

Curriculum vitae
Enseignement
Recherche

Carmen Palacios

Docteur en Sciences Biologiques

**Compétences en Écologie Evolutive, Génétique Moléculaire, Bioinformatique,
Biostatistique, Microbiologie et Génétique de populations**

January 2008

TABLE DES MATIÈRES

TABLE DES MATIERES.....	2
CURRICULUM VITAE.....	3
ETAT CIVIL.....	3
FORMATION UNIVERSITAIRE ET DIPLOMES	4
MASTER DE BIOLOGIE (LICENCIATURA EN CC. BIOLOGICAS)	4
THESE 1992-1997	4
COURS AVANCES (DIPLOMES OBTENUS INDIQUES. TITRES ORIGINAUX)	5
LANGUES	5
EXPERIENCE PROFESSIONELLE	6
CONTRATS PROFESSIONNELS.....	6
BOURSES DE RECHERCHE PRE-DOCTORAT	7
ACTIVITES DE TERRAIN.....	8
PARTICIPATION A DES PROJETS DE RECHERCHE DE FORMATION ET DEVELOPPEMENT.....	9
PUBLICATIONS ET DOCUMENTS SCIENTIFIQUES	ERROR! BOOKMARK NOT DEFINED.
PUBLICATIONS DANS DES REVUES A COMITE DE LECTURE.....	ERROR! BOOKMARK NOT DEFINED.
PUBLICATIONS SOUMISES, EN PREPARATION	ERROR! BOOKMARK NOT DEFINED.
CHAPITRES DE LIVRE	ERROR! BOOKMARK NOT DEFINED.
LIVRE.....	ERROR! BOOKMARK NOT DEFINED.
PROCEEDINGS.....	ERROR! BOOKMARK NOT DEFINED.
INVITATIONS A UNE COMMUNICATION ORAL.....	14
COMMUNICATIONS AUX CONGRES (SANS PROCEEDINGS).....	14
DOMAINES DE COMPETENCES TECHNIQUES ET INFORMATIQUES ET RELEVANCE DANS MA RECHERCHE	17
SYSTEMES OPÉRATIONNELS:	17
EXPERIENCE DE PROGRAMMATION DANS LES LANGUES	17
EXPERIENCE DANS LES LOGICIELS:	17
<i>Biologie moléculaire et Analyse de données:</i>	17
<i>Bureautique:</i>	17
<i>Création de page Web:</i>	17
<i>Management bases de données:</i>	17
<i>Image et Design:</i>	17
<i>Access Network:</i>	17
TECHNIQUES DE BIOLOGIE MOLECULAIRE:.....	18
INSTRUMENTS DE LABORATOIRE.....	18
DIVERS	18
ACTIVITES EN MATIERE D'ADMINISTRATION ET AUTRES RESPONSABILITES COLLECTIVES	19
ARBITRAGE DANS DES REVUES OU COMITES SCIENTIFIQUES	19
ACTIVITES DE D'ENSEIGNEMENTS ET DE RECHERCHE.....	ERROR! BOOKMARK NOT DEFINED.

Curriculum vitae

ETAT CIVIL

Nom: **PALACIOS DE LA CRUZ**

Prénoms: **MARIA DEL CARMEN**

Lieu de naissance: Madrid, Espagne

Date: 2 Mai 1969

Numéro de Passeport: Y887588

Numéro d'Identification Fiscale: 29165133Y

* **domicile:**

2 Rue Henri Matisse

666200 Montescot

France

(: + 33 (0) 954337469

portable: + 33 (0) 686627825

e-mail: cpalacios@tusti.net

carmen.palacios@obs-banyuls.fr

URLs: <http://www.tusti.net/Carmen/Palacios.html>

<http://www.obs-banyuls.fr/UMR7621/SARST-V6/>

* **professionnelle:**

Université de Perpignan Via Domitia

UMR 5244 CNRS-EPHE-UPVD

Biologie et Ecologie Tropicale et Méditerranéenne

Equipe de Parasitologie Fonctionnelle et Evolutive

Université 52 AV. Paul Alduy

66860 Perpignan Cedex, France

(: + 33 (0) 468662187

Fax: + 33 (0) 468662281

FORMATION UNIVERSITAIRE et DIPLÔMES

Master de Biologie (Licenciatura en CC. Biológicas)

Universitat de València (Espagne) en juin 1992

Prix Extraordinaire de Licence

Thèse 1992-1997

LA GENÉTICA EN LA CONSERVACIÓN DE ESPECIES VEGETALES:

**ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA INTRA E INTERESPECÍFICA EN EL GÉNERO
LIMONIUM (PLUMBAGINACEAE)**

[La Génétique De La Conservation Des Espèces Végétales : Etude de la Variabilité Génétique Intra et Interspécifique dans le Genre *Limonium* (*Plumbaginaceae*)]

Sous la direction de **F. González Candelas**

Soutenue le 22 Décembre 1997 à l'Universitat de València (Espagne)

Note: Apte *cum laude*

Jury: V. Heywood, M. Pérez de la Vega, J. A. Roselló i Picornell, J. Rozas Liras, A. Moya

Prix Extraordinaire de Doctorat

Diplôme Doctorat Européen

Cours pendant les deux premières années de doctorat pour être accrédité à donner des cours d'enseignement universitaire

Programme dans le Département de Génétique "**Genética Molecular y Evolutiva**" (1992-1994):

- Biochimie comparée et Évolution (30 heures)
- Séquençage des acides nucléiques (20 heures)
- Analyse des séquences d'acides nucléiques (30 heures)
- Annotation de l'ADN génomique dans des vecteurs viraux (30 heures)
- Génétique quantitative évolutive (20 heures)
- Analyse de la structure génétique des populations (20 heures)
- Endémisme et spéciation des végétaux (40 heures)
- Séminaires de génétique moléculaire et évolutive (30 heures)
- Biologie moléculaire du développement (30 heures)
- Évolution moléculaire (40 heures)
- Génétique et conservation des espèces (20 heures)
- Amplification enzymatique d'ADN in vitro (PCR) (20 heures)
- Analyse multivariées d'études environnementales (20 heures)

Cours avancés (Diplômes obtenus indiqués. Titres originaux)

- Biodiversidad y su Conservación.** Universidad Internacional Menéndez y Pelayo (Espagne). Novembre 1993. 30 heures avec Diplôme.
- Análisis del Proceso Evolutivo.** Fundación General de la Universidad Complutense de Madrid (Espagne). Août 1994. 30 heures avec Diplôme.
- Cladistic Analysis.** University of Reading (UK). Juillet 1995. 30 heures
- Molecular Tools for Biodiversity.** DGXII EU-Advanced Practical Workshop in Biotechnology at the IACR-Long Ashton (Bristol, UK). Avril 1996. 100 heures avec Diplôme.
- Utilización de Redes y Bases de Datos en Biología Molecular.** Universitat de València (Espagne). Juillet 1996. de Course de Postgraduation.
- Conèixer per a conservar: l'aplicació del coneixement científic en la conservació de la Biodiversitat.** XIV Universitat d'Estiu de Gandía (Espagne); Els usos del coneixement. Juillet- Août 1997. 25 heures avec Diplôme.
- Salir de la Tierra para conocer nuestros orígenes.** Fundación General Universidad Complutense de Madrid (Espagne). 26-30 Août 1999. 30 heures avec Diplôme.
- Workshop in Evolution: From Molecules to Ecosystems.** Institute cavanilles de Biodivesitat e Biologia Evolutiva (Espagne). 3-5 Avril 2000.
- Workshop in Molecular Biology and Evolution.** Workshop Marine Biological Laboratory (USA). 29 Juillet-10 Août 2001. 90 heures avec Diplôme.
- Perl Programming Fundaments.** Woods Hole Oceanographic Institute (USA). Novembre 2001. 36 heures avec Diplôme.
- Biocomputational sessions.** JBPC. Marine Biological Laboratory (USA). Année 2002. 20 heures.
- Microbial diversity.** Marine Biological Laboratory (USA). Conférences seulement. Juin et Juillet 2002-2003.
- Advances in Genome Technologies and Bioinformatics.** Marine Biological Laboratory (USA). Conférences seulement. Octobre et Novembre 2002 et 2003.
- SAGE-camp.** JBPC. Marine Biological Laboratory (USA). September 2003. 4 heures.
- Workshop on Single Cell Analysis of planktonic microbes.** Observatoire Océanographique Banyuls (France). Conférences seulement. Octobre 2005.
- Atelier Phylogeographie Comparée.** Observatoire Océanographique Banyuls. Conférences seulement. Juin 2006.
- Initiation aux bases de données relationnelles.** Observatoire Océanographique Banyuls. Septembre 2006. 24 heures avec Diplôme.
- Mini-Workshop: Carbon fluxes within and between microbial food web components.** Palavas-les-flots. Novembre 2006.

LANGUES

Espagnol:

Langue maternelle

Anglais: lu, parlé et écrit

First certificate exam. University of Cambridge

Niveau Supérieur Centro de Estudios Norteamericano (Espagne)

Niveau Supérieur Limerick Language Centre (Irlande)

Véçu dans des pays anglophones plus de 4 ans

Français: lu, parlé et écrit

Niveau LIINT. Institut Français (Espagne)

Quatrième Niveau. Escuela Berlitz (Espagne)

Résidence en France depuis plus de 3 ans

Catalan: lu, parlé et écrit

Niveau Medium Xunta Cualificadora Coneixements en València

Niveau Supérieur Cursos de Llengua per al Personal Docent Investigador de la Universitat de València (Espagne).

