

Maud Tenailon

Directrice de recherche au CNRS

Génomique évolutive : domestication et adaptation des plantes cultivées

mariée (nom de jeune fille: Le Thierry d'Ennequin)

3 enfants

48 ans

Coordonnées professionnelles:

Génétique Quantitative et Evolution – Le Moulon

Ferme du Moulon

Tel. 33 (0) 1 69 33 23 34

91190 Gif-sur-Yvette

Fax. 33 (0) 1 69 33 23 40

France

Email. maud.tenailon@inrae.fr

<http://moulon.inrae.fr/personnes/mtenailon/>

- 2013- **Directrice de Recherche CNRS** (DR2) à l'UMR 8120 Génétique Quantitative et Evolution – Le Moulon, Directrice de l'équipe Dynamique du Génome et Adaptation des Plantes cultivées (DyGAP) puis équipe Génomique Evolutive et Adaptation des plantes Domestiquées (GEvAD).
- 2020- Directrice adjointe de l'UMR 8120 Génétique Quantitative et Evolution – Le Moulon.
2002-2013 Chargée de Recherche CNRS à l'UMR 8120 de Génétique Végétale du Moulon, Directrice de l'équipe Génétique Evolutive : Adaptation et Redondance (GEAR) en 2012 et 2013.
- 2011 Médaille de bronze CNRS
- 2009-11 Mise à disposition par le CNRS auprès de l'Université de Californie, Irvine (Etats-Unis), Département d'Ecologie et de Biologie Evolutive.
- 2009 HDR soutenue à l'Université Paris-Sud 'La domestication comme modèle d'étude pour décrypter les bases génétiques de l'adaptation'.
- 1999-02 Stage post-doctoral dans le laboratoire de B. Gaut: Evolution Moléculaire des Plantes, à l'Université de Californie Irvine (Etats-Unis) dans le département d'Ecologie et de Biologie Evolutive.
- 1995-99 Thèse de doctorat à l'UMR 8079 Ecologie, Systématique, Evolution (Paris XI/ CNRS/INA-PG/ENGREF) sur le thème 'Domestication et évolution du génome chez les céréales : l'exemple du millet *Setaria italica* (L.) Beauv.'.
- 1994-95 DEA de ressources génétiques et amélioration des plantes (Paris VI/ Paris XI/ INA-PG). Stage effectué à l'UMR 8079 'Analyse comparative de trois formes horticoles d'*Allium cepa* (L.)'.

ENCADREMENT

- 2020-2023 **Ewen Burban** (thèse sous la direction de S. Glémin, co-encadrement, contrat ANR). 'Génomique de l'isolement reproducteur au cours de la domestication chez les plantes'.
- 2020 **Laura Mathieu**, M1 (co-encadrement D. Manicacci). 'Comprendre les déterminants de l'association maïs-haricot'.
- 2020 **Jeanne Liger**, M2 (co-encadrement P. Deschamps, ESE). 'Impact des changements phénologiques sur la rhizosphère bactérienne chez le maïs'.
- 2017-2020 **Arnaud Desbiez-Piat** (thèse sous la direction de C. Dillmann, co-encadrement, contrat doctoral ED567). 'Evolution sous sélection divergente du réseau de régulation de la transition florale chez le maïs'.
- 2019 **Ewen Burban**, M1 (co-encadrement A. Le Rouzic, EGCE). 'Effet de la domestication sur les réseaux de régulation des gènes' (5 mois).
- 2019 **Lydia Inès Maset**, DUT (co-encadrement D. Manicacci). 'Réalisation et vérification de croisements sauvages x domestiques chez le haricot et le millet' (2 mois).
- 2015-2019 **Natalia Martínez-Ainsworth** (direction de thèse, co-encadrement D. Manicacci, bourse

- mexicaine CONACYT). 'Caractérisation des déterminants génomiques et des réponses phénotypiques de l'adaptation à l'altitude chez les téosintes'.
- 2015-2018 **Anne Lorant** (direction de thèse, co-encadrement J. Ross-Ibarra, financement NSF, accueil 2 mois). 'Adaptation locale et plasticité phénotypique chez les téosintes'.
- 2017 **Juliette Aubert**, M1 (co-encadrement D. Manicacci). 'Association entre la présence-absence d'un élément transposable et le tallage chez les téosintes' (6 semaines).
- 2015 **Khawla Seddiki**, CDD (co-encadrement C. Dillmann). 'Outils statistiques pour l'analyse de données transcriptomiques' (12 mois).
- 2014 **Jason Lapeyronnie**, M2 (co-encadrement S. Boitard, MNHN Paris). 'Gérer l'incertitude des génotypes dans la reconstruction d'haplotypes pour la détection de sélection – application à des données de séquençage haut-débit' (6 mois).
- 2014 **Maéva Mollion**, M2 (co-encadrement C. Dillmann). 'Identification et patrons d'expression de gènes impliqués dans le déterminisme de la transition florale chez le maïs par séquençage haut-débit du transcriptome de méristèmes apicaux caulinaires' (6 mois).
- 2014 **Jessica Melique**, stage césure AgroParisTech (co-encadrement J. de Meaux à Münster, Allemagne). 'Densité en stomates et adaptation à l'altitude chez des téosintes' (6 mois dont 3 à Muenster, Allemagne).
- 2013 **Coraline Linguat**, L3. 'Expression de gènes impliqués dans la transition florale chez le maïs' (3 mois).
- 2012-2016 **Jonas Aguirre** (thèse sous la direction de Luis Eguiarte, bourse mexicaine Conabio). 'Structure et évolution de la diversité génétique de populations sauvages de téosintes' (accueil 2 mois par an).
- 2013-2016 **Jean-Tristan Brandenburg**. Chercheur postdoctorant. 'Histoire évolutive et adaptation du maïs liée à son introduction en Europe'.
- 2012-2016 **Margaux-Alison Fustier** (direction de thèse, co-encadrement D. Manicacci, contrat ANR). 'Adaptation locale des téosintes *Zea mays* ssp. *parviglumis* et ssp. *mexicana* le long de gradients altitudinaux' (dont 6 mois au Mexique).
- 2012 **Betty Leitte**, L3. 'Expression de gènes impliqués dans la transition florale chez le maïs' (4 mois).
- 2012 **Alix Marchandin**, L2. 'Etude du déséquilibre de liaison dans une région candidate à la variation pour la précocité de floraison chez le maïs' (2 mois).
- 2011 **Odrade Nougé**, M2 (co-encadrement D. Manicacci). 'Patrons de sélection et évolution de la voie de biosynthèse de l'amidon chez les angiospermes' (6 mois donc 5 à Irvine, Etats-Unis).
- 2010-2012 **Concepción Muñoz Díez**. Chercheur postdoctorant. 'Variation de taille de génome et contenu en éléments transposables le long de gradients altitudinaux chez le maïs et les sous-espèces sauvages apparentées' (Irvine, Etats-Unis).
- 2007-2011 **Eléonore Durand** (thèse sous la direction de C. Dillmann, co-encadrement, bourse INRA-BDI). 'Réponse à la sélection pour la précocité de floraison chez le maïs en contexte multilocus et applications en génétique d'association' (dont 2 semaines à Irvine, Etats-Unis).
- 2007 **Cyril Michel**, BTS (1^{ère} année). 'Transformation de marqueurs SSAP en marqueurs PCR' (3 mois).
- 2007 **Letizia Camus-Kulandaivelu**. Chercheur postdoctorant. 'Sélection à 2 locus au cours de la domestication' (3 mois).
- 2006-2008 **Tatiana Zerjal**. Chercheur postdoctorant. 'Contribution des éléments transposables à la domestication du maïs' (21 mois).
- 2006-2010 **Jonathan Corbi** (thèse sous la direction de D. Manicacci, co-encadrement, bourse BDI obtenue en octobre 2006). 'Evolution moléculaire d'une famille multigénique impliquée dans la voie de biosynthèse de l'amidon au cours de la domestication du maïs'.
- 2006 **Letizia Camus-Kulandaivelu** (thèse sous la direction d'Alain Charcosset, encadrement pour le troisième chapitre de thèse, 10 mois). 'Evolution moléculaire dans la région *tb1-d8* : cas d'une sélection à deux locus'.
- 2005 **Maryline Debieu**, M2 (co-encadrement D. Manicacci). 'Etude de l'évolution d'une famille multigénique impliquée dans la voie de biosynthèse de l'amidon au cours de la domestication du maïs' (6 mois).
- 2005 **Estelle Bonleu**, M2. 'Développement de la SSAP pour étudier la contribution des éléments transposables à la domestication du maïs, application sur quelques familles' (6 mois).

