Lee Mariault

Chercheur postdoctoral en bio-informatique · multi-omique hôte–pathogène & génomique comparative

Montpellier, France | lee.mariault@gmail.com | lee-06.github.io
github.com/Lee-06 | linkedin.com/in/lee-mariault | ORCID 0000-0001-9836-6630 | Google Scholar

PROFIL SCIENTIFIQUE

Bio-informaticien, j'étudie l'évolution des génomes et la manière dont les infections façonnent le système immunitaire. À l'IRD, j'intègre transcriptomique single-cell, transcriptomique spatiale et d'autres couches omiques pour comprendre comment le paludisme pendant la grossesse reprogramme l'immunité fœtale. Pendant ma thèse, j'ai développé un pipeline sans annotation qui a criblé environ 1 500 génomes de plantes et de champignons et mis au jour des transferts de gènes rares et fortement asymétriques des champignons vers les plantes, travail récompensé par le prix de la meilleure communication courte à Plant Chromosome Biology 2025.

EXPÉRIENCE DE RECHERCHE

Chercheur postdoctoral — mars 2026 – présent
Unité MIGEVEC, IRD (Institut de recherche pour le développement) — Montpellier, France
Réponse immunitaire fœtale à Plasmodium falciparum lors du paludisme gestationnel

- Comment l'infection placentaire remodèle le paysage transcriptionnel des monocytes de sang de cordon.
- Construction d'un workflow multi-omique intégré : single-cell RNA-seq et multiome, transcriptomique spatiale, épigénomique, protéomique et métabolomique.
- Rapports d'analyse reproductibles en R/Quarto sur un jeu de données multiome de 58 000 cellules (Seurat v5, SingleR), avec mise en cache et rendu parallélisé.

Doctorant — oct. 2022 – nov. 2025
Laboratoire Génome et Développement des Plantes (LGDP), CNRS / UPVD — Perpignan, France
Thèse : Étude génomique des transferts horizontaux plantes–champignons et lianes–arbres

- Développement d'un pipeline de génomique comparative sans annotation (Python, R, Bash sur cluster SLURM) criblant 418 génomes de plantes et 1 081 de champignons à la recherche de transferts horizontaux (gènes et éléments transposables).
- Identification de 22 transferts inter-règnes récents de haute confiance, dont 21 des champignons vers les plantes (principalement bryophytes et graminées Pooideae), et analyse de leur devenir contrasté après intégration.
- Découverte d'un transposon à ADN d'origine végétale ayant envahi un agent de l'oïdium (famille de 172 MITE).
- Revue en premier auteur dans *The Plant Cell* (2025) et preprint en premier auteur (2026) ; 4 communications orales, dont un prix de la meilleure communication courte (Vienne, 2025).

Stagiaire de recherche M2 — janv. – juin 2022
Institut Sophia Agrobiotech, INRAE / CNRS / Univ. Côte d'Azur — Sophia-Antipolis, France

- Identification de variants structuraux associés à la virulence chez des populations de *Meloidogyne incognita* avec un pipeline hybride short/long-reads sur cluster de calcul (SLURM).

Stagiaire de recherche M1 — févr. – juil. 2021
Centre Méditerranéen de Médecine Moléculaire (C3M), INSERM / Univ. Côte d'Azur — Nice, France

- Analyse de données single-cell RNA-seq de leucémies aiguës lymphoblastiques T pédiatriques (Seurat, SCENIC, Monocle) et identification de signatures géniques prédictives du risque de rechute.
- Projet annexe : repositionnement de médicaments contre le SARS-CoV-2 via la Connectivity Map, publié en co-premier auteur dans *PLOS ONE*.

AUTRE EXPÉRIENCE PROFESSIONNELLE

Expert en bio-informatique, évaluation d'IA agentique (indépendant) — janv. 2026 – présent
Mercor, via micro-entreprise — quatre projets d'évaluation d'IA en parallèle — Télétravail

- Benchmark de code scientifique agentique : promu de rédacteur à relecteur puis super-relecteur ; rédaction et contrôle qualité de tâches multi-étapes, accompagnement des contributeurs.
- Benchmark de génomique : tâches expertes notées par grille, avec points de décision multi-étapes.
- Annotation de tâches bio-informatiques conçues pour mettre en échec les modèles ; relecture de trajectoires d'agents d'IA.
- Expert de référence humain pour l'évaluation de LLM ; harnais de validation anti-raccourcis (code agentique).