Allemand: lu, parlé et écrit basic

Cours Niveau Basic en Allemande Max Planck Institute (Bremen, Germany).

Véçu en Allemagne 8 mois

EXPERIENCE PROFESSIONNELLE

Contrats professionnels

- Sept 2007-Aout 2008** **ATER Biologie des Populations et écologie**
Université de Perpignan Via Dolomitia
UMR 5244 CNRS-EPHE-UPVD
Biologie et Ecologie Tropicale et Méditerranéenne
En collaboration avec Hélène Moné
-Développement de marqueurs moléculaires pour la caractérisation génétique de populations naturelles de *Schistosoma mansoni*, parasite de l'homme responsable de la bilharziose intestinale
- Juillet 2005-May 2007** **Marie Curie EU Post-doctoral fellow**
Laboratoire d'Océanologie Biologique de Banyuls
CNRS UMR 7621
En collaboration avec Pr. Philippe Lebaron
Projet de recherche:
-Microbial ecological diversity and functions of sunken woods to give clues on their importance for the dispersion of chemosynthetic communities in the ocean basin
- Nov 2004-Juin 2005** **Post-doctoral stipend**
Max Planck Institute for Marine Microbiology
En collaboration avec Pr. Antje Boetius
Projet de recherche: Development of methods to study the microbiology of sunken woods.
- Déc 2001-Aout 2004** **Post-doctoral Scientist**
The Josephine Bay Paul Center for Comparative Molecular Biology and Evolution
Marine Biological Laboratory
En collaboration avec Dr. Mitchell L. Sogin and Dra. Linda Amaral-Zettler
Projets de recherche:
-Development of new technologies for sampling microbial population structure of natural environments
-Study microbial community composition and ecological diversity in the extreme acidic and high metal concentration environment Rio Tinto (Espagne)
-Ecological genomics: exploring gene expression patterns in microbial biofilms of Lagunas de Guerrero Negro in Baja California.
- Fév 2001- Déc 2001** **Post-doctoral Scientist**
The Josephine Bay Paul Center for Comparative Molecular Biology and Evolution
Marine Biological Laboratory
En collaboration avec Dra. Jennifer J. Wernegreen
Projet de recherche: Study the molecular evolutionary consequences of bacterial endosymbiosis and the evolutionary forces that drive the evolution of their genes and genomes.
- Déc 1998-Jan 2000** **FEDER Post-doctoral Fellowship Award**
Centro de Astrobiología (CAB)
Instituto Nacional de Técnica Aeroespacial (INTA) et Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)
En collaboration avec Andres Moya Simarro
Projet de recherche: "Determinación del genoma completo del endosimbionte de los pulgones, *Buchnera* sp." (Complete genome sequencing of the endosymbiont of aphids, *Buchnera* sp.)

- Sep 1998-Nov 1998** **Chercheuse contractuelle pour la Consellería de Medi Ambient**
Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva
Universitat de València
Projet de recherche: “Estudio de la variabilidad genética intra e interpoblacional del endemismo alicantino *Limonium rigualii* MB Crespo & Erben” (Study of the intra- and interpopulation variability of the endemism from Alicante province *Limonium rigualii* MB Crespo & Erben).
- Sep 1997-Sept 1998** **Professeur Associée**
Cours magistraux, TD et TP Techniques d’Analyse Génétique
Departamento de Genética Universitat de València

Bourses de recherche pré-doctorat

Janv-Juin 1997 Bourse de recherche pour continuer mes études de doctorat par la Consellería de Cultura, Educación y Ciencia de València (Espagne)

Centre: Departamento de Genética Universitat de València (Espagne)

Projet de recherche: “Análisis de la estructura genético poblacional mediante marcadores moleculares en *Limonium dufourii*” (Population genetic structure analysis using molecular markers in the species *L. dufourii*).

Oct-Déc 1996 Bourse de recherche à l’étranger par la Consellería de Educación y Ciencia de València (Espagne)

Centre: Plant Genetic Resources Conservation Unit USDA-ARS (United States Department of Agriculture-Agricultural Research Service) Griffin (Georgia, USA)

Projet de recherche: "Nuclear rDNA ITS region sequencing of several species of genus *Limonium*. Intra and interpopulation genetic variability studies in two *Limonium* species using AFLP as markers"

Juin-Sept 1995 Bourse de recherche à l’étranger Bancaixa-Europa (III Ciclo-Doctorado) Obra Social y Cultural de la Caja de Ahorros de València, Castellón y Alicante (Bancaixa)

Centre: Plant Science Department Reading University of Reading (Reino Unido)

Projet de recherche: "Nuclear rDNA ITS sequencing of several species of genus *Limonium*"

Sept 1992-Sept 1996 Bourse de doctorat par la Consellería de Cultura, Educación y Ciencia de València (Espagne)

Projet de recherche: “La genética en la conservación de especies vegetales: Estudio de la variabilidad genética intra e interespecífica en especies del género *Limonium* (*Plumbaginaceae*)” (Genetics and conservation of plant species: A study of the intra and interspecific variability in *Limonium* species).

Sept 1991-Sept 1992 Bourse de recherche pendant mes études de licence par la Consellería de Cultura, Educación y Ciencia de València (Espagne)

Projet de recherche: “Beca de iniciación a la investigación: Aprendizaje de técnicas moleculares para el estudio de variabilidad genética” (Learning to use molecular markers to determine genetic variability”)

Activités de terrain

- 1992-1997** Plusieurs missions d'échantillonnage dans les régions d'Alicante et València pour chacune des populations de plantes à étudier pendant ma thèse (Espagne)
- Sept 1999** Echantillonnage des galles des aphides dans le projet FEDER "Sequencing three genomes of the bacterial endosymbiont of aphids, *Buchnera aphidicola*" a le CAB (Madrid, Spain)
- Oct 2002** Mission de prélèvement d'échantillons de la rivière Tinto (Huelva, Espagne) dans le projet "Environmental Genomes and the Evolution of Complex Systems in Simple Organisms (NCC2-1054)" avec le Marine Biological Laboratory (Woods Hole, USA)
- Sept 2003** Mission de prélèvement d'échantillons de la rivière Tinto (Huelva, Espagne) dans le projet "From Early Biospheric Metabolisms to the Evolution of Complex Systems (NNA04CC04A)" avec le Marine Biological Laboratory (Woods Hole, USA)
- Jan 2004** Mission de prélèvement d'échantillons de la rivière Tinto (Huelva, Espagne) dans le projet "From Early Biospheric Metabolisms to the Evolution of Complex Systems (NNA04CC04A)" avec le Marine Biological Laboratory (Woods Hole, USA)
- Jan 2006** Immersion de bois dans le projet DIWOOD à la station de la Méditerranée SOLA à l'OOB (Banyuls, France) dans le cadre du projet de bourse Marie Curie.
- Juillet 2006** Echantillonnage de bois coulés dans le projet DIWOOD à la station de la Méditerranée SOLA à l'OOB (Banyuls, France) dans le cadre du projet de bourse Marie Curie.

PARTICIPATION A DES PROJETS DE RECHERCHE DE FORMATION ET DÉVELOPPEMENT

Projet: **Evaluación del riesgo genético de extinción en especies vegetales del género *Limonium* (Plumbaginaceae) (Genetic extinction risk evaluation in genus *Limonium*)**

Financé par: Programa Sectorial de Promoción General del Conocimiento, Subprograma de Proyectos de Investigación y Desarrollo Tecnológico de la Generalitat Valenciana (GV-1020/93)

Entités participantes: Universitat de València

Période: 1993-1995

Chercheur principal: Fernando González Candelas

Nombre de chercheurs: 1

Rôle: Etudiant docteur

Projet: **Estudio de la variación genética en especies vegetales del género *Limonium* (Plumbaginaceae): estructura poblacional, sistemática molecular y conservación (Genetic variation study of plant species from genus *Limonium*: population structure, molecular systematics and conservation)**

Financé par: Dirección General de Investigación Científica y Técnica (PB93-0350)

Entités participantes: Universitat de València

Période: 1994-1997

Chercheur principal: Fernando González Candelas

Nombre de chercheurs: 4

Rôle: Etudiant docteur

Projet: **Realización de los planes de recuperación de dos especies amenazadas de flora, *Limonium dufourii* y *Chaenorrhinum tenellum* (Conservation management of two endangered, plant species: *L. dufourii* and *C. tenellum*)**

Financé par: Consellería de Medio Ambiente de la Generalitat Valenciana

Entités participantes: Universitat de València

Période: 1 Juillet 1994 pendent 16 mois

Chercheur principal: Fernando González Candelas

Nombre de chercheurs: 4

Rôle: Etudiant docteur

Projet: **Desarrollo de un mapa genético de cítricos para su utilización en mejora y caracterización de cultivares (Genetic map development of citrics for improvement and characterization of crop species)**

Financé par: Proyectos de Investigación Científica y Despliegue tecnológico de la Generalidad Valenciana

Entités participantes: Universitat de València, IVIA, Universidad Politécnica de València