2005	Pierre Garrabos , M1 (co-encadrement D. Manicacci). 'Etude de la diversité nucléotidique du gène L2 impliqué dans la voie de biosynthèse de l'amidon, chez Zea mays' (2 mois).
2004	Milouda Sehabi , DESS (co-encadrement D. Manicacci). 'Evolution de gènes paralogues chez le maïs : impact de la domestication' (6 mois).
2004	Caroline Esnault , Maîtrise. Stage libre (3 mois).

ENSEIGNEMENT

2020	Plant Domestication, Biology Master : European course on comparative genomics, ENS Lyon (3h00). Mini-conférence de confinement, La science depuis mon salon « Maize gets wild in quarantine », Université Paris-Saclay (0.5 heure). Génomique des populations, Erasmus Workshop « Genetic resources and gene discovery for climate change mitigation », Università Politecnica delle Marche, Ancone, Italie (7 heures).
2019	Génomique évolutive du maïs, Chaire « Modélisation Mathématique et Biodiversité », Ecole Polytechnique (1 heure). Plant Domestication, Biology Master: European course on comparative genomics, ENS Lyon (1h30+1h00 table ronde).
2018	Evolution expérimentale, M2, ENS Paris (3 heures).
2015-2016	Génomique évolutive du maïs, M2 Mathématiques pour les Sciences du Vivant, Orsay (1h30).
2014	Travaux dirigés sur les types de graphique, 1 ^{er} cycle, Paris XI (6 heures).
2011-2015	Domestication des plantes, 2 ^{ème} cycle médecine, Faculté X. Bichat (3 heures).
2008	Signature moléculaire de la sélection, module d'école doctorale, MNHN (3 heures). Domestication des plantes, 2 ^{ème} cycle médecine, Faculté X. Bichat (3 h).
2007	Domestication des plantes, module de M2, MNHN (3 heures). Domestication des plantes, 2 ^{ème} cycle médecine, Faculté X. Bichat (3 heures).
2006	Evolution moléculaire, 3 ^{ème} année, INA-PG (15 heures). Domestication des plantes, 2 ^{ème} cycle médecine, Faculté X. Bichat (3 heures).
2005	Domestication des plantes, 2 ^{ème} cycle médecine, Faculté X. Bichat (3 heures).
2004	Caractères quantitatifs chez les plantes, 2 ^{ème} cycle, PARIS VI (25 heures).
1997-1998	Domestication, 3 ^{ème} année, INA-PG (6 heures).
1996-1997	Biologie et évolution des populations, 2 ^{ème} cycle, PARIS XI (20 heures).
1995-1996	Bioinformatique, 1 ^{er} cycle, PARIS XI (22 heures). Génétique des populations, 2 ^{ème} cycle, PARIS XI (9 heures). Génétique formelle, 1 ^{er} cycle pharmacie, Faculté Châtenay-Malabry (9 heures).

EXPERTISE SCIENTIFIQUE

Participation à des commissions/conseils

- Membre nommée du conseil scientifique du département de Génétique Animale INRAE (2021-2025)
- Membre suppléante du conseil du département Sciences de La Vie de l'Université Paris-Saclay (2019-2020).
- Membre du Maize Genetics Conference Steering Committee (2019-2021).
- Membre élue du conseil de la Society of Molecular Biology and Evolution – SMBE councillor (2016-2018).
- Membre nommée de la section 23 du CoNRS 'Biologie végétale intégrative' (2012-2016).
- Membre nommée du comité scientifique de l'école doctorale 'Sciences du Végétal' (2014-2015), jury du concours de l'ED567 en juin 2015.

Travail de terrain et visiteur longue durée

- Organisation d'une collecte d'échantillons dans des exploitations agricoles en Roumanie en octobre 2018
- Chercheuse invitée au Kavli Institute for Theoretical Physics (KITP) à l'Université de Californie, Santa Barbara (Etats-Unis), Ecole d'été 2017 « Eco-Evolutionary dynamics in Nature and the lab » (6 semaines).
- Organisation d'une collecte d'échantillons dans des exploitations agricoles de la région de Tarbes (France) en septembre/octobre 2016.

- Suivi d'essais expérimentaux au Mexique en juin 2013 et octobre 2014 (INIFAP, Celaya, état du Guanajuato).
- Organisation d'une collecte d'espèces sauvages apparentées au maïs (téosintes), au Mexique (états de Guerrero, Mexico, Jalisco) en décembre 2010.

Activité éditoriale et travaux d'expertise

- Editeur associé pour Genome Biology and Evolution - GBE (revue internationale à comité de lecture) depuis janvier 2019.
- Editeur associé pour Genetica (revue internationale à comité de lecture) de janvier 2005 à juillet 2009.
- Référée pour les revues Genome Biology, Nature genetics, Nature Plants, Journal of Molecular Evolution, Plant Science, Journal of Evolutionary Biology, BMC Genomics, Molecular Biology and Evolution, Genome Research, Genetics Research, Genetics, Evolution, Plant Physiology, Genetica, Molecular Ecology, Plant Systematics and Evolution, Proc. Royal Soc. B, Theoretical and Applied genetics, Proceedings of the National Academy of Sciences, Annals of Botany, New Phytologist, Plos Genetics, Evolutionary applications, Nature.
- Référée pour des appels d'offres émanant de la NSF (Etats-Unis), de la USDA (Etats-Unis), de l'INRA, de la DFG (Allemagne, 3 jours à Stuttgart en février 2015 et 2 jours à Bonn en avril 2018 pour les réunions du Priority Program – Rapid evolutionary adaptation, Référée de 10 projets).

Participation à des réseaux

- Membre du comité scientifique du GDR AIEM (Approche Interdisciplinaire de l'Evolution Moléculaire) 2016-2020.
- Co-coordinatrice du Projet Phare 2 du Labex BASC (Biodiversité, Agroécosystèmes, Société, Climat): Génétique et Evolution pour comprendre et améliorer les capacités adaptatives des agroécosystèmes (300 keuros) 2014-2016.
- Membre du comité de pilotage du Réseau Thématique Pluridisciplinaire « Epigénétique en Ecologie et Evolution » 2013-2016.

Formations suivies

- Formation INRAE – Parcours de formation DUA, 3 jours en 2020 (Nantes).
- Formation CNRS – Médiation scientifique, 2 jours en 2019 (Gif-sur-Yvette).
- Formation CNRS – Piloter une équipe, 6 jours en 2015 (Thiais) et Gestion des conflits, 1 jour en 2016 (Versailles).
- Ecole chercheur Epigénétique en Ecologie et Evolution, mai 2015, 5 jours (Ile d'Oléron, France).