PUBLICATIONS

Articles

[1] **Mariault L.**, Puginier C., Keller J., El Baidouri M., Delaux P-M. (2025). Mechanisms, detection, and impact of horizontal gene transfer in plant functional evolution. *The Plant Cell*. doi:10.1093/plcell/koaf195

[2] Bonnet R.*, **Mariault L.***, Peyron J-F. (2022). Identification of potentially anti-COVID-19 active drugs using the Connectivity Map. *PLOS ONE*. doi:10.1371/journal.pone.0262751 *co-premiers auteurs

Preprints

[P1] **Mariault L.**, Lasserre E., Qian J., Hwang J-H., Kim K.D., Gibert A., Kusch S., Panstruga R., El Baidouri M. (2026). Asymmetric inter-kingdom gene transfer and a horizontal transposon invasion in a powdery mildew fungus. *bioRxiv*. doi:10.64898/2026.10.11.757921

[P2] Salvado P., Gibert A., Chaib S., Raviglione D., Bertrand C., El Baidouri M., **Mariault L.**, ..., Bertrand J.A.M. (2026). A cryptic hybrid zone reveals the genomic basis of flower colour variation in a plant with a large and complex genome. *bioRxiv*. doi:10.64898/2026.01.30.700338

COMMUNICATIONS ORALES

Cross-kingdom horizontal gene transfers between plant and fungal genomes: insights from large-scale comparative genomics
Plant Chromosome Biology 2025, Vienne, Autriche · **Prix de la meilleure communication courte** — sept. 2025

Divergent horizontal transfer landscapes in liana–tree and plant–fungus interactions revealed by large-scale genome comparisons
Congrès national des éléments transposables (CNET 2025), Bordeaux — juil. 2025

Divergent horizontal transfer landscapes in plant–plant and plant–fungus interactions revealed by large-scale genome comparisons
Occitano-Catalan Meeting, Perpignan — juin 2025

Horizontal transfers in the Massane forest: the well-kept secret of lianas
Symposium des 50 ans de la Réserve naturelle de la Massane, Banyuls-sur-Mer — nov. 2023

ENSEIGNEMENT & ENCADREMENT

Co-encadrement d'un stage de M2 · LGDP — définition du sujet, formation HPC, suivi hebdomadaire et revue de code — 2025

Informatique appliquée à la biologie · TD L2, UPVD, 12 h — R avancé, matrices de Leslie, régression — 2025

Introduction à R pour les scientifiques · TD L1, UPVD, 27 h — bases de R, ggplot2, statistiques — 2025

Tutorat de statistiques · L1 Biologie, Université Côte d'Azur, 6 h — 2021

FORMATION

Doctorat en Biologie — 2022 – 2025
Université de Perpignan Via Domitia — Perpignan, France

Master Sciences du Vivant — parcours Biologie, Informatique, Mathématiques (mention Bien) — 2020 – 2022
Université Côte d'Azur — Nice, France

Licence Sciences de la Vie — parcours Bio-informatique — 2017 – 2020
Université Côte d'Azur — Nice, France

École d'été TULIP — Integrative Biology and Ecology · Toulouse & Vallée de l'Esponne — juil. 2023

COMPÉTENCES TECHNIQUES

Programmation	Python (pandas, scikit-learn) · R (tidyverse, ggplot2, Quarto) · Bash · SQL
Workflows & HPC	Nextflow · Snakemake · Docker / Singularity · Git · SLURM
Single-cell & spatial	Seurat v5 · SingleR · Monocle 3 · SCENIC · Squidpy · cell2location
Génomique & phylogénomique	BWA-MEM2 · Minimap2 · DIAMOND · BEDTools · MAFFT · IQ-TREE 2 · AUGUSTUS
Statistiques & ML	GLM · analyse de survie · statistiques bayésiennes · random forest · Plotly, Seaborn
Langues	Français (langue maternelle) · Anglais (courant, C1 — TOEIC 955/990) · Espagnol (notions professionnelles)

ENGAGEMENTS & VULGARISATION

Auteur et relecteur bénévole, bioinfo-fr.net, blog francophone de vulgarisation en bio-informatique — 2025 – présent

Représentant des doctorants (LGDP, ED305) · **Responsable informatique** d'UPVDoc · Fête de la science, DECLICS — 2022 – 2025