Période: 1996 -1998

Chercheurs principaux: Fernando González Candelas, M^a José Asins Cebrián y Antonio Granell Richart

Nombre de chercheurs: 6

Rôle: Etudiant docteur

Projet: **Estudio de la variabilidad genética intra e interpoblacional del endemismo alicantino *Limonium rigualii* M.B. Crespo & Erben (Intra- and interpopulation genetic variability study of the endemic species *Limonium rigualii*)**

Financé par: Consellería de Medio Ambiente de la Generalitat Valenciana

Entités participantes: Departamento de Genética de la Universitat de València

Période: Juillet 1998 - Novembre 1998

Chercheur principal: Carmen Palacios de la Cruz

Nombre de chercheurs: 1

Rôle: Chercheur

Projet: **Secuenciación de tres genomas de *Buchnera aphidicola*, endosimbionte bacteriano de los áfidos (Sequencing three genomes of the bacterial endosymbiont of aphids, *Buchnera aphidicola*)**

Financé par: Programa de Proyectos cofinanciados con fondos FEDER 1999-2001

Entités participantes: Instituto Nacional de Técnica Aeroespacial "Esteban Terradas"

Période: 2000-2002

Chercheur principal: Federico Morán

Nombre de chercheurs: 7

Rôle: Post-doctorat

Projet: **Testing molecular evolutionary consequences of endosymbiosis**

Financé par: National Institute of Health

Entités participantes: Josephine Bay Paul Center for Comparative Molecular Biology and Evolution. Marine Biological Laboratory

Période: 2001-2006

Chercheur principal: Jennifer J. Wernegreen

Nombre de chercheurs: 3

Rôle: Post-doctorat

Projet: **Ecological Genomics**

Financé par: NASA Astrobiology Augmentation proposal

Entités participantes: Marine Biological Laboratory and NASA Ames Research Center

Période: 2001-2003

Chercheur principal: Mitchell L. Sogin and David de Marais

Nombre de chercheurs: 12

Rôle: Post-doctorat

Projet: **Environmental Genomes and the Evolution of Complex Systems in Simple Organisms (NCC2-1054)**

Financé par: NASA Astrobiology Institute

Entités participantes: Marine Biological Laboratory and NASA Ames Research Center

Période: 1998-2003

Chercheur principal: Mitchell L. Sogin

Nombre de chercheurs: 14

Rôle: Post-doctorat

Projet: **From Early Biospheric Metabolisms to the Evolution of Complex Systems (NNA04CC04A)**

Financé par: NASA Astrobiology Institute

Entités participantes: Marine Biological Laboratory and NASA Ames Research Center

Période: 2003-2008

Chercheur principal: Mitchell L. Sogin

Nombre de chercheurs: 14

Rôle: Post-doctorat

Projet: **Diversity, Establishment, And Function Of Organisms Associated With Marine Wood Falls (DIWOOD)**

Financé par: CNRS GDRE (Groupement De Recherche Européen)

Entités participantes: University Pierre et Marie Curie, CNRS, Museum National d'Histoire Naturelle, Max Planck Institute for Marine Microbiology in Bremen, University of Liège in Belgium.

Période: 2005-2007

Chercheur principal: Françoise Gaill

Nombre de chercheurs: 17

Rôle: Post-doctorat

Publications dans des revues à comité de lecture

Carmen Palacios et Fernando González-Candelas

Lack of genetic variability in the rare et endangered *Limonium cavanillesii* (*Plumbaginaceae*) using RAPD markers
1997 **Molecular Ecology** 6(7): 671-675

<http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/MolEcol1997-LCavRAPD.pdf>

Carmen Palacios et Fernando González-Candelas

Analysis of population genetic structure et variability using RAPD markers in the endemic et endangered *Limonium dufourii* (*Plumbaginaceae*)

1997 **Molecular Ecology** 6(12):1107-1122

<http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/MolEcol1997-LdufRAPD.pdf>

Carmen Palacios, Stephen Kresovich et Fernando González-Candelas

A population genetic study of the endangered plant species *Limonium dufourii* (*Plumbaginaceae*) based on amplified fragment length polymorphism (AFLP)

1999 **Molecular Ecology** 8(4): 654-657

<http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/LdufouriiAFLP.pdf>

Carmen Palacios et Fernando González-Candelas

AFLP analysis of the critically endangered *Limonium cavanillesii* (*Plumbaginaceae*)

1999 **Journal of Heredity** 90(4): 485-489

Article cite dedans W. S. Klug et M. P. Cummings (eds.) Concepts of Genetics (7th Edition) 27 Chapter: Conservation Genetics.

<http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/LcavanillesiiAFLP.pdf>

Carmen Palacios, Josep A. Rosselló et Fernando González-Candelas

Study of the evolutionary relationships among *Limonium* species (*Plumbaginaceae*) using molecular et cytoplasmic molecular markers.

2000 **Molecular Phylogenetics et Evolution** 14: 232-249

<http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/ITScpDNA.pdf>

María Luisa Palop, **Carmen Palacios** et Fernando González-Candelas

Development et across species transferibility of microsatellites markers in the genus *Limonium* (*Plumbaginaceae*)

2000 **Conservation Genetics** 00: 1-3

http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/Palop_etalConservGenet2000.pdf

Carmen Palacios et Jennifer J. Wernegreen

A strong effect of AT mutational bias on amino acid usage in *Buchnera* is mitigated at high expression genes.

2002 **Molecular Biology et Evolution** 19: 1575-1584

<http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/Palacios&WernegreenMBE2002.pdf>

Sacramento Rodríguez, María Luisa Palop, **Carmen Palacios** et Fernando González-Candelas

Molecular et morphological differentiation in *Limonium dufourii*

2003 **Conservation Genetics** 4: 386-391

http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/Rodriquez_et%20alConsGenet2003.pdf

Roeland CHJ van Ham, Judith Kamerbeek, **Carmen Palacios**, Carolina Rausell, Federico Abascal, Ugo Bastolla, M. Fernandez, Luis Jimenez, Marina Postigo, Francisco J. Silva, Javier Tamames, Enrique Viguera, Amparo Latorre, Alfonso València, Federico Moran et Andrés Moya

Reductive genome evolution in *Buchnera* aphidicola.

2003 **Proc. Natl. Acad. Sci.** U S A 100: 581-586

http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/vanHam_etalPNAS2003.pdf

<http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/vanHamSupplementaldataPNAS.pdf>

Jennifer J. Wernegreen, Patrick H. Degnan, Adam B. Lazarus, **Carmen Palacios** et Seth R. Bordenstein
Genome evolution in an insect cell: distinct features of an ant-bacterial partnership.
2003 **Biological Bulletin** 204: (221-231)
http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/Wernegreen_etal2003BioBull.pdf

David L. Kysela, **Carmen Palacios** et Mitchell L. Sogin
Serial Analysis of V6 ribosomal sequence tags (SARST-V6): A method for efficient, high-throughput analysis of
microbial community composition
2005 **Environmental Microbiology** 7: 356-364
http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/Kysela_etal2005EnvMicro.pdf

Carmen Palacios, Magali Zbinden, Amy R. Baco, Tina Treude, Craig R. Smith, Françoise Gaill, Philippe Lebaron et
Antje Boetius
Microbial ecology of deep-sea sunken woods: achieving quantitative measurements of bacterial biomass et cellulolytic
activities
2006 **Cahiers de Biologie Marine** 47: 415-420
http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/Palacios_etal2006CBM.pdf

Marie Pailleret, Nima Saedlou, **Carmen Palacios**, Magali Zbinden, Philippe Lebaron, Françoise Gaill, Catherine
Privé-Gill
Identification of natural sunken wood samples
2007 **Comptes Rendus Palevol** 6:463-468
http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/Pailleret_etal2007CRPalevol.pdf

Publications soumises, en préparation

Carmen Palacios, Linda Amaral Zettler, Erik Zettler, Ricardo Amils et Mitchell Sogin
The Río Tinto as a model system for studying microbial evolutionary ecology
(soumis)

Linda Amaral Zettler, **Carmen Palacios**, Erik Zettler, Ricardo Amils et Mitchell Sogin
Microbial community dynamics of the 3-Domains of life in an extremely acidic natural environment, the Río Tinto
(Huelva, Spain) (en preparation)

Carmen Palacios, Magali Zbinden, Marie Pailleret, Nima Saedlou, Catherine Privé-Gill, Françoise Gaill et Philippe
Lebaron
High similarity in the microbial community structure of sunken woods at shallow marine waters et deep-sea sites across
the oceans Microbial Ecology (soumis)

Jean François Ghiglione, **Carmen Palacios**, Celine Labrune, Genevieve Mevel, Jean Claude Marty, Pascal Conan,
Mireille Pujó-Pay, et Madeleine Goutx
Biotic and abiotic factors influencing the spatio-temporal changes in bacterial communities assemblage during summer
stratification in NW Mediterranean Sea. Ecology (en preparation)

Carmen Palacios, Craig Smith, Antje Boetius et Philippe Lebaron
Microbial diversity of sunken woods provides insights into ocean chemosynthetic communities dispersion (en
preparation)

Chapitres de livre

Fernando González-Candelas et **Carmen Palacios**
Analyzing molecular data for studies of genetic diversity in plants et animals.
Ayad W.G., Hodgkin T., Jaradat A., Rao V.R. (eds.) 'Molecular genetic techniques for plant genetic resources'
Report of an IPGRI Workshop, 9-11 October 1995, Rome, Italy
1997 Editorial: International Plant Genetic Resources Institute pp. 55-80
<http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/IPGRI1997.pdf>

Carmen Palacios, Bertil Olsson, Philippe Lebaron, Mitchell L. Sogin

New high-throughput biotechnologies for sampling the microbial ecological diversity of the oceans: the informatics challenge.