Animation scientifique

- Local host de la soixantième édition de Maize Genetics Conference, ~500 participants, mars 2018 (St Malo, France).
- Co-organisation EpiPrintemps, une rencontre entre modélisateurs et empiriciens en épigénétique, Institut Pasteur, mars 2016 (Paris, France).
- Co-organisation du colloque Empirisme et Théorie en Ecologie et Evolution - ETEE (CNRS INEE, Labex BASC, Pépinière EcoEvoDevo), septembre 2015 (Gif-sur-Yvette, France).
- Co-organisation d'un symposium "Origin and role of epigenetic information transmission in evolution" à la Conférence "Mathematical Models in Ecology and Evolution" (MMEE 2015, Paris).
- Co-organisation des séminaires hebdomadaires de l'Institut Diversité, Ecologie et Evolution du Vivant (semideev) depuis janvier 2014.
- Membre du comité d'organisation de la 36^{ème} réunion du Groupe d'Etude de Biologie et Génétique des Populations, août 2014 (Orsay, France).
- Co-organisation du colloque Epigénétique en Ecologie et Evolution (CNRS INEE), décembre 2013 (Gif-sur-Yvette, France).
- Co-organisation de la 4^{ème} Journée Biodiversité et Bioinformatique, juin 2013 (Muséum d'Histoire Naturelle de Paris, France).
- Organisation des séminaires de département hebdomadaires au premier trimestre 2010 (Université de Californie, Irvine – Département d'Ecologie et de Biologie Evolutive).
- Co-organisation de réunions de travail mensuelle en évolution moléculaire à l'ENS (Paris, France) de septembre 2005-2009 (groupe de travail evolmol) et depuis septembre 2011.
- Co-organisation d'une conférence J. Monod (Roscoff, France) en génomique évolutive (2007), modérateur d'une session.

- Modératrice d'une session au congrès Society for Molecular Biology and Evolution 2007 (Halifax, Canada).

Grand public

- Participation au MOOC semences 'Semences végétales, quels enjeux pour notre avenir ?' (GNIS), 2018.
- Comment le vivant s'adapte-t-il aux changements climatiques ? en 10' chrono. Le forum du CNRS 2015 (Paris, Sorbonne).
- Conférence « Histoire du maïs depuis sa domestication », maison des Sciences de Châtenay-Malabry (2 heures). 2014
- Co-organisation de la Fête de la science pour l'UMR de Génétique Végétale en 2003, 2006 et 2012.

Jurys de thèse et d'habilitation à diriger des recherches

S. De Mita (Univ. Montpellier), A. Haudry (Univ. Montpellier), E. Durand (Univ. Paris-Sud), P. Goubet (Univ. Lille), J-T Brandenburg (MNHN), P. Garnier-Géré (INRA Bordeaux - HDR), F. Roux (Univ. Lille - HDR), C. Trontin (Univ. Paris-Sud), R. Blanc-Matthieu (Univ. Paris-Sud), C. Jourda (Univ. Montpellier II), L. Pingault (Univ. Blaise Pascal), Yann Dussert (Univ. Paris-Sud), Maud Fagny (Institut Pasteur), Arvid Agren (Univ. Toronto, Canada), Aline Muyle (Univ. Lyon), Jose Jimenez-Gomez (INRA Versailles - HDR), Christophe Vroland (Univ. Lille), Hélène Martin (Univ. Lille - HDR), Antoine Branca (Univ. Paris-Sud - HDR), Maeva Letwein (Univ. Montpellier), Morgane Roth (ETH Zurich, Suisse), Benoît Nabholz (Univ. Montpellier - HDR), Stéphanie Arnoux (INRA Avignon), Stéphanie Mariette (INRA Bordeaux - HDR), Alexis Simon (Univ. Montpellier), Léa Boyrie (Univ. Toulouse).

Jurys de concours

- Professeur (Génétique des populations), section 67, campagne 2019, Univ. Paris-Diderot.
- Chargé de Recherche (Génétique quantitative animale et végétale), INRA, campagne 2019.
- Directeur de Recherche (Agronomie, biologie et amélioration des plantes, sciences du numérique, sciences économiques et sociales), INRA, campagne 2018.
- Chargé de Recherche (Génomique translationnelle), INRA, campagne 2017.
- Maître de conférences (Ecologie moléculaire), section 67, campagne 2017, Perpignan.
- Professeur (Biologie Quantitative), section 67, campagne 2017, Univ. Paris-Sud.
- Maître de conférences (Ecologie-Evolution-Populations), section 67, campagne 2012, Lille.
- Maître de conférences (Génomique Evolutive), section 67, campagne 2012, Montpellier.

Comités de thèse

E. Eveno (INRA Bordeaux), L. Camus-Kulandaivelu (UMR 8120, INRA Maugio), A. Audry (INRA Maugio), L. Segurel (MNHN Paris), J. Clotault (INH Angers), C. Roux (UMR 8016, Univ. de Lille), J-T Brandenburg (UMR 8079, Univ Paris Sud; UMR 5145, MNHN), L. Dutartre (UMR 6243, Sophia antipolis), A. Cornille (UMR 8079, Univ Paris Sud), F. Bienert (Univ. Lausanne, Suisse), A. Tinaut (UMR Ecofog, Guyane), A. Feurtey (UMR8079, Univ. Paris Sud), R. Akakpo (UMR Diade, UMR 8120), E. Kerdoncuff (MNHN, Paris), C. Tranchant-Dubreuil (IRD, Montpellier).

BOURSES ET CONTRATS DE RECHERCHE

2020-2025	Partenaire d'un projet H2020, Topic SFS-28-01-2019: 'GenRes and pre-breeding communities' (INCREASE), coordinatrice du Workpackage 'Data analysis and knowledge exploitation' (400 keuros).
2020-2024	Coordinatrice d'une ANR Générique 'La domestication comme un pas vers l'isolement reproducteur' (600 keuros).
2019	Coordinatrice d'un appel à collaboration IDEEV 'Impact des modifications de la phénologie sur le microbiome de la rhizosphère chez le maïs' (8 keuros).
2016-2018	Coordinatrice d'un projet du labex BASC 'Comprendre les déterminants de l'association maïs-haricot : pratiques agricoles, interactions sol-plante, nutrition' (19 keuros).
2016-2019	Partenaire d'un projet du labex BASC 'Itamaize', co-responsable de la Tâche 'Patterns of response to selection and genotype-phenotype relationships' (280 keuros total).
2015-2016	Partenaire d'un projet INRA BAP 'Mesures d'expression et étude du déterminisme de la transition florale chez le maïs' (17 keuros).
2015	Partenaire d'un projet du labex BASC 'FloSeq : Relation génotype-phénotype et déterminants de la transition florale chez le maïs' (10 keuros).
2012-2016	Co-coordinatrice d'un financement Ecos-Nord, programme d'échange avec le Mexique

