.**, **B  hague, J.**, Le Gouar, M., Balavoine, G., & Vervoort, M. (2009). Insights into the evolution of the snail superfamily from metazoan wide molecular phylogenies and expression data in annelids. BMC Evol Biol, 9(1), 94.

2008

- Simionato, E., Kerner, P., Dray, N., Le Gouar, M., Ledent, V., Arendt, D., & Vervoort, M. (2008). Atonal- and achaete-scute-related genes in the annelid *Platynereis dumerilii* : Insights into the evolution of neural basic-helix-loop-helix genes. BMC Evol Biol, 8(1), 170.

2007

- Simionato, E., Ledent, V., Richards, G., Thomas-Chollier, M., Kerner, P., Coornaert, D., Degnan, B. M., & Vervoort, M. (2007). Origin and diversification of the basic helix-loop-helix gene family in metazoans : Insights from comparative genomics. BMC Evol Biol, 7(1), 33.

2006

- Kerner, P. *, Zelada Gonz  lez, F. *, Le Gouar, M., Ledent, V., Arendt, D., & Vervoort, M. (2006). The expression of a hunchback ortholog in the polychaete annelid *Platynereis dumerilii* suggests an ancestral role in mesoderm development and neurogenesis. Dev Gene Evol, 216(12), 821-828.
(*: premiers co-auteurs)

ANNEXE C : Formations Suivies

Dans un souci de maintenir, améliorer et acquérir des compétences utiles à mon activité d'Enseignant Chercheur, j'ai suivi plusieurs formations au cours de ma carrière dont voici une liste:

2025	Formation TEEP (Transition Ecologique et Enjeux Pédagogiques) 6h30 (Gaëlle Charron et David Laille, Projet Fire-UP / Action P.A.R.I.S.)
2024	Formation Accessibilité pédagogique (Marie-Pierre Toubhans/INSEI)
2024	Webinaire de sensibilisation aux troubles Dys à l'université (Atypie-Friendly)
2023-2024	Participation assidue aux déjeuners PedaGo !
2021	Formation à l'usage de Wooclap (2h Formation en ligne)
2017	la pédagogie innovante à l'UFR SdV (½ journée - Paris Diderot)
2017	MOOC « Enseigner avec les Serious Games » plateforme FUN, umontpellier
2017	Formation à l'usage des outils du FabLab du SCRIPT (2½ journées)
2016	MOOC Médiations culturelles et scientifiques à l'ère des réseaux sociaux (1 mois)
2016	Formation à l'usage de R (½ journée)
2014	Formation à l'usage d'une salle d'e-learning (½ journée)

L'essentiel des formations suivies durant ma carrière se réalise en ligne, à l'aide de tutoriels disponibles sur différentes plateformes pédagogiques (notamment les ressources en lignes d'Université Paris Cité et celles de l'ex. Université Paris Diderot). Je cherche surtout à parfaire mes connaissances des outils numériques pouvant améliorer l'interactivité de mes contenus, engager mes étudiant·e·s voire le grand public et faciliter l'introduction de méthodes efficaces d'acquisition du savoir. Je cherche également à partager mes découvertes en pratiques pédagogiques innovantes avec mes collègues, notamment dans le cadre de **casse-croûtes Usages numériques** – pédagogie organisés par le SCRIPT, les **demi-journées pédagogiques** organisées par l'UFR SdV ou encore les déjeuners "**PedaGo !**". Récemment, je me suis engagé dans une démarche plus citoyenne de la pédagogie et m'intéresse aux questions d'accessibilité des enseignements et de leur transition vers des enjeux écologiques.

ANNEXE D :

Responsabilités et activités scientifiques et administratives

J'ai participé à de nombreux colloques et séminaires (European Evolution & Development Society, PanAm EvoDevo, ITMO, Labex WhoAml, EFOR) depuis mon doctorat, entretenant ainsi un réseau dynamique de recherche.

Mes recherches m'ont amené à générer et entretenir des collaborations avec différents chercheurs à travers le monde : Anaïs Bardet (IGBMC, Université de Strasbourg), Lucie Laplane (IHPST), Jerome Hui (School of Life Sciences, The Chinese University of Hong Kong - Échange entre équipes dans le cadre d'un programme Procore), Eric Bellefroid (ILB), Frédéric Causeret (Imagine, UP Cité), Annemiek Cornelissen (MSC, UP Cité), Bernard Degnan (University of Queensland), Lucie Laplane (IHPST, Panthéon-Sorbonne), Alessandra Pierani (Imagine).

Dans le cadre d'une demande de financement Procore pour rapprocher notre équipe de celle de Jérôme Hui, à Hong Kong, j'ai participé à l'organisation et l'accueil de certains membres de son équipe à Paris en 2019, ainsi qu'à un séjour à Hong Kong.

Parallèlement aux activités présentées précédemment, je me suis investi dans l'administration de l'université en participant à la vie collective au sein de mon UFR, pour l'université ou pour mon institut de recherche (co-responsable de mention, membre du conseil d'Enseignement puis du conseil d'administration au sein de mon UFR). J'ai également été chargé de mission pour le Vice-président à la Culture scientifique et à son Rayonnement d'Université Paris Cité (Janvier 2022), puis chargé de mission médiation et vulgarisation scientifiques pour le doyen de la Faculté des Sciences (2023-2024).

Financements Recherche

Octobre 2023 – Septembre 2026 Prime individuelle RIPEC 3

Janvier 2020 – Janvier 2022 AAP « Emergence En Recherche » - IdEx Université Paris Cité (40000€)

Avril 2011 – Août 2011 Bourse individuelle de la Philippe Foundation (9840\$)

Oct. 2005 – Sept. 2008 "Bourse Docteur Ingénieur", délivrée par le CNRS.

Sept. 2003 – Août 2004 "Bourse du mérite de DEA", délivrée par le Ministère Français de l'Education Nationale et de la Recherche.

Consortiums: ANR STEM AAPG2020, PROCORE Campus France (2019-2020), ANR METAMERE Blanc SVSE 2 (2012), ANR Annelivertebr Blanc (2009), ANR URBILATERIA (2006)