Vanden Berghe E., Appeltans W., Costello M.J., Pissierssens, P (eds.) 'Ocean Biodiversity Informatics'

29 Nov–1 Dec 2004 International Conference on Marine Biodiversity Data Management, Hamburg, Germany, IOC Workshop Report No. 202.

2007 BSH/ VLIZ Special Publication No. 37 pp. 145-150

http://www.tusti.net/Carmen/MyPapers/Palacios_etal2007OBI.pdf

Livre

Carmen Palacios

La genética en la conservación de especies vegetales: Estudio de la variabilidad genética intra e interespecífica en especies del género *Limonium* (*Plumbaginaceae*) [Genetics and conservation of plant species: Study of intra and interspecific genetic variability in genus *Limonium* (*Plumbaginaceae*)]

1998 Editorial Universitat de València, València (Espagne) ISBN: 84-370-3600-3

Proceedings

Carmen Palacios, D.T. Kysela, M.L. Sogin

Serial Analysis of rRNAs (SARS): A novel molecular strategy for sampling microbial diversity throughout the universe

Proceedings of the Second European Workshop on Exo/Astrobiology Graz, Austria, 16-19 Septiembre 2002

2002 Editorial: ESA SP-518 pp. 481-482

Carmen Palacios, David Kysela, Mitchell L. Sogin

Consolidation of Serial Analysis of Ribosomal RNAs (SARS) as a unique molecular biology method for sampling microbial diversity in natural environments

2002 *Astrobiology* 2:546-547

Carmen Palacios, Linda Amaral-Zettler, Erik Zettler, Felipe Gómez Gómez, Elena González Toril, Ricardo Amils, Mitchell L. Sogin

Evolutionary bacterial ecology of Rio Tinto (Huelva, Espagne), an extremely acidic and high metal laden ecosystem

2004 *International Journal of Astrobiology Supplement* 1:69

Linda Amaral Zettler, Abby Laatsch, Ashita Dhillon, **Carmen Palacios**, Erik Zettler, Felipe Gómez Gómez, Elena González Toril, Ricardo Amils, Mitchell Sogin

Microbial Diversity in Spanish Río Tinto: A Three-Domain Approach

2004 *International Journal of Astrobiology Supplement* 1:61

Jillian Ward, Mitchell L. Sogin, **Carmen Palacios**, Hilary Morrison, John Waterbury

Expression Profiling of the Microbial Mat Organism: *Microcoleus chthonoplastes*

2004 *International Journal of Astrobiology Supplement* 1:77

Linda Amaral Zettler, **Carmen Palacios**, Abby Laatsch, Erik Zettler, Ashita Dhillon, Elena González Toril, Ricardo Amils, Mitchell Sogin

Progress in microbial diversity and population structure studies in the Río Tinto

2005 *Astrobiology* 5(2):246

Carmen Palacios, Linda Amaral Zettler, Erik Zettler, Ricardo Amils, Mitchell Sogin

SARST-V6 reveals interesting aspects of the ecological diversity in the extremely acidic Río Tinto (Spain)

2006 *EOS, Transactions, American Geophysical Union* 87(36)

INVITATIONS A UNE COMMUNICATION ORALE

- 30 Sept 2003** **Case studies of SAGT (Serial Analysis of Gene Tags). A novel molecular method for high-throughput analysis of microbial community composition**
Institut de Génétique et Microbiologie. Université Paris-Sud (France)
(<http://leo.igmors.u-psud.fr/seminaires.htm>)
Contact: Purificacion Lopez-Garcia and Patrick Forterre
- 5 Oct 2003** **How to adequately explore microbial community composition and ecological diversity of natural environments? SAGT is the answer**
Station de Recherche Forestière de Cestas (INRA) Bordeaux (France)
Contact: Remy Petit
- 9 Janv 2004** **Evolutionary bacterial ecology of the extremely acidic and high metal laden Rio Tinto (Huelva, Espagne)**
Instituto Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva. Universitat de València (Espagne)
Contact: Fernando González-Candelas and Andrés Moya
- 28 Mars 2004** **Astrobiología en español. Bacterial ecological diversity of Rio Tinto (Huelva, Espagne), an extremely acidic and high metal laden ecosystem.**
Astrobiology Science Conference at AMES Research Center, USA
Contact: Hector D'Antoni
- 12 Août 2004** **Nuevas tecnologías para el estudio de ecosistemas extremos: SARST-V6 en el Río Tinto español**
Universidad Politécnica et Museo de Antropología et Arte Contemporáneo, Guayaquil, Ecuador
Contacte: Jorge Marcos and Consejo de Investigaciones en Ciencia y Tecnología (CICYT-ESPOL)
- 21 Avril 2005** **Microbiology of sunken woods in deep seas**
Université Paris VI CNRS UMR 7138 Systématique Adaptation et Evolution
Contact: Françoise Gaill
- Mai 2005** **Microbial ecological diversity of the Río Tinto revisited using a new high-throughput technology, SARST-V6**
Max Planck Institute for Marine Microbiology
Contact: Dirk de Beer
- 13 Oct 2005** **Microbial ecological diversity of sunken woods in the deep sea**
Laboratoire d'Océanologie Biologique de Banyuls, CNRS UMR 7621, Banyuls sur mer, France
Contact: François Charles
- 6 Dec 2006** **Case studies to link microbial diversity to environmental physico-chemical parameters**
Reseaux Trophiques Aquatiques (CNRS-GDR 2476). UMR 5119 "Ecosystèmes lagunaires", CNRS-Université Montpellier II
Contact: Behzad Mostajir

COMMUNICATIONS AUX CONGRES (sans proceedings)

- 1.Fernando González-Candelas & Carmen Palacios**
Variación genética y relaciones filogenéticas en especies vegetales del género *Limonium* (*Plumbaginaceae*) (Genetic variation and phylogenetic relationships in the genus *Limonium*)
Oral
X Seminario de Genética de Poblaciones y Evolución
Madrid (Espagne) 25-28 Avril 1995
- 2.Carmen Palacios & Fernando González-Candelas**
Phylogenetic relationships in the genus *Limonium* (*Plumbaginaceae*) inferred from chloroplast DNA restriction analysis
Poster
V Congress of the European Society for Evolutionary Biology (ESEB)
Edimburgo (Scotland) 4-8 Sept 1995

3. **Carmen Palacios** & Fernando González-Candelas
Use of RAPD analysis for detection of genetic variability in the rare and endangered plant species *Limonium cavanillesii* (Plumbaginaceae)
Poster
EU-Advanced Practical Workshop in Biotechnology: Molecular Tools for Biodiversity
Long Ashton (Bristol, England) 18-28 April 1996
4. Fernando González-Candelas & **Carmen Palacios**
Variabilidad y estructura genético-poblacional en *Limonium dufourii* (Plumbaginaceae) (Variability and genetic population structure in *Limonium dufourii*)
Communication Oral
XI Seminario de Genética de Poblaciones y Evolucion
Santiago de Compostela (Espagne) 15-18 April 1997
5. Fernando González-Candelas & **Carmen Palacios**
The population structure of *Limonium dufourii*: a comparative analysis with RAPDs and AFLP
Communication Oral
VI Congress of the European Society for Evolutionary Biology (ESEB)
Arnhem (Holland) 24-28 Aout 1997
6. Maria Luisa Palop, **Carmen Palacios** and Fernando González-Candelas
Development of microsatellite primers and across-species transferability in the genus *Limonium* (Plumbaginaceae)
Poster
VI Congress of the European Society for Evolutionary Biology (ESEB)
Arnhem (Holland) 24-28th August 1997
7. **Carmen Palacios**, Maria Luisa Palop and Fernando González-Candelas
Genética de poblaciones y conservación de endemismos vegetales: el género *Limonium* (Plumbaginaceae) (Population genetics and conservation of plant endemisms: the genus *Limonium*)
Poster
I Congreso de la Sociedad Española de Genética (SEG)
València (Espagne) 11-13 Sept 1997
8. Roeland Van Ham, **Carmen Palacios**, Carolina Rausell and twelve authors more
The search for minimal genetic complements of life: Comparative genome sequencing of *Buchnera Aphidicola*, endosymbiont of aphids
Poster
Workshop Glaxo-Wellcome-Red Nacional de Bioinformática
Madrid (Espagne) Mar 1999
9. Sacramento Rodríguez, **Carmen Palacios**, Maria Luisa Palop and Fernando González-Candelas
Molecular and morphometric differentiation in *Limonium dufourii* (Plumbaginaceae), an endangered Mediterranean plant
Communication Oral
VII Congress of the European Society for Evolutionary Biology (ESEB)
Barcelona (Espagne) 23-29 Aout 1999
10. Maria Luisa Palop, **Carmen Palacios** and Fernando González-Candelas
Identification and application of polymorphic microsatellite loci in the genus *Limonium* (Plumbaginaceae)
Poster
VII Congress of the European Society for Evolutionary Biology (ESEB)
Barcelona (Espagne) 23-29 Aout 1999
11. Roeland Van Ham, **Carmen Palacios**, Carolina Rausell, and 8 authors more
The search for minimal genetic complements of life: Comparative genome sequencing of *Buchnera aphidicola*, endosymbiont of aphids
Poster
I Minisymposium Centro de Astrobiología.
Torrejón de Ardoz (Madrid, Espagne) 28-29 Oct 1999
12. Roeland Van Ham, **Carmen Palacios**, Carolina Rausell, and 8 authors more
The search for minimal genetic complements of life: Comparative genome sequencing of *Buchnera aphidicola*, endosymbiont of aphids
Communication Oral
First Astrobiology Science Conference
Torrejón de Ardoz (Madrid, Espagne) 3-5 April 2000