	'Génomique des populations : Etude des espèces sauvages apparentées au maïs cultivé (<i>Zea mays ssp. parviglumis</i> et <i>Zea mays ssp. mexicana</i>)' (5 keuros/an).
2012-2017	Coordinatrice d'un projet ANR Bioadapt 'Identifier la variation adaptative dans les espèces sauvages apparentées de deux céréales cultivées, le maïs et le mil' (550 keuros).
2012-2014	Co-coordinatrice d'un projet France-Berkeley Fund (FDF) 'Does domestication affect recombination: a pilot study in maize' (8 kdollars).
2012-2013	Partenaire d'un appel à collaboration IDEEV 'Evolution de l'expression de réseaux de gènes au cours de l'adaptation : une étude pilote chez deux espèces modèles, la drosophile et le maïs' (13 keuros).
2012-2013	Coordinatrice d'un projet IFR87 'Diversité d'expression dans le réseau de régulation de la transition florale chez le maïs' (5.2 keuros).
2011-2019	Partenaire d'un projet Investissements d'avenir, ANR Biotechnologies et bioressources (Amaizing), responsable de la Tâche 'Génomique des populations du maïs européen' (300 keuros).
2010-2011	Partenaire d'un projet UC-Mexus 'Genome variation and transposable element content in wild subspecies of maize along altitudinal gradients' (25 kdollars).
2010-2011	Partenaire d'un appel à collaboration IDEEV 'Histoire de la domestication du pommier cultivé, <i>Malus domestica</i> ' (6 keuros).
2005-2008	Coordinatrice d'une ANR jeunes chercheurs 'Impact de la domestication sur le génome des plantes cultivées : approches expérimentales et théoriques' (150 keuros).
2005-2007	Partenaire d'un projet BRG 'Diversité et évolution d'une famille multigénique impliquée dans la biosynthèse de l'amidon chez les graminées, et cas particulier de la domestication du maïs' (39 keuros).
2005-2007	Coordinatrice d'un projet BRG 'Contribution des éléments transposables à la création de diversité et à l'adaptation du maïs : conséquences pour la conservation des ressources génétiques' (16.5 keuros).
1998-1999	Bourse de la Société de Secours des Amis des Sciences.
1995-1998	Bourse de thèse du Ministère de la Recherche.

SÉMINAIRES INVITÉS

Sept. 2020	Crop evolution: from wild to domesticate and back, Labex SPS (Univ. Paris-Saclay)
Mai 2020	Common gardens in teosintes reveal the establishment of a syndrome of adaptation to altitude, Department of Plant and Microbial Biology, University of Zurich (Suisse)
Oct. 2018	Linking genomic footprints of selection and phenotypic variation in teosintes, Institute of Biological Research, Cluj-Napoca (Roumanie)
Sept. 2017	Drivers of maize phenotypic evolution, Max Planck Institute, Tuebingen (Allemagne)
Janv. 2016	Local adaptation of teosintes along altitudinal gradients, Institute of Ecology, UNAM, Mexico city (Mexique)
Janv. 2016	Local adaptation of teosintes along altitudinal gradients, Langebio, Irapuato (Mexique)
Déc. 2013	What drives genome variation in <i>Zea</i> , Department of Animal and Plant Sciences, Univ. Sheffield (Royaume-Uni)
Oct. 2013	What drives genome variation in <i>Zea</i> , Institut for Evolution and Biodiversity, Univ. Muenster (Allemagne)
Oct. 2013	Evolution of genome size and adaptation in <i>Zea</i> , INRA, Clermont-Ferrand (France)
Juin 2013	Evolution of genome size and adaptation in <i>Zea</i> , Langebio, Irapuato (Mexique)
Mai 2013	A Glimpse on maize evolutionary genomics, Workshop Aquagenet, Sète (France)
Mai 2013	A Glimpse on maize evolutionary genomics, INRA, Avignon (France)
Janv. 2013	Evolution de la taille de génome et adaptation dans le genre <i>Zea</i> . Laboratoire Evolution, Génomes et Spéciation, CNRS, Gif-sur-Yvette (France)
Déc. 2012	Evolution de la taille de génome et adaptation dans le genre <i>Zea</i> . UMR Evolution et Diversité Biologique, Univ. P. Sabatier, Toulouse (France)
Déc. 2012	Evolution in <i>Zea</i> : genome size, transposable elements and response to selection. Genome Dynamic and Speciation, Univ. Neuchâtel (Suisse)
Oct. 2012	Evolution of genome size and adaptation in <i>Zea</i> . Institute of Ecology, UNAM, Mexico city (Mexique)

- Avril 2011 Contribution of transposable elements to the evolution of genome size in *Zea* and to recent adaptation in maize. Department of Plant Biology, Univ. of Minnesota (Etats-Unis)
- Oct. 2010 Contribution of transposable elements to the evolution of genome size in *Zea* and to recent adaptation in maize. Department of Plant Sciences, Univ. of California Davis (Etats-Unis).
- Oct. 2009 Tracking adaptive changes in maize. Department of Ecology and Evolutionary Biology, Univ. of California Irvine (Etats-Unis).
- Janv. 2009 Genomic signatures of adaptive evolution in plants. Réseau européen d'excellence Evoltree, Baden (Autriche).
- Nov. 2008 Domestication et patrons de sélection chez le maïs: bilan et perspectives. UMR d'Ecologie alpine, Univ. Grenoble (France).
- Nov. 2008 Genome-wide and local patterns of selection in maize. Department of Genetics, Univ. de Barcelona (Espagne).
- Nov. 2007 Domestication and associated patterns of selection. Trinity College, Univ. of Dublin (Irlande).
- Juil. 2006 Detecting selection during maize domestication. Max Planck Institute, Koeln (Allemagne).
- Mars 2006 Speciation and gene flow in the *Zea* genus. GDR, Banyuls (France).
- Avril 2004 A multilocus investigation of selective and demographic processes associated with maize domestication. UMR de Génétique et évolution des populations végétales. Univ. de Lille (France).
- Mars 2004 A multilocus investigation of the domestication process in maize. Institute of Ecology, Mexico city (Mexique).
- Janv. 2004 Selection versus demography: a multilocus investigation of the domestication process in maize. Institute of Ecology, Lausanne (Suisse).
- Nov. 2003 Selection versus demography: a multilocus investigation of the domestication process in maize. UMR Génome, Population, Interactions, Adaptation. Univ. de Montpellier (France).
- Avril 2003 Recombination and diversity in maize: selection versus demography. GDR, Lille (France).
- Mars 2003 Recombination and diversity in maize: selection versus demography. Département d'écologie. Univ. Paris VI (France).
- Janv. 2003 Diversité et recombinaison le long du chromosome 1 du maïs. Séminaire du Midipile, Univ. Paris XI (France).
- Nov. 2002 Groupe de travail 'maïs' INRA. Montpellier (France).

PUBLICATIONS DANS DES REVUES INTERNATIONALES À COMITÉ DE LECTURE

47. Le Corre V., Siol M., Vigouroux Y., **Tenaillon M.I.**, Délye C. 2020. Adaptive introgression from maize has facilitated the establishment of a teosinte as a noxious weed in Europe. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 117(41): 25618-25627.
46. Fustier M.-A., Martinez-Ainsworth N.E., Aguirre-Liguori J.A., Venon A., Corti H., Rousselet A., Dumas F., Dittberner H., Camarena-Hernandez M.G., Grimanelli D., Falque M., Moreau L., de Meaux J., Montez-Hernandez S., Eguiarte L.E., Vigouroux Y., Manicacci D., **Tenaillon M.I.** 2019. Common gardens in teosintes reveal the establishment of a syndrome of adaptation to altitude. *Plos Genetics.* 15(12):e1008512. [co-✉](#)
45. **Tenaillon M.I.**, Sedikki K., Mollion M., Le Guilloux M., Marchadier E., Ressayre A., Dillmann C. 2019. Transcriptomic response to divergent selection for flowering time in maize reveals convergence and key players of the underlying gene regulatory network. *BioRxiv*, 461947, ver. 5 peer-reviewed and recommended by PCI Evolutionary Biology. [✉](#)
44. Aguirre-Liguori, J.A., Gaut B.S., Jaramillo-Correa J.P., **Tenaillon M.I.**, Montes-Hernández S., García-Oliva F., Hearne S., Eguiarte L.E. 2019. Divergence with gene flow is driven by local adaptation to temperature and soil phosphorus concentration in teosinte subspecies (*Zea mays parviglumis* and *Zea mays mexicana*). *Molecular ecology.* 28:2814-2830.
43. Odonkor S., Martinez-Bello L., Wang X., Bahri B.A., Choi S., Chakraborty D., **Tenaillon M.I.**, Panaud O., Devos K.M. 2018. QTL mapping combined with comparative analyses identified genes for non-shattering in *Setaria italica*. *Frontiers in Plant Science.* 9:918.

