



GECO GÉNOMIQUE COMPUTATIONNELLE ET EVOLUTIVE

EQUIPE BIOINFORMATIQUE, PHYLOGÉNIE ET GÉNOMIQUE EVOLUTIVE

LERAT Emmanuelle

CHARGÉE DE RECHERCHE

CNRS

📍 43 bd du 11 novembre 1918
69622 VILLEURBANNE cedex (<http://maps.google.com/maps?q=43%20bd%20du%2011%20novembre%201918+69622+%20VILLEURBANNE%20cedex>)

📞 04 72 43 13 44

@ [Courriel](#)

[in](https://www.linkedin.com/in/emmanuelle-lerat-4268a78/) [Linkedin \(https://www.linkedin.com/in/emmanuelle-lerat-4268a78/\)](https://www.linkedin.com/in/emmanuelle-lerat-4268a78/)

Mes recherches concernent l'étude du rôle des éléments transposables (ET) dans l'évolution des génomes eucaryotes en utilisant des approches de génomiques comparatives et de bioinformatiques chez différents organismes. Depuis plusieurs années, j'ai développé une expertise dans l'identification des ET dans les génomes séquencés, l'étude de leurs effets sur les gènes avoisinants, mais aussi dans l'analyse évolutive des séquences d'ET.

Projets

- Détection des copies d'ETs dans des génomes pour analyser leur dynamique et leur évolution. Pour cela, nous avons développé plusieurs programmes :

- › Méthode statistique à l'échelle du génome pour détecter les séquences transférées horizontalement sans *a priori* (

[Modolo et al. 2014](#) ↗

) disponible

[ici](#) ↗

- › Outil pour "parser" le fichier de sortie de RepeatMasker afin d'obtenir des informations détaillées concernant le contenu en ET dans un génome au niveau de la famille (

[Bailly-Bechet et al. 2014](#) ↗

) disponible à

[One-code-to-find-them-all](#) ↗

- › Outil pour effectuer des analyses transcriptomiques d'ET (

[Lerat et al. 2017](#) ↗

) disponible

[ici](#) ↗

- › Outil pour simuler une distribution d'insertions d'ET polymorphes (

[Verneret et al. 2025](#) ↗

) disponible

[ici](#) ↗

- Etude du lien entre insertions d'ET, modifications épigénétiques et expression des gènes dans différentes conditions (par exemple : cellules normales vs tumorales) chez les mammifères et les drosophiles.
- Influence des ET sur l'évolution des gènes dupliqués.
- Participation au développement d'une référence pour l'annotation des ET dans les génomes en collaboration avec plusieurs chercheurs internationaux ([Hoen et al. 2015](#) ↗).

Court CV

- 2005-présent : chercheuse CNRS
- 2010 : Habilitation à diriger des recherches (HDR)
- 2004-2005 : Post-doc au LBBE (financement FRM)
- 2002-2004 : Post-doc à l'Université d'Arizona (Tucson, USA)
- 2001-2002 : ATER à l'Université Lyon 1
- 1998-2001 : Doctorat à l'Université Lyon 1

Membre de sociétés et expertise

> Membre de la "Society for Molecular Biology and Evolution" (

[SMBE](#) 

)

> Membre de la Société Française de Bioinformatique (

[SFBI](#) 

)

> Editrice associée pour "Genome Biology and Evolution" (

[GBE](#) 

) (2008-2023)

> "Recommander" pour

[PCI Genomics](#) 

depuis 2020

> [ResearchGate](#) 

.

Collaborations (présentes et passées)



- > Carène Rizzon and Marie Szafranski (lab. Statistics and Genome, Université d'Evry, France)
- > Anja Bockmann (IBCP - MMSB, Lyon, France)
- > Hani Zakaria Girgis (Department of Electrical Engineering and Computer Science, Texas A&M, University-Kingsville, USA)
- > Jocelyn Turpin et Caroline Leroux (UMR754 - INRAe - Univ. Lyon, France)
- > Sandra Duharcourt (Institut Jacques Monod, Paris, France), Linda Sperling (I2BC, Gif sur Yvette, France), Eric Meyer (IBENS, Paris, France)
- > Anne Mey (CarMeN lab, France) et Jacques Samarut (IGFL, ENS Lyon, France)
- > Eric Peyretaillade, Nicolas Parisot, et Pierre Peyret (EA CIDAM, Université d'Auvergne, France)
- > Marc Bailly-Béchet (Institut Sophia Agrobiotech, Univ. Nice Sophia Antipolis)
- > Marie-Pierre Chapuis (Centre de Biologie et de Gestion des Populations, Montpellier)
- > Franck Picard (Lab. Biologie et Modélisation de la Cellule, ENS, Lyon)
- > Claudia Carareto (UNESP, Brazil)
- > Antoine Perasso (Lab. « Chrono-environnement », Université de Franche-Comté, France)
- > Christophe Guyeux (FEMTO-ST institute, Université de France-Comté, France)
- > Josefa Gonzalez (Institut de Biologie Evolutive (CSIC-Universitat Pompeu Fabra) Barcelone, Espagne)
- > Mohamed Makni (Lab. de Génomique des insectes ravageurs de cultures d'intérêt agronomique, Univ Tunis El Manar, Tunisie)
- > Gabriel da Luz Wallau (Department of Entomology, Aggeu Magalhães Institute (IAM), Recife, Brésil)



- > L3 : A. Mula (2006), E. Ohanyan (2016 ; co-supervision M Bailly-Béchet)
- > M1 : F. Giordano (2006), R. Kahoul (2007), C. Déchaud (2016), C. Bompard (2022; co-encadrement C. Rizzon), A. Benmehdia (2022; co-supervision C. Rizzon), T. Haudicourt (2024; co-supervision C. Mugal), M. Kovacs (2024; co-supervision A. Haudry)
- > M2 : B. Cheaib (2007), H. Mortada (2008), L. Modolo (2011), L. Grégoire (2013 ; co-supervision A. Haudry), E. Saulnier (2013 ; co-supervision C. Rizzon), N. Barges (2015), R. Lannes (2016), C. Déchaud (2017), A. Le (2019), M. Le Guet (2019 ; co-supervision G. da Luz Wallau), G. Pozo (2020; co-supervision C. Rizzon), T. Tesseraud (2021 ; co-supervision C. Rizzon), A. Benmehdia (2023; co-supervision C. Rizzon), S. Charles (2024; co-supervision C. Rizzon, M. Szafranski), S. Ortion (2025; co-supervision C. Rizzon, M. Szafranski)
- > Doctorat : M. Deloger (2006-2009 ; co-direction C. Vieira et MF Sagot), A. Granzotto (2007-2011 ; co-direction C. Vieira et C. Carrareto), H. Mortada (2008-2011 ; co-direction C. Vieira), L. Modolo (2011-2014), S. Sedghiani (2016), M. Verneret (2022-2025 co-direction J. Turpin), S. Charles (2024-2027, co-direction A. Bockmann).