- 13. Carmen Palacios** and Jennifer J. Wernegreen
 Comparison of amino acid usage patterns indicates that different selective pressures drive genome evolution in *Buchnera* sp. and *E. coli*.
 Communication Oral
 New England Molecular Evolutionary Biologists
 Northampton (MA, USA) 4 Nov 2001
- 14. Jennifer J. Wernegreen, Patrick H. Degnan, Adam B. Lazarus, Carmen Palacios**
 Effects of genetic drift and mutational bias on the evolution of endosymbiont genomes
 Invited
 Communication Oral
 Gordon Research Conference in Molecular Evolution
 Ventura (CA, USA) 13-18 Jan 2002
- 15. Jennifer J. Wernegreen, Patrick H. Degnan, Adam B. Lazarus, Carmen Palacios**
 Evolution of ant and aphid symbionts: Effects of drift and mutational bias on the evolution of endosymbiont genomes
 Invited
 Communication Oral
 Wesleyan University, Biology Department seminar
 Middletown (CN, USA) 28 Febvier 2002
- 16. Jennifer J. Wernegreen, Patrick H. Degnan, Adam B. Lazarus, Carmen Palacios**
 Evolution of ant and aphid endosymbionts: Insights from phylogenetics and genomics
 Communication Oral
 Boston University, Biology Department seminar
 Boston (MA, USA) 22 Avril 2002
- 17. Jennifer J. Wernegreen, Patrick H. Degnan, Adam B. Lazarus, Carmen Palacios**
 Evolutionary consequences of endosymbiosis: Genome reduction and degradation in a bacterial mutualist of ants
 Communication Oral
 Outcomes in Genome-Genome Interactions
 Woods Hole (MA, USA) 1-2 Mai 2002
- 18. Carmen Palacios, Magali Zbinden, Amy R. Baco, Tina Treude, Craig R. Smith, Françoise Gaill, Philippe Lebaron and Antje Boetius**
 Poster
 Microbial ecology of sunken wood in deep marine waters
 Third International Symposium on Hydrothermal Vent and Seep Biology
 La Joya (CA, US) 12-16 Setembre 2005
- 19. Carmen Palacios, Linda Amaral-Zettler, Erik Zettler, Ricardo Amils, Mitchell L. Sogin**
 When fingerprinting joins sequencing comprehensive microbial ecology studies become possible: The Río Tinto model revisited through the new SARST-V6 ribotyping method
 Communication oral
 EGU General Assembly 2007
 Vienne (Austria) 15-20 Avril 2007
- 20. Carmen Palacios, Magali Zbinden, Françoise Gaill, Philippe Lebaron**
 Microbial diversity of sunken woods provides insights into ocean chemosynthetic communities dispersion
 Poster
 EGU General Assembly 2007
 Vienne (Austria) 15-20 Avril 2007
- 21. Marie Pailleret, Nima Saedlou, Carmen Palacios, Magali Zbinden, Philippe Lebaron, Françoise Gaill, Catherine Privé-Gill**
 Taxonomic identification of natural sunken wood samples
 Poster
 Collège de France
 Paris (France) 23-25 Mai 2007
- 22. Erik Zettler, Ricardo Amils, Susanna Theroux, Carmen Palacios, Mitchell Sogin, Linda Amaral-Zettler**
 Protistan distribution in relation to spatial variations of extreme geochemical parameters in the rio tinto, spain
 Poster
International Society of Protistologists/Phycological Society of America
 Providence (Rhode Island, USA) 5-9 Auôt 2007

DOMAINES DE COMPETENCES TECHNIQUES ET INFORMATIQUES ET RELEVANCE DANS MA RECHERCHE

J'indique ci-dessus l'importance dans ma recherche de chacune de mes compétences dans les différents domaines.

Systemes d'exploitation:

MS-DOS, Open VMS	Avant mon contrat post-doctoral Etats-Unis
Solaris, UNIX, LINUX	Pendant toute ma recherche
Mac OS 9.0 et OS X	À partir de mon contrat post-doctoral Etats-Unis
Windows Millenium et XP	Utilisation sporadique après mon post-doctorat Etats-Unis mais indispensable pour CANOCO et PRIMER

Expérience de programmation dans les langues

Cobol	Apprentissage 1985
Basic	Apprentissage 1986
HTML	Pour l'élaboration de pages internet, voir Activités matière administration...
Unix Shell	Utilisation indispensable pendant toute ma recherche
Perl	Utilisation devenue indispensable à partir de mon deuxième post-doctorat Etats-Unis; enseignement effectué sur ce langage
PHP	Apprentissage 2007; utilisation pour base des données SARST-V6 Río Tinto

Expérience dans les logiciels:

L'utilisation de tous ces logiciels a été indispensable pendant toute ma recherche.

Biologie moléculaire et Analyse de données:

Quelques logiciels ont plus d'utilité pour la création de mes propres scripts Perl et cette condition est indiquée ci-dessous:

Analyses de Séquences: GCG, Sequencher
PHRED, PHRAP avec scripts Perl propres
Alignement de Séquences: ARB, ClustalW et ClustalX
Analyses Génotypique: GeneScan, Genotyper
Analyses Phylogénétique: Mega, PHYLIP, PAUP, McClade, Model Test, MrBayes
Recherche de Base de données: BLAST, SEARS, Pfam et HMMER, tous avec scripts Perl propres
Analyses statistiques: NTSYS, SPSS, JMP SAS, PRIMER, CANOCO

Bureautique:

Word, Excel, PowerPoint...

Création de page Web:

Macromedia dreamweaver

Management bases de données:

EndNote, File manager

Image et Design:

Adobe Photoshop, Nikon Capture, Adobe Illustrator

Access Network:

WWW browsers: Internet Explorer, Netscape
Protocoles de Transfert/Connections: fetch, ftp, scp / Telnet, ssh
Communications: E-mail, NetMeeting, Webex

Techniques de Biologie Moléculaire:

Digestion avec enzymes de restriction et cartographie	Doctorat et premier contrat post-doctoral; enseignement
Amplification d'ADN par PCR	Pendant toute ma recherche
Extractions d'ADN génomique, viral et plasmidique	Pendant toute ma recherche et enseignement
Extractions d'ADN de large poids moléculaire	Premier contrat post-doctoral
Construction de Génothèques avec BAC, phage et plasmide	Pendant toute ma recherche et enseignement
Techniques microbiologiques pour bactéries et phages	Pendant toute ma recherche
Techniques d'Hybridation avec méthodes non radioactives	Doctorat
Méthodes fingerprinting: CE-SSCP	Dernier contrat post-doctoral
RFLP, RAPD, AFLP, marqueurs génétiques microsatellites	Doctorat et contrat de recherche et enseignement
Séquençage d'ADN manuel avec marquage radioactif	Stage doctoral Angleterre
Séquençage d'ADN automatique avec marquage fluorescent	Tous mes stages post-doctoraux
travail sur ARN	Stages post-doctoraux Etats-Unis
Mesures d'activités métaboliques	Stage post-doctoral en Allemagne
Sonication et Comptage de bactéries	Stage post-doctoral en Allemagne
Fluorescence In Situ Hybridization (FISH) et CARD-FISH	Stages post-doctoraux sur les bois coulés

Instruments de laboratoire

Applied Biosystems 3730, 3700, 373 et 377 séquençage de ADN automatique	Pendant toute ma recherche
Beckman CEQ séquençage de ADN capillaire	Stages post-doctoraux Etats-Unis
Production robotique TECAN Miniprep 75	Stages post-doctoraux Etats-Unis
Ultracentrifugeuses et Microcentrifugeuses	Pendant toute ma recherche et enseignement
PCR thermocyclers et robocyclers	Pendant toute ma recherche
Electrophoresis conventionnel	Pendant toute ma recherche
Pulse Field Gel Electrophoresis	Premier contrat post-doctoral
Four d'Hybridation	Doctorat
Spectrophotométrie et Spectrofluorimétrie	Pendant toute ma recherche
Loupe et microscopes	Pendant toute ma recherche et enseignement
Cryotomie	Stage post-doctoral en Allemagne
Microscopie a Epifluorescence	Tous mes stages post-doctoraux
Chambre Anaérobique	Stage post-doctoral en Allemagne

DIVERS

Brevet de Secourisme. Heartsaver AED of the American Heart Association. 2004 Woods Hole (MA, USA)