42. Käfer J., Betancourt A., Villain A.S., Fernandez M., Vignal C., Marais G.A.B., **Tenaillon M.I.** 2018. Progress and Prospects in gender visibility at SMBE annual meetings. *Genome Biology and Evolution*. 10(3): 901-908. [co-✉](#)
41. Aguirre-Liguori J.A., **Tenaillon M.I.**, Vázquez-Lobo A., Gaut B.S., Jaramillo-Correa J-P., Montes-Hernandez S., Souza V., Eguiarte L.E. 2017. Connecting genomic patterns of local adaptation and niche suitability in teosintes. *Molecular Ecology*. 26(16):4226-4240.
40. Brandenburg J-T., Mary-Huard T., Rigaille G., Hearne S., Corti H., Joets J., Vitte C., Charcosset A., Nicolas S., **Tenaillon M.I.** 2017. Independent introductions and admixtures have contributed to adaptation of European maize and its American counterparts. *PLOS Genetics*. 13(3):e1006666. [✉](#)
39. Fustier M-A., Brandenburg J.T., Lapeyronnie J., L.E. Eguiarte, Boitard S., Vigouroux Y., Manicacci D., **Tenaillon M.I.** 2017. Signatures of local adaptation in lowland and highland teosintes from whole genome sequencing of pooled samples. *Molecular Ecology*. 26(10):2738-2756. [✉](#)
38. Berthouly-Salazar C., Thuillet A-C., Rhoné B., Mariac C., Ousseini I.S., Couderc M., **Tenaillon M.I.**, Vigouroux Y (2016). Genome scan reveals selection acting on genes linked to stress response in wild pearl millet. *Molecular Ecology*. 25(21):5500-5512.
37. **Tenaillon M.I.**, Manicacci D., Nicolas S., Tardieu F., Welcker C. (2016). Testing the link between genome size and growth rate in a collection of maize inbred lines. *Peer J*. 4:e2408. [✉](#)
- 36- Martínez-Ainsworth N.E., **Tenaillon M.I.** (2016). Superheroes and masterminds of plant domestication. *Comptes rendus de l'Académie des Sciences Biologies*. 339(7-8) :268. [✉](#)
- 35- Durand E. [✉], **Tenaillon M.I.** [✉], Raffoux X., Thépot S., Jamin P., Bourgeois A., Ressayre A., Dillmann C. (2015). Dearth of polymorphism associated with a sustained response to selection for flowering time in maize. *BMC Evolutionary Biology*. 15:103.
- 34- Vitte C., Fustier M-A., Alix K., **Tenaillon M.I.** (2014). The bright side of transposons in crop evolution. *Briefings in Functional Genomics*. 13(4):276-295. [✉](#)
- 33- Nougé O., Corbi J., Ball S.G., Manicacci D., **Tenaillon M.I.** (2014). Molecular evolution accompanying functional divergence of duplicated genes along the plant starch biosynthesis pathway. *BMC Evolutionary Biology*. 14:103. [co-✉](#)
- 32- Muñoz Diez C., Meca E., **Tenaillon M.I.**, Gaut B.S. (2014). Three groups of transposable elements with contrasting copy number dynamics and host responses in the maize (*Zea mays* ssp. *mays*) genome. *PLOS Genetics*. 10(4):e1004298.
- 31- Muñoz Diez C., Gaut B.S., Meca E., Scheinvar E., Montes-Hernandez S., Eguiarte L., **Tenaillon M.I.** (2013). Genome size variation in wild and cultivated maize along altitudinal gradients. *New Phytologist*. 199:264-276.
- 30- Hufford M., Martinez-Meyer E., Gaut B.S., Eguiarte L.E., **Tenaillon M.I.** (2012). Inferences from the historical distribution of wild and domesticated maize provide ecological and evolutionary insights. *PlosOne*. 7: e47659. [✉](#)
- 29- Cornille A, Gladieux P., Smulders M.J.M., Roldán-Ruiz I., Laurens F., Le Cam B., Nersesyan A., Clavel J., Olonova M., Feugey L., Gabrielyan I., Zhang X.-G., **Tenaillon M.I.**, Giraud T. (2012). New insights into the history of domesticated apple: secondary contribution by several wild species to the genome of cultivated varieties. *Plos Genetics*. 8 : e1002703.
- 28- Chia J-M., Song C., Bradbury P.J., Costich D.,... **Tenaillon M.I.**, ... Buckler E.S., Zhang G., Xu Y., Ware D. (2012). Maize HapMap2 identifies extant variation from a genome in flux. *Nature Genetics*. 44 : 803-807.
- 27- Zerjal T., Rousset A., Mhiri C., Combes V., Madur D., Grandbastien M-A., Charcosset A., **Tenaillon M.I.** (2012). Maize genetic diversity and association mapping using transposable element insertion polymorphisms. *Theoretical and Applied Genetics*. 124: 1521-1537.
- 26- Durand E., Bouchet S., Bertin P., Ressayre A., Jamin P., Charcosset A., Dillmann C., **Tenaillon M.I.** (2012). Flowering time in maize: linkage and epistasis at a major effect locus. *Genetics*. 190:1547-1562.
- 25- Corbi J., Dutheil J., Damerval C., **Tenaillon M.I.**, Manicacci D. (2012) Accelerated evolution and coevolution drove the evolutionary history of AGPase subunits during Angiosperm radiation. *Annals of Botany*. 109:693-708.
- 24- **Tenaillon M.I.**, Hufford M., Gaut B.S., Ross-Ibarra J. (2011). Genome size and transposable element content as determined by high-throughput sequencing in maize and *Zea luxurians*. *Genome Biology and Evolution*. 3:219-229.
- 23- **Tenaillon M.I.**, Charcosset A. (2011). A European perspective on maize history. *Comptes rendus de l'Académie des Sciences Biologies* 334: 221-228. [✉](#)

- 22- Corbi J., Debieu M., Rousselet A., Montalent P., Le Guilloux M., Manicacci D., **Tenaillon M.I.** (2011). Contrasted patterns of selection since maize domestication on duplicated genes encoding a starch pathway enzyme. *Theoretical and Applied Genetics*. 122:705-722. ☒
- 21- **Tenaillon M.I.**, Hollister J., Gaut B.S. (2010). A triptych of the evolution of plant transposable elements. *Trends in Plant Science*. 15(8): 471-478.
- 20- Durand E., **Tenaillon M.I.**, Ridel C., Coubriche D., Jamin P., Jouanne S., Charcosset A., Dillmann C. (2010). Standing variation and new mutations both contribute to a fast response to selection for flowering time in maize inbreds. *BMC Evolutionary Biology*. 10:2.
- 19- Parisod C., Salmon A., Zerjal T., **Tenaillon M.**, Grandbastien M-A., Ainouche M. (2009). Rapid structural and epigenetic reorganization near transposable elements in hybrid and allopolyploid genomes in *Spartina*. *New Phytologist*. 184(4): 1003-1015.
- 18- Zerjal T., Joets J., Alix K., Grandbastien M-A., **Tenaillon M.I.** (2009). Contrasting evolutionary patterns and target specificities among three Tourist-like MITE families in the maize genome. *Plant Molecular Biology*. 71:99-114.
- 17- Legrand D., **Tenaillon M.I.**, Matyot P., Gerlach J., Lachaise D., Cariou M-L. (2009). Species-wide genetic variation and demographic history of *Drosophila sechellia*, a species lacking population structure. *Genetics*. 182:1197-1206.
- 16- Ross-Ibarra J., **Tenaillon M.**, Gaut B.S. (2009). Historical divergence and gene flow in the genus *Zea*. *Genetics*. 181 :1399-1413.
- 15- Camus-Kulandaivelu L., Chevin L-M., Tollon C., Charcosset A., Manicacci D., **Tenaillon M.I.** (2008). Patterns of variation of the Tb1-D8 region shed light into early maize evolutionary history. *Genetics*. 180:1107-1121. ☒
- 14- **Tenaillon M.I.** and Tiffin P.L. (2008). The quest for adaptive evolution: a theoretical challenge in a maze of data. *Current Opinion in Plant Biology* 11(2):110-115. ☒
- 13- **Tenaillon M.I.**, Austerlitz F. and Tenaillon O. (2008). Apparent mutational hotspots and long distance LD resulting from a bottleneck. *Journal of Evolutionary Biology* 21(2):541-550. ☒
- 12- Thuillet A-C., **Tenaillon M.I.**, Anderson L.K., Mitchell S.E., Kresovich S., Stack S.M., Gaut B.S. and Doebley J (2008). A weak effect of background selection on trinucleotide microsatellites in maize. *Journal of Heredity*. 99(1): 45-55.
- 11- Moeller D.A., **Tenaillon M.I.** and Tiffin P. (2007). Population structure and its effects on patterns of nucleotide polymorphism in the teosinte (*Zea mays* ssp. *parviglumis*). *Genetics* 176(3):1799-1809.
- 10- Masanori Y., **Tenaillon M.I.**, Vroh Bi I., Schroeder S.G., Sanchez-Villeda H., Doebley J.F., Gaut B.S., and McMullen M. (2005). A large-scale screen for artificial selection in maize identifies candidate agronomic loci for domestication and crop improvement. *Plant Cell* 17(11): 2859-2872.
- 9- **Tenaillon M.I.**, U'Ren J., Tenaillon O. and Gaut B.S. (2004). Selection versus demography: a multilocus investigation of the domestication process in maize. *Molecular Biology and Evolution* 21(7): 1214-1225. ☒
- 8- **Tenaillon M. I.**, Sawkins M. C., Anderson L. K., Stack S. M., Doebley J., and Gaut B.S. (2002). Patterns of diversity and recombination along chromosome 1 of maize (*Zea mays* ssp. *mays* L.). *Genetics* 162: 1401-1413.
- 7- Whitt S. R., Wilson L. M., **Tenaillon M.I.**, Gaut B.S., and Buckler E.S.4th. (2002). Genetic diversity and selection in the maize starch pathway. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 99: 12959-12962.
- 6- **Tenaillon M.I.** ☺, Sawkins M.C. ☺, Long A.D., Gaut R.L., Doebley J.F., and Gaut B.S. (2001). Patterns of DNA sequence polymorphism along chromosome 1 of maize (*Zea mays* ssp. *mays* L.) . *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 98: 9161-9166.
- 5- Gaut B.S., **Le Thierry d'Ennequin M.**, Peek A.S., and Sawkins M.C. (2000). Maize as a model for the evolution of plant nuclear genomes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 97: 7008-7015.
- 4- **Le Thierry d'Ennequin M.**, Panaud O., Toupance B., and Sarr A. (2000). Assessment of genetic relationships between *Setaria italica* and its wild progenitor, *S. viridis* using AFLP markers to elucidate the origin of foxtail millet domestication. *Theoretical and Applied Genetics* 100: 1061-1066. ☒
- 3- **Le Thierry d'Ennequin M.** ☺, Toupance B. ☺, Robert T., Godelle B., and Gouyon P.-H. (1999). Plant domestication: a model for studying the evolution of linkage. *Journal of Evolutionary Biology* 12: 1138-1147. ☒
- 2- **Le Thierry d'Ennequin M.**, Panaud O., Brown S., Siljak-Yakovlev S., and Sarr A. (1998). First evaluation of nuclear DNA content by flow cytometry in *Setaria* gene pool. *Journal of Heredity* 89: 556-559. ☒

1- **Le Thierry d'Ennequin M.**, Panaud O., Robert T., and Ricroch A. (1997). Assessment of genetic relationships among sexual and asexual forms of *Allium cepa* using morphological traits and RAPD markers. *Heredity* 78: 403-409. ✉

Auteur de correspondance ✉ et contributions égales ☺

PUBLICATIONS SOUMISES DANS DES REVUES INTERNATIONALES À COMITÉ DE LECTURE

Barrera-Redondo J., Sanchez-de la Vega G., Aguirre-Liguori J.A., Castellanos-Morales G., Gutierrez-Guerrero Y.T., Aguirre-Dugua X., Montes-Hernandez S., Aguirre-Planter E., **Tenaillon M.I.**, Lira-Saade R., Eguiarte L.E. The sequence of a wild *Cucurbita* genome brings new insights into one of the earliest domestication in Mesoamerica.

PUBLICATIONS DANS DES REVUES SANS COMITE DE LECTURE

Tenaillon M.I., Charcosset A. (2019). Les mélanges de variétés ont contribué à l'expansion géographique mondiale d'une espèce cultivée, le maïs. 101 secrets de l'ADN. CNRS Editions.

Tenaillon M.I. (2016). Origine de l'agriculture et amélioration des espèces cultivées végétales. Textes et documents pour la classe, TDC n° 1102 « Boire et manger ».

Manicacci D., Tenaillon M.I., de Vienne D., Damerval C., Charcosset A. (2009). Sur la piste des gènes du maïs moderne. *Plein Sud* (magazine de l'université Paris sud), spécial recherche: 59-63.

Zerjal T., Dillmann C., Charcosset A., Alix-Jenczeski K., Mhiri C., Grandbastien M-A., Tenaillon M.I. (2008). Contribution des éléments transposables à la création de diversité et à l'adaptation du maïs- une étude pilote. Actes du 7^{ème} colloque Ressources Génétiques.

Corbi J., Rousselet A., Le Guilloux M., Prioul J-L., Damerval C., Tenaillon M.I., Manicacci D. (2008). Diversité et évolution d'une famille multigénique impliquée dans la biosynthèse de l'amidon chez les graminées, et cas particulier de la domestication du maïs. Actes du 7^{ème} colloque Ressources Génétiques.

Charcosset A., Camus-Kulandaivelu L., Tenaillon M.I., Gouesnard B., Tollon-Cordet C., Madur D., Combes V., Brunel D., Giancola S., Cornouiller J., Chastanet M., Beigbeder J., Mancacci D. (2006). Caractérisation à grande échelle du polymorphisme de gènes candidats en vue de la valorisation des ressources génétiques allogames – étude prospective chez le maïs. *Les actes du BRG (6)* :145-159.