-Réanimation cardio-pulmonaire chez l'adulte, l'enfant et le nourrisson

-Formation à l'utilisation du défibrillateur automatique chez l'adulte et l'enfant

Pratique de la plongée sous-marine (CMAS 1 star) 2006 Banyuls sur mer (France)

ACTIVITÉS EN MATIÈRE D'ADMINISTRATION ET AUTRES RESPONSABILITÉS COLLECTIVES

Referee dans des revues ou comités scientifiques

Évaluation d'une bourse post-doctorale pour le Natural Environmental Research Council in 2002
Molecular Phylogenetics & Evolution
Genome Biology
Marine Ecology
Aquatic Ecology

Élaboration des sites internet:

Research on the Río Tinto at the Josephine Bay Paul Center for Molecular Biology and Evolution (MBL, Woods Hole, USA)
<http://jbpc.mbl.edu/astrobio-temp/riotinto/>
SARST-V6 at the Laboratoire de Oceanologie Biologique (Banyuls sur mer, France)
<http://www.obs-banyuls.fr/UMR7621/SARST-V6/>

Interview pour le journal de presse El Mundo

Article paru 27 Sept 2003
"La NASA ensaya la búsqueda de vida "marciana" en las aguas del río Tinto"

Membre du comité organisateur pour le I^{er} Congrès de la Société espagnole de Génétique

11-13 Septembre 1998
Dans le cadre "fellow" Formation de Personnel Investigateur

Vulgarisation scientifique dans plusieurs écoles primaires

Griffin (Georgia, USA) Sept-Nov 1996

Membre de la Commission Universitaire d'Environnement

1993-1997
Facultat de Biologia Universitat de València

Membre de la Commission de Recrutement Dep. Bioquímica i Biología Molecular

1995
Universitat de València

Membre de la Société Espagnole de Biologie

1992-1997

Responsable du laboratoire au Departamento de Genética Universitat de València

1995-1996

Résumé des travaux effectués

Ma recherche a été toujours centrée sur l'écologie évolutive d'organismes modèles qui font l'objet de mon étude. J'ai combiné mes connaissances en génétique moléculaire, biologie évolutive et des populations, écologie, bioinformatique et statistique pour tenter d'expliquer les schémas de biodiversité observés dans des populations naturelles de ces organismes en considérant à la fois les influences historiques (évolution) et contemporaines (écologie).

Ma thèse a concerné l'étude d'un genre de plantes cosmopolites qui possèdent des caractéristiques génétiques et évolutives très complexes. Ces caractéristiques ont rendu difficile la classification phylogénétique de ces espèces basée uniquement sur leurs caractères morphologiques. Pendant ma thèse et après mon contrat en tant que Professeur Associé, nous avons développé pour la première fois plusieurs marqueurs génétiques moléculaires du genre *Limonium*. Ces marqueurs nous ont aidé à mieux comprendre l'évolution de la section *Limonium*, la plus grande dans ce genre. À l'aide de ces marqueurs moléculaires et des méthodes statistiques les plus appropriées pour répondre à nos objectifs de recherche, nous avons pu approfondir la caractérisation de plusieurs populations de deux espèces de *Limonium* menacées de disparition, *L. doufourii* et *L. cavanillesii*. Ces études nous ont permis de déterminer les processus responsables de la variabilité observée pour arriver à établir des mesures plus informatives pour la gestion de la conservation de ces espèces.

J'ai effectué au total six stages post-doctoraux que j'ai divisés en quatre parties correspondant aux différents modèles biologiques et/ou environnementaux utilisés. Cependant, cette division n'est pas liée aux différents modèles, mais coïncide plutôt avec les différents objectifs fixés à chaque étape de ma formation de chercheur. Mes différents stages post-doctoraux m'ont permis d'approfondir mes connaissances en écologie évolutive dans une optique de pluridisciplinarité. Ces connaissances ont été acquises à travers l'étude de différents écosystèmes marins et terrestres, et de plusieurs modèles biologiques. J'ai d'abord étudié le génome de *Buchnera*, symbionte du puceron, puis j'ai souhaité étudier l'évolution de ce système hôte-symbionte pour approfondir les conséquences évolutives de la symbiose sur les populations naturelles de ces bactéries. Ensuite, j'ai travaillé sur des écosystèmes extrêmes d'un point de vue chimique, comme le Rivièrè Tinto (Espagne) ou les bois coulés en milieu marin. Ces systèmes sont idéaux pour atteindre le principal objectif de ma recherche: étudier les schémas de biodiversité des microorganismes, composants majoritaires de ces écosystèmes, pour trouver les processus écologiques et évolutifs derrière ces schémas et ainsi aider à mieux comprendre la biogéographie et la dynamique de ces populations. Actuellement j'étudie les populations naturelles de parasites du genre *Schistosoma*, responsables de maladies majeures affectant l'homme, les schistosomiasés. J'essaie de comprendre l'origine de la résurgence de la maladie à travers l'étude de la biodiversité des populations naturelles de *Schistosoma mansoni* en prenant en compte en particulier les hôtes qui peuvent être les réservoirs de la maladie à l'aide des marqueurs moléculaires et des caractéristiques de trait de vie.

J'ai effectué la plupart de mes activités de recherche post-doctorales en anglais. Aussi, j'ai préféré rédiger la section correspondant à mes travaux de recherche en anglais. Notez que les articles publiés, soumis ou en préparation, issus de ces différents travaux de recherche sont indiqués après l'intitulé de chaque travail. Ils sont référencés dans le document "Liste complète des publications" et accessibles en document pdf à l'adresse "<http://www.tusti.net/Carmen/research.htm>".

Thèse et contrat d'enseignement comment Professeur Associé (Ph.D and Associate Professor contract)

During my PhD (1992-1997), I applied population genetics and evolutionary biology concepts to the conservation of endangered plant species of the cosmopolitan genus *Limonium* (sea lavender) using different molecular markers. Resolving the phylogenetic relationships among the species of the complex section *Limonium*, which is mostly comprised of polyploid and asexual species, was the second axis of my thesis project. Two students of my supervisor carried out analyses using microsatellites and quantitative characters in a second phase of my thesis project and during my contract as Associate Professor. I supervised these students in their fieldwork, trained them in molecular biology and helped to set up the new molecular methodologies in our lab.

My training included several courses and workshops that broad my knowledge in Genetics and Evolutionary Ecology. A post-graduate course in the use of databases and networks for molecular biology and the use of Linux and related operating systems and shells for some of my analysis have proven a great benefit for implementing high-throughput methods for studying biodiversity later on my research career.

Comparative phylogenetic analysis of the genus Limonium (Plumbaginaceae) using RFLP cpDNA and ITS sequencing.
Palacios *et al.* Molecular Phylogenetics and Evolution 14, 232-249 (2000)

The genus *Limonium* presents all the main mechanisms of rapid speciation known in plants, i.e. geographic and reproductive population isolation due to the patchy distribution of species, as well as, the high frequency of hybridization and polyploidy, and the possibility of reproduction through apomixis. The special features of the genus and the close morphology relationships exhibited by its species interfere enormously in its taxonomic study specially when using morphological characters. On theoretical grounds, molecular analysis could overcome this drawback and offer robust hypothesis on the evolution of *Limonium* species. Clarification of a species taxonomic status is the first step to undertake any conservation study. Due to the reticular evolution of the genus, both organular and nuclear molecular markers were used for this purpose. First, we analyzed RFLP in the cpDNA using a genomic library that I previously developed for *Limonium narbonense*. Second, I performed sequence analysis of the nuclear ribosomal DNA cistron, which includes the ITS1, the ITS2, and the 5.8 rRNA subunit. Most of the *Limonium* species studied belong to section *Limonium*, which is the section of the genus with the largest number of species and the one in which most Mediterranean endemic species are classified. Our conclusions from this study can only be discussed based on the unique, non-phylogenetic classification of the genus. We used distance, maximum-likelihood and parsimony analyses to determine the phylogenetic affiliations of the different species. All the phylogenies derived from both, the nuclear and the chloroplast genomes are in disagreement with previous classifications based on morphological characteristics. For instance, two species, *L. narbonense* and *L. vulgare*, classified within section *Limonium* show levels of divergence similar to species from other sections in which the genus is subdivided. The rest of the species are monophyletic. The low levels of divergence among them using both markers is consistent with a recent origin for this group in congruence with the high speciation rates expected for this genus. Nevertheless the endangered populations we were interested in (see below) rendered a clear species status appearing differentiated from other taxa as expected.

Population genetics studies in the endangered species Limonium dufourii and Limonium cavanillesii

Palacios *et al.* Molecular Ecology 6(7): 671-675 (1997)

Palacios *et al.* Molecular Ecology 6(12): 1107-1122 (1997)

Palacios *et al.* Journal of Heredity 90(4): 485-489 (1999)

Palacios *et al.* Molecular Ecology 8(4): 654-657 (1999)

Palop *et al.* Conservation Genetics 0: 1-3 (2000)

Rodriguez *et al.* Conservation Genetics 4: 386-391 (2003)

The fragility of natural ecosystems where *Limonium* species inhabit has lead to the nearly extinction of several endemic species, especially those situated in the Mediterranean basin where tourism and agriculture activities have damaged these habitats enormously. Two of the most endangered species of the genus are *L. dufourii* and *L. cavanillesii*. We analyzed their intraspecific variability and population genetic structure using two DNA fingerprinting PCR based markers: AFLP and RAPDs.