CHAPITRES D'OUVRAGE

Lorant A., Ross-Ibarra J., Tenaillon M.I. (2020). Genomics of long- and short- term adaptation in maize and teosintes in J. Duthel (ed). *Statistical population genomics. Methods in Molecular Biology*, vol. 2090. Humana, New York, NY. ✉

Muñoz Diez C., Vitte C., Ross-Ibarra J., Gaut B.S., Tenaillon M.I. (2012). Using nextgen sequencing to investigate genome size variation and transposable element content in M-A Grandbastien and J. Casacuberta (eds). *Plant transposons (Topics in current genetics Vol. 24)*, Springer-Verlag, Germany : 41-58. ✉

Tenaillon M.I., Manicacci D. (2011) Maize origins: an old question under the spotlights. In J.L. Prioul, C. Thévenot and T. Molnar (eds). *Advances in Maize (Essential Reviews in Experimental Biology) (Vol.3)*, Society for Experimental Biology, UK: 89-110. ✉

PRESENTATIONS A DES COLLOQUES INTERNATIONAUX (EN TANT QU'AUTEUR PRESENTANT)

N. Martinez-Ainsworth, Fustier M-A., de Meaux J., Dittberner H., Aguirre-Liguori J., Moreau L., Vigouroux Y., Manicacci D., Tenaillon M.I. Linking genomic footprints of selection and phenotypic variation in teosintes. *Plant genomes in a changing environment 2019* (Cambridge, UK). Com. invitée.

N. Martinez-Ainsworth, Fustier M-A., de Meaux J., Dittberner H., Aguirre-Liguori J., Moreau L., Vigouroux Y., Manicacci D., Tenaillon M.I. Linking genomic footprints of selection and phenotypic variation in teosintes. *Harlan International Symposium III, 2019* (Montpellier, France). Com. orale.

M.I. Tenaillon, Sedikki K., Mollion M., Le Guilloux M., Marchadier E., Ressayre A., Dillmann C Transcriptomic response to divergent selection for flowering time reveals convergence and key players of the

- underlying gene regulatory network. Maize Genetics Conference, 2019 (Saint Louis, Missouri, USA). Poster.
- M.I. Tenaillon. Linking genomic footprints of selection and phenotypic variation in teosintes. Rapid evolutionary adaptation International meeting, 2018 (Kiel, Germany). Com. Invitée.
- M.I. Tenaillon. How do the evolutionary forces shape genetic variation of domestic plant genomes? II Joint Congress on Evolutionary Biology, Montpellier 2018 (France). Com. Invitée.
- N. Martinez-Ainsworth, Fustier M-A., Corti H., Rousselet A., Falque M., Venon A., Dumas F., de Meaux J., Dittberner H., Aguirre-Liguori J., Camarena M.G., Montes S., Eguiarte L.E., Vigouroux Y., Manicacci D., Tenaillon M.I. Genomic footprints of past selection at a local scale associate with present phenotypic variation in teosintes. Society for Molecular Biology and Evolution meeting, 2018 (Yokohama, Japan). Com. orale.
- J-T. Brandenburg, Mary-Huard T., Charcosset A., Nicolas S., Tenaillon M.I. Evolutionary genomics of European maize and its American counterparts. Society for Molecular Biology and Evolution meeting, 2017 (Austin, Texas, USA). Com. orale.
- M.I. Tenaillon, Ressayre A., Bourgeois A., Corti H., Le Guilloux M., Marchadier E., Dillmann C. Exploring the many facets of phenotypic changes after 13 years of divergent selection for flowering time in maize. Society for Molecular Biology and Evolution meeting, 2017 (Austin, Texas, USA). Poster.
- J-T. Brandenburg, Mary-Huard T., Rigault G., Hearne S., Corti H., Joets J., Vitte C., Charcosset A., Nicolas S., Tenaillon M.I. Independent introductions and admixtures have contributed to adaptation of European maize and its American counterparts. Maize Genetics Conference 59th, 2017 (Saint Louis, Missouri, USA). Com. orale.
- M.I. Tenaillon, M-A. Fustier, J-T. Brandenburg, J. Lapeyronnie, L.E. Eguiarte, S. Boitard, Y. Vigouroux, D. Manicacci. Local adaptation of teosintes along altitudinal gradients. Conférence Jacques Monod, 2016 (Roscoff, France). Com. invitée.
- M.I. Tenaillon. Local adaptation in teosintes, European Meeting of PhD Students in Evolutionary Biology 22, 2016 (Gotland, Suède). Com. invitée.
- M-A. Fustier, J-T. Brandenburg, J. Lapeyronnie, L.E. Eguiarte, S. Boitard, Y. Vigouroux, D. Manicacci, M.I. Tenaillon. Using whole genome sequencing of pooled samples to detect local adaptation of teosintes along two altitudinal gradients, Society for Molecular Biology and Evolution meeting, 2016 (Gold Coast, Australia). Poster.
- M.I. Tenaillon. An evolutionary perspective on European maize genomics, XXIII Eucarpia Maize and Sorghum Conference, 2015 (Montpellier, France). Com. invitée.
- M.I. Tenaillon. Response to divergent selection for flowering time in maize, from phenotypes to gene network, Workshop Evolution of Plant phenotypes, from genomes to traits, 2015 (Barcelone, Espagne). Com. invitée.
- M.I. Tenaillon. European maize genomics: demography, adaptation and selection, Synbreed Colloquium, 2015 (München, Allemagne). Com. invitée.
- M.I. Tenaillon, E. Durand, M. Mollion, A. Ressayre, C. Dillmann. Characterizing the response to selection of a complex trait: from phenotypes to gene network, Society for Molecular Biology and Evolution meeting, 2014 (Puerto Rico, USA). Com. orale.
- M.I. Tenaillon. Is maize genome flexibility an important contributor of its evolutionary history? International symposium Genome-enabled approaches towards molecular functions in ecology and evolution, 2014 (Bad Neuenahr, Allemagne). Com. invitée.
- M.I. Tenaillon. What drives genome variation in Zea? Genomics and systems biology IV symposium, 2014 (Abu Dhabi, Emirats Arabes Unis). Com. invitée.
- M.I. Tenaillon, E. Durand, X. Raffoux, M. Le Guilloux, C. Charon, A. Ressayre, C. Dillmann. Dissecting the determinants of flowering time variation in maize using an experimental evolution setting. Plant Genome Evolution, 2013 (Amsterdam, Pays-bas). Poster.
- M.I. Tenaillon, M.B. Hufford, J.M. Chia, M. Gore, D. Costich, E.S. Buckler, B.S. Gaut, D. Ware, J. Ross-Ibarra. Investigating genome size variation and transposable element content in Zea by whole genome sequencing. First international symposium on epigenetics and developmental biology, 2012 (Xalapa, Mexico). Com. Invitée.
- M.I. Tenaillon, M.B. Hufford, J-M. Chia, M. Gore, D. Costich, E.S. Buckler, B.S. Gaut, D. Ware, J. Ross-Ibarra. Whole genome sequencing to investigate genome size variation and transposable element content within and among species in Zea. Poster presentation at the International Congress on Transposable Elements, 2012 (St Malo, France). Poster.

- M.I. Tenaillon, E. Durand, A. Ressayre, A. Charcosset, C. Dillmann. Dissecting the determinants of complex traits combining experimental evolution and mapping approaches. Conférence Jacques Monod, 2012 (Roscoff, France). Com. orale.
- M.I. Tenaillon, M.B. Hufford, J-M. Chia, M. Gore, D. Costich, E.S. Buckler, B.S. Gaut, D. Ware, J. Ross-Ibarra. Whole genome sequencing to evaluate the contribution of transposable elements to the evolution of genome size in Zea. Society for Molecular Biology and Evolution meeting, 2011 (Kyoto, Japan). Com. invitée.
- M.I. Tenaillon. Tracking adaptive changes, application for the management of genetic resources. Plant genetic Resources for Food and Agriculture international workshop held by the European Science Advisory Council, 2009 (Rome, Italie). Com. invitée.
- M.I. Tenaillon, J. Corbi, J. Dutheil, C. Damerval and D. Manicacci. Functional divergence and selection acting at different evolutionary timescales on duplicates in the AGPase multigene family. International conference on Plant Molecular Biology, 2009 (St Louis, Missouri, USA). Com. invitée.
- T. Zerjal, Joets J., Alix K., Grandbastien M-A., Tenaillon M.I. Investigation of cytosine methylation associated to MITE and LTR retrotransposon elements in the maize genome. Society for Molecular Biology and Evolution meeting, 2008 (Barcelona, Spain). Poster.
- J. Corbi, Dutheil J., Damerval C., Tenaillon M.I., Manicacci D. The ADP glucose pyrophosphorylase (AGPase) : molecular evolution of a multigenic family in Angiosperms. Society for Molecular Biology and Evolution, 2008 (Barcelona, Spain). Poster.
- M.I. Tenaillon, Charcosset A. and Dillmann C. Six years of divergent selection for flowering time within inbred lines of maize. Society for Molecular Biology and Evolution meeting, 2007 (Halifax, Canada). Com. orale.
- M.I. Tenaillon. Patterns of selection associated with maize domestication. Conférence Jacques Monod, 2007 (Roscoff, France). Com. invitée.
- M.I. Tenaillon, Debieu M., Rousselet A., Le Guilloux M., Damerval C. and Manicacci D. Evolutionary fate of duplicated genes during plant speciation and maize domestication. American Genetics Association Annual Symposium, 2006 (Vancouver, Canada). Poster.
- M. I. Tenaillon. A multilocus investigation of the domestication process in maize. Maize Genetics Conference 47th, 2004 (Mexico city, Mexico). Com. invitée.
- M. I. Tenaillon, U'Ren J., Tenaillon O. and Gaut B. S. Selection versus demography: the impact of the domestication process on diversity and recombination in maize. Society for Molecular Biology and Evolution meeting, 2003 (Newport Beach, California, USA). Com. orale.
- M. I. Tenaillon, Sawkins M. C., Anderson L. K., Doebley J., Stack S. M. and Gaut B. S. Diversity and recombination along chromosome 1 of maize. Maize Genetics Conference 44th, 2002 (Orlando, Florida, USA). Poster.
- M. I. Tenaillon, Sawkins M. C., Anderson L. K., Doebley J., Stack S. M. and Gaut B. S. Patterns of diversity and recombination in maize. Society for Molecular Biology and Evolution meeting, 2001 (Athens, Georgia, USA). Com. orale.
- M. Le Thierry d'Ennequin. Plant Domestication and linkage evolution. Californian Population and Ecological genetics, 1999 (Bodega Bay, Etats-Unis). Com. orale.
- M. Le Thierry d'Ennequin, O. Panaud, T. Robert and Sarr A. AFLP mapping in foxtail millet in the context of comparative mapping of domestication genes in cereals. Plant genome conference VII, 1999 (San Diego, California, USA). Poster.
- M. Le Thierry d'Ennequin, Z. Wang, K. Devos and O. Panaud. Genetic bases of foxtail millet domestication in the context of comparative mapping in cereals. VIIth congress of the ESEB, 1999 (Barcelona, Spain). Poster.
- M. Le Thierry d'Ennequin. Comparative mapping of domestication genes: theoretical and experimental approaches. Conference Jacques Monod: Towards a New Synthesis: the Evolutionary Theory at the Dawn of the Millenium, 1998 (Roscoff, France). Com. orale.
- M. Le Thierry d'Ennequin, O. Panaud and Sarr A. Evolutionary organization within Setaria species complex. Plant evolution in man-made habitats, 1998 (Amsterdam, The Netherlands). Poster.
- M. Le Thierry d'Ennequin, O. Panaud, T. Robert and Sarr A. Foxtail millet domestication: genetic diversity structure as revealed by AFLP markers. Plant genome conference VI, 1998 (San Diego, California, USA). Poster.

- M. Le Thierry d'Ennequin and Toupance B. Plant domestication: a stochastic model for understanding the influence of the reproduction mode, gene flow and drift on gene organization. VIth congress of the ESEB, 1997 (Arnhem, The Netherlands). Com. orale.
- M. Le Thierry d'Ennequin, O. Panaud, S. Siljak-Yakovlev and Sarr A. First evaluation of DNA content by flow cytometry in *Setaria* gene pool. Plant genome conference V, 1997 (San Diego, USA). Poster.

PRÉSENTATIONS À DES COLLOQUES NATIONAUX

- M.I. Tenaillon. Evolutionary inferences in maize. Journée thématique : Inférences évolutives avec des données génomiques (Paris). Com. invitée.
- M.I. Tenaillon. Superheroes and masterminds of plant domestication. Colloque de l'Académie des sciences, Trajectoires de la génétique, 150 ans après Mendel (Paris). Com. invitée.
- M.I. Tenaillon, K. Sedikki, A. Le Rouzic, C. Montchamp-Moreau, C. Dillmann. Méthodes d'analyse d'expression différentielle : hypothèses, modèles, contrôle de la variabilité. Com. orale au colloque Empirisme et Théorie en Ecologie et Evolution 2015 (Gif-sur-Yvette, France).
- M.I. Tenaillon. Three groups of transposable elements with different dynamics and host genome interactions in maize. Com. orale au colloque Epigénétique en Ecologie et Evolution 2013 (Gif-sur-Yvette, France).
- M.I. Tenaillon. Contribution of Transposable Elements to the evolution of genome size in *Zea* and to recent adaptation in maize. Com. orale invitée à EvoSud, 2011 (Gif sur Yvette, France).
- M.I. Tenaillon. Contribution des éléments transposables à la création de diversité et à l'adaptation du maïs- une étude pilote. Com. orale au 7^{ème} colloque Ressources Génétique 2008 (Strasbourg, France).
- M.I. Tenaillon, Chevin L-M., Tollon C., Manicacci D., Charcosset A., Camus-Kulandaivelu L. Molecular evolution of a region involved in domestication and maize adaptation. Com. orale à EvoSud, 2007 (Gif sur Yvette, France).
- M. Le Thierry d'Ennequin. Domestication et évolution de l'organisation des gènes. Com. orale au Colloque du groupe de biologie des populations, 1998 (Lille, France).
- M. Le Thierry d'Ennequin, O. Panaud, F. Lamy, S. Siljak-Yakovlev, A. Sarr. Etude de la structure du complexe des sétaires et de la diversité génétique du millet (*Setaria italica*) et de son ancêtre sauvage (*Setaria viridis*) par des marqueurs AFLP. Poster aux VI^{èmes} journées scientifiques du réseau biotechnologies végétales de l'AUPELF-UREF, 1997 (Orsay, France).
- M. Le Thierry d'Ennequin, O. Panaud, A. Ricroch et A. Sarr. Différenciation de trois formes horticoles d'*Allium cepa* (L.) par les marqueurs RAPD. Poster au Colloque du groupe de biologie des populations, 1995 (Lyon, France).