Limonium cavanillesii is an extremely endangered species from which only one natural population remains on our Mediterranean coasts. It is triploid and apomictic. The analysis of genetic variation using RAPDs revealed no polymorphic markers. As an additional effort to find variability we used AFLP technique. Only 11, very closely related, phenotypes were found. The low variability levels in this species confirm that the population has suffered from a recent and severe bottleneck. However, its distribution of pairwise differences was typical of a population in equilibrium in the past. Future management measures taken on the species should consider the variability encountered, for instance for the

establishment of new self-sustained natural populations and in reintroduction experiments.

Limonium dufourii is also triploid and apomictic. The remaining six populations from this species are distributed along the València and Castellón provinces. Most of these populations are at the verge of extinction. To establish the relationships among the different AFLP and RAPD patterns, multivariate statistical analyses and minimum spanning networks were employed. All of them demonstrated that these relationships are not coincident with the actual population subdivision. To explain this result, the analysis of nucleon diversity allowed us to infer the historical demographic pattern of each population and to establish a hypothesis on the evolution of the species. Patterns of population genetic structure determined from AMOVA and HOMOVA analyses were extremely useful for the establishment of ex situ and in situ conservation management measures on each population.

A study of several quantitative traits in *L. dufourii* lead us to determine that the two markedly different genetic haplotypes defined by RAPD and AFLP markers above were significantly correlated with morphometric variation. The study of quantitative genetic traits is of great importance in conservation as it can be directly related to the fitness and survival of the population. Consequently, more informed decisions on the management of this species could be adopted.

DNA fingerprinting techniques provide us with genetic markers that have a *dominant* nature. The drawbacks in the analysis treatment of this kind of markers lead us to develop microsatellites in the genus *Limonium* as an alternative *codominant* molecular marker. We have demonstrated the validity of these microsatellite markers already developed across *Limonium* species and their use as heterologous SSRs. Comparison of results from both types of markers will help to determine if the conclusions extracted from DNA fingerprinting methods are biased due to their dominant nature. In any case, further molecular studies would help to established more informed measures for biodiversity conservation of these endemisms.

Stages post-doctoraux (Postdoctoral training)

During the first two postdoctoral research contracts I acquired knowledge in the coevolution of organisms associations (host-symbionts), comparative genome evolution, as well as, patterns and processes in protein evolution. Through these studies I became aware of the importance of informatics to analyze the enormous amount of information that new molecular technologies can now provide us with. Consequently, during my postdoctoral contract at the Josephine Bay Paul Center for Comparative Molecular Biology and Evolution (JBPC) of the Marine Biological Laboratory (MBL, Woods Hole, MA, USA), I learned to program in Perl and participated at the Workshop in Molecular Biology and Evolution as well as other relevant biocomputational analysis sessions on both, DNA and protein expression results. Improving my skills in bioinformatics along with deepening my knowledge in the analysis of nucleic acids and protein sequences was greatly facilitated through the excellent bioinformatics platform at the JBPC. I further developed experience in high-throughput sequencing analysis through the Tinto River NASA Astrobiology project, an ecosystem model I have been working on since then. The integration of my evolutionary ecological knowledge to an in-depth study of bacterial community composition in parallel with environmental variables from the Tinto River has demonstrated a tremendous potential for understanding the evolutionary processes behind the patterns of biodiversity encountered in this natural populations. During my postdoctoral positions at the Max Planck Institute of Marine Biology in Bremen (Germany) and at the Observatoire Océanologique de Banyuls I continue studying microbial populations diversity and functions at another extreme environment, sunken woods in marine waters. During this postdoctoral research I gained experience in methods to fingerprint microbial communities, and improved my skills on 16S rRNA gene (rDNA) high-throughput sequencing analysis and phylogenetics and on linking biodiversity to ecosystem functioning through multivariate analysis methods. Finally, my research at the UMR 5244 CNRS-University of Perpignan Via Dolomitia-EPHE (UPVD) aims at the study of the causes of schistosomiasis sickness re-emergence where it was eradicated. Schistosomiasis is caused by the parasite *Schistosoma mansoni*. We are studying the biodiversity of natural populations of this species from different hosts populations to unravel the factors underneath the population genetic structures observed, which are key to understanding from which hosts populations the sickness is reemerging. Through this research I want to broad my knowledge in population genetics and ecological analysis combining molecular and history trait markers.

Patterns and processes of genome evolution in Buchnera aphidicola, the obligate endosymbiont of aphids

Van Ham R. *et al.* PNAS 100(2): 581-586 (2003)

Palacios *et al.* Mol. Biol. Evol. 19(9): 1575-1584 (2002)

From 1998 to 2000, I joined the just created Centro de Astrobiología (CAB, INTA-CSIC, Madrid, Spain) to sequence the genome of the endosymbiont of aphids, *Buchnera* sp. The aim of this project was to gain insights on the minimal organization necessary for life. We sequenced the genome of the intracellular symbiont *Buchnera aphidicola* from the aphid *Baizongia pistacea*. This strain diverged 80–150 million years ago from the common ancestor of two previously sequenced *Buchnera* strains. As a consequence of using a field-collected, nonclonal sample of insects as source material our genome assembly unveiled 1,200 polymorphic sites demonstrating intrapopulation variation in this species. Comparison of this genome with two other *Buchnera* genomes revealed nearly perfect gene-order conservation, indicating that the onset of genomic stasis coincided closely with establishment of the symbiosis with aphids 200 million years ago. Extensive genome reduction predates the coevolution of *Buchnera* and its host. However, although at a slower rate, gene loss continues among the extant *Buchnera* lineages indicating degeneration rather than adaptation patterns of genome evolution. Nevertheless, through the comparative analysis of genome-wide patterns of amino-acid usage of this obligate endosymbiont with the close free-living relative *Escherichia coli*, we were able to detect that selection differentially affects amino acid content of proteins with different expression and hydrophathy levels. Thus, I brought my knowledge in evolutionary ecology and my expertise in multivariate statistical methods to better understand the evolution of the genome of the *Buchnera* species already sequenced when I joined the JBPC in my first postdoctoral position at the USA.

Development and application of a new method for high-throughput analysis of microbial community composition, Serial Analysis of V6 Ribosomal Sequence Tags (SARST-V6)

Selected publications:

Kysela *et al.* Environmental Microbiology 7: 356-364 (2005)

Ward *et al.* International Journal of Astrobiology Supplement 1:77 (2004)

Palacios *et al.* BSH/ VLIZ Special Publication No. 37 pp. 145-150 (2007)

Palacios *et al.* (submitted)

Amaral-Zettler *et al.* (in preparation)

In a second phase of my postdoctoral research at MBL my main initial project was to explore new technologies for unraveling the microbial population structure of natural environments. Our efforts resulted in a novel DNA sequence-based technique named Serial Analysis of Ribosomal Sequence Tags (SARST-V6). The method exploits the same principle of SAGE (Serial Analysis of Gene Expression) but through the concatemerization of the small (50-150bp), yet phylogenetically informative, V6, hypervariable region of the rRNA gene. The application of this technology to sediments of the Guaymas basin hydrothermal vents revealed a microbial community composition that resemble results from full-length sequences except for some differences that could be attributed to primer bias. Our results lead us to conclude that SARST-V6 allows for efficient and exhaustive sampling of the biodiversity of natural microbial communities. From 2003 until date, I have been studying the ecological evolution of the extreme Tinto River (Figure 1). An in depth analysis of bacterial community composition of this ecological model using SARST-V6 in concomitance with appropriate ecological sampling, physico-chemical parameters measurements and multivariate statistical analysis tools has revealed new patterns of bacterial population structure previously hidden to microbiologists probably due to technical limitations. These patterns allow us to infer the importance of evolutionary processes like mutation and dispersion in microbial community dynamics and biogeography, which conform to the hypothesis of global distribution of ecotypes.

Until now, molecular surveys of the Tinto River have been restricted to domain-level investigations of prokaryotes or eukaryotes but combined studies have not been undertaken. We are using SARST-V6 in combination with traditional full-length rRNA gene sequencing of novel taxa to explore the river's diversity at the three-domain level of life. Through the study of temporal and spatial changes in microbial community diversity along with information on physical and chemical data we are acquiring further knowledge on how geochemical forces shape community structure in this ecosystem model.



Figure 1. The Tinto is a 92 km long river that runs along the Iberic Pyritic Belt in southwestern Spain. It has a pH range of 1.7-2.5, high concentrations of heavy metals, and an iron content of up to 20g/L.

Microbial ecological diversity and functions of sunken woods in marine environments

Palacios *et al.* Cahiers de Biologie Marine 47: 415-420 (2006)

Pailleret *et al.* C.R. Palevol 6:463-468 (2007)

Palacios *et al.* (submitted)

Palacios *et al.* (in preparation)

Gigliione *et al.* (in preparation)

In the marine environment, large organic falls like wood, kelp and whale falls are very interesting habitats from an evolutionary point of view. Degradation occurs by specific microbes and animal communities adapted to the use of this high carbon content materials as substrates. The phylogenetic similarity between metazoans inhabiting sunken woods and whale bones with those of other highly reduced environments like hydrothermal vents and cold seeps suggests that these environments could act as stepping-stones for the adaptation, evolution and dispersion of marine chemosynthetic communities. However, there are no studies that explore the free-living microbial component of sunken wood ecosystems. Furthermore, the occurrence of anaerobic microbial communities thriving on wood falls remains to be demonstrated. In 2005 I started to explore the microbiology of these habitats at the postdoctoral position in the Max Planck Institute for Marine Microbiology (Bremen, Germany). I developed a series of methods to quantitatively study microbial diversity and degradation processes in sunken woods, from counting bacteria attached to wood chips to study their cellulolytic activities and for microbial in situ detection using FISH and CARD-FISH. During my Marie Curie postdoctoral fellowship I continued my research in sunken woods at the Observatoire Oceanologique de Banyuls (France). We used culture-independent methods to study the microbial communities on both, artificially immersed and natural wood samples, located at geographically isolated coastal and deep-sea environments. Capillary Electrophoresis Single Strand Conformation Polymorphism (CE-SSCP) of the rDNA has helped to fingerprint the Archaea and Bacteria communities living on and within the woods to determine their resemblance among samples. Cloning and sequencing of the rDNA in target samples is giving clues on the actual diversity and phylogenetic resemblance of the main metabolic players responsible of energy and carbon flows. Our results broad our narrow knowledge on the microbial biofilms that develop around woods in marine environments and give insights on the ecological importance of these organic island deposits for the dispersion of chemosynthetic communities at the ocean basin. Through this postdocs I increased my knowledge in state of the art high-throughput sequencing analysis methods like automatic alignment and Bayesian methods of phylogenetic analysis, as well as, further developed my skills in the ecological analysis of populations using multivariate methods.

Genetic structure of *Schistosoma mansoni* natural populations: the Oman Republic as an example of schistosomiasis reemergence

The main aim of my research at the UPVD is to determine the causes of reemergence of the human sickness schistosomiasis caused by the parasite *Schistosoma mansoni*. The Oman Republic is a good study ground. The sickness was declared eradicated in this country 15 years ago but the increasing number of cases detected after year 2000 clearly points towards its reemergence. The most plausible hypotheses to explain the reemergence of schistosomiasis is the existence of reservoir host populations among rats and humans that are not regularly screened for having the parasite. Individual parasites from these reservoir hosts have been found different in their chronobiology but identical in their genetic diversity when using the cytochrome oxidase I gene (coxI) as a marker. This indicates that all parasites are *Schistosoma mansoni* and not other species in spite of the difference in the history trait marker. Other mitochondrial (cox3, nad4, and nad5) and nuclear (microsatellites already developed for this species) molecular markers more divergent than coxI exist. We are now studying the variability of these markers to find out which ones can be used as diagnostic to differentiate parasites from the different hosts. Once diagnostic markers are identified we will study their variability in natural parasite populations from different reservoir hosts. The genetic structure analyses will serve to understand the gene flow among these populations and whether or not the genetic differentiation coincides with host adaptations. Understanding these ecological and evolutionary demographic factors underneath the variation observed would help to determine which hosts populations are responsible of schistosomiasis reemergence in the Oman Republic. This work could then serve as a model to test the causes of schistosomiasis reemergence worldwide.

ACTIVITÉS EN MATIÈRE D'ENSEIGNEMENT

Enseignement supérieur

Professeur Auxiliaire (103 heures)

Année Scolaire: 1994-1995 et 1995-1996

Cours magistraux et TP en Génétique (Licence 3^{ème} année)

Universitat de València (Espagne)

Au cours de mon doctorat, j'ai assuré une activité d'enseignement du module obligatoire de Génétique de la Facultad de CC. Biológicas de l'UV au travers du co-encadrement de Cours Magistraux et Travaux Pratiques.

Les principaux objectifs de ces Cours et les Travaux Pratiques associés étaient d'aider les étudiants à comprendre les concepts basiques en relation avec les matières suivantes:

- Nature et fonctionnement du matériel héréditaire
- Analyse mendélienne
- Génotype et phénotype
- Génétique quantitative
- Chromosomes et hérédité
- Élaboration de cartographie eucaryotes, bactéries et virus
- Structure génétique des populations
- Mécanismes évolutifs
- Différentiation et développement
- Technologie de l'ADN recombinant
- Mécanismes moléculaires de mutation, réparation et recombinaison
- Organisation du génome chez les procaryotes, eucaryotes et organelles

Autres missions liées à l'activité d'enseignement:

- Préparation des sujets d'examen
 - Correction des copies
-

Professeur Associé (69 heures)

Année Scolaire: 1997-1998

Cours magistraux, TD et TP en Techniques d'Analyse Génétique (Master 1)

Universitat de València (Espagne)

Avant de commencer mes activités de recherche post-doctorales, j'ai eu un poste comme professeur dans le Département de Génétique de l'UV.

J'étais responsable du module optionnel de Technique d'Analyse Génétique de la Facultad de CC. Biológicas à travers de l'encadrement de Cours Magistraux et Travaux Pratiques

Le principal objectif des Cours Magistraux était d'expliquer comment obtenir et analyser des résultats expérimentaux destinés à l'élaboration de cartes génétiques et la localisation des mutations en utilisant des:

- marqueurs génétiques classiques
- marqueurs génétiques moléculaires.

Les TP et les TD avaient pour objectif d'approfondir et d'appliquer les connaissances théoriques acquises:

- Localisation chromosomique de gènes
- Carte de recombinaison
- Carte de restriction
- Liaison d'un phénotype à un marqueur moléculaire

Je m'occupais aussi de la:

- Gestion des plannings
 - Préparation des sujets d'examen
 - Correction des copies
-

Professeur Auxiliaire (10 heures)

Année: 2003

TD Perl for bioinformatics dans le workshop Advances in Genome Technologies and Bioinformatics
Marine Biological Laboratory (Woods Hole, MA, USA)

Au cours de mon post-doctorat aux Etats-Unis j'ai participé à l'élaboration d'un module d'enseignement du langage de programmation Perl pour biologistes. Les objectifs de ces Travaux Dirigés étaient de:

- aider les étudiants à élaborer un script pour décomposer des séquences obtenues avec la méthode Serial Analysis of Gene Expression (SAGE)
 - faire tourner le script
-

Attaché Temporaire de Recherche et d'Enseignements (ATER) (96 heures)

Année Scolaire: 2007-2008

Université de Perpignan Via Dolomia (France)

Cours magistraux, TD et TP en Biologie animale du développement et de la Reproduction (Licence 2^{ème} année)

Les principaux objectifs de ces Cours et les Travaux Pratiques associés étaient d'aider les étudiants à comprendre les concepts théoriques basiques du développement et la reproduction des métazoaires:

- Modes de reproduction: sexuée/asexuée
- Spermatogenèse et ovogenèse
- Fécondation interne et externe
- Différentes phases du développement embryonnaire:
Segmentation, gastrulation, neurulation, formation des annexes embryonnaires et organogenèse
- Gènes du développement embryonnaire

Je suis chargée aussi de la:

- Gestion des plannings
- Préparation des sujets d'examen
- Correction des copies

TD Analyse phylogénétique (Master 2)

Je suis intervenue dans le Master DINEV pour aider dans l'analyse des séquences pour étudier leur relation phylogénétique. Je suis intervenu principalement dans la partie de l'alignement des séquences. Je me suis chargé de faire comprendre aux étudiants les avantages et désavantages respectifs des méthodes manuelles et automatiques d'alignement au travers d'applications pratiques (logiciels utilisés: MUST, CLUSTALX et MAFFT).

Encadrements d'étudiants

En matière de formation, j'ai assuré l'encadrement de plusieurs étudiants et techniciens:

Pendant mon doctorat et mes activités professionnelles à l'UV, j'ai assuré l'encadrement de plusieurs étudiants avec les niveaux d'études équivalents aux doctorat, D.E.A ou 4ième-5ième année de licence.

Les objectifs de mon encadrement étaient de les former aux:

- Techniques d'analyse génétique et moléculaire
- Planification de manipulations expérimentales
- Obtention et interprétation des résultats expérimentaux

Caractéristiques des étudiants encadrés durant mon doctorat:

Niveau du stage	Durée	Nom du stagiaire
Trois étudiants en Master	1994-1996	Marta Sabater, Jaime Martinez, Susana del Castillo
Doctorat de l'UV	1996-1997	Maria Luisa Palop
D.E.A de l'UV	1997-1998	Sacramento Rodriguez

Pendant mes divers post-doctorats, j'ai assuré l'encadrement des plusieurs techniciens avec l'objectif de les former sur des techniques moléculaires particulières concernant ma thématique de recherche.

Caractéristiques des techniciens encadrés durant mes post-doctorats

Années	Nom du technicien	Formation particulière
1998-2000	Judith Kamerbeek	Extraction d'ADN, préparation des gels pour 3700 ABI Séquençage Automatique
2002-2003	Jillian Ward	Aide à l'interprétation de résultats et conseils en bioinformatique
2003-2004	Leslie Graham	Nouveaux développements pour la méthode SARST-V6; aide à l'interprétation de résultats et conseils en bioinformatique
2004	Abby Laatsch	Méthode SARST-V6
2005	Susanne Menger	Mesures d'activités cellulosesiques