

Curriculum Vitae

Marc-Henri LEBRUN

17 Juillet 1956, Neuilly sur Seine, France

Cursus :

1978 - Master en Amélioration des Plantes et Phytopathologie, Université Paris-XI, Orsay, France.

1983 - Thèse en Phytopathologie, Université Paris-XI, Orsay, France.

1991 - Thèse d'Etat en Sciences Naturelles, Université Paris-XI, Orsay, France

Position Actuelle :

Directeur de Recherche au CNRS, Responsable de l'équipe EGIP « Evolution et Génomique des Interactions Plantes Pathogènes » de l'UR INRAE BIOGER, Université Paris-Saclay

Expériences professionnelles :

1983-1997 CNRS CR1, UMR CNRS-Université Paris-XI, Institut de Génétique et Microbiologie, Orsay

1992-1993 CNRS CR1, Central Research, Dupont de Nemours, Wilmington, DE, USA (Sabbatical)

1997-2001 CNRS CR1, UMR CNRS-Aventis Crop Science, Physiologie Cellulaire Végétale, Lyon

2001-2009 CNRS DR2, UMR 5240 CNRS-UCB-INSA-Bayer Crop Science MAP, Lyon

2007-2023 CNRS DR2, UR 1290 INRAE AgroParisTech, BIOGER, Université Paris-Saclay, Palaiseau

Coordination de projets de recherche collaboratifs

- ACI in Microbiology (France, 2000-2002): Transposons tagging in filamentous fungi.

- Genoplante Program (France, 2003-2005): Molecular basis of cereal defense to pathogens.

- ANR Fungeffector (France, 2007-2009): A genome-wide survey of secreted proteins as effectors of symbiosis and pathogenicity in plant-associated fungi

- ANR Twist (France, 2009-2011): Transcriptome of Wheat Interacting with Septoria Tritici.

- Projet FSOV WEAB (France, 2014-2017): Wheat effector assisted breeding

Administration de la recherche

- Conseil d'Administration de la Société Française de Phytopathologie (1984-2005)

- Conseil scientifique de la Mission Défense des Culture du CIRAD (1998-2003)

- Conseil Scientifique du Département Santé des Plantes et Environnement de l'INRAE (1998-2009)

- Membre de la CSS Ecophysiologie de l'INRA (1998-2006)

- Conseil Scientifique du programme Riz de Génoplante (2000-2004)

- Concours de recrutements de chercheurs de l'INRA (1998-2014)

- Membre de la Section 23 du Comité National du CNRS (2008-2011)

- Conseil Scientifique de l'INSB, CNRS (2012-2015)

- Conseil Scientifique du Labex BASC de l'Université Paris Saclay (2012-2019)

- Responsable du réseau Interactions Biotiques du Labex BASC (2012-2019)

- Conseil Scientifique du John Innes Centre, Norwich, UK (2013-2016)

- Evaluation d'UMRs pour l'INRA, le CNRS et l'IRD, puis l'HCERES (2004-2021)

- Evaluation du LSV de l'ANSES (2012, 2016)

- Evaluation de chercheurs et techniciens du CIRAD (2016, 2022)

- Responsable de l'équipe GFCP de l'UMR CNRS-UCB-INSA-Bayer Crop Science MAP, Lyon (2006-2009)

- Directeur de l'UMR INRA-AgroParisTech BIOGER, Thiverval-Grignon, (2007-2014)

- Responsable de l'équipe EGIP de l'UMR BIOGER (2009-2023)

Edition scientifique

- Révision d'articles pour BMC Genomics, Cell, Current Biology, EMBO J., Frontiers in Microbiology, Frontiers in Plant Science, Environmental Microbiology, Fungal Genetics and Biology, G3, Molecular Microbiology, Molecular Plant-Microbe Interactions, Molecular Plant Pathology, New Phytologist, Plant Cell, PLOS Genetics, PLOS Pathogens, Trends in Plant Science, Journal of Fungi.

- Editeur pour Frontiers in Microbiology, Journal of Fungi.

Organisation de Congrès

- Comité scientifique des International Rice Blast Conferences (1998-2024)

- Comité scientifique des rencontres de mycologie-phytopathologie d'Aussois (1997-2010)

- Comité scientifique des European Conference on Fungal Genetics (2006-2016)

- Président du Comité scientifique des European Conference on Fungal Genetics (2016-2024)

- Comité scientifique des International Symposium on Septoria diseases of Cereals (2012-2024)

Résumé

Le Dr. M-H Lebrun est un directeur de recherche du CNRS travaillant dans l'unité INRAE BIOGER dédiée à l'étude des champignons pathogènes des plantes et localisée dans l'école d'ingénieurs AgroParisTech (Université Paris-Saclay). Il a étudié les champignons pathogènes des plantes depuis plus de 40 ans aussi bien par des approches biologiques que génétiques et moléculaires. Il a été en particulier un pionnier du développement de la génomique des champignons pathogènes aussi bien au niveau international que français, et il a utilisé avec succès ces approches pour mieux comprendre comment les champignons attaquent les plantes. Après avoir obtenu sa thèse, il a rejoint le CNRS en 1983 au sein de l'Institut de Génétique et Microbiologie de l'Université d'Orsay, afin d'étudier les toxines produites par le champignon pathogène du riz *Pyricularia oryzae*. Après avoir passé sa thèse d'état en 1991, il a rejoint le laboratoire de pathologie végétale de l'EI Dupont de Nemours aux USA, pionnier dans l'étude moléculaire des interactions entre le riz et le champignon *P. oryzae*, pour deux années sabbatiques. A son retour en France dans le cadre de l'Institut de Génétique et Microbiologie de l'Université d'Orsay, il a développé des approches de génétique moléculaire pour étudier la spécificité d'hôte de *P. oryzae* et les gènes impliqués dans les interactions entre *P. oryzae* et les cultivars de riz résistants. En 1997, il a rejoint le laboratoire mixte CNRS-Bayer CropScience à Lyon, où il a pu développer des approches de génomique structurale et fonctionnelle afin de mieux comprendre les mécanismes impliqués dans les interactions entre *P. oryzae* et le riz. Il a ainsi mis en évidence des mécanismes moléculaires originaux aussi bien au niveau du processus infectieux fongique, que de la reconnaissance du champignon par la plante. A partir de 2005, à la demande de l'INRA, il a participé à la réorganisation des équipes étudiant les champignons pathogènes des plantes en région parisienne, afin de construire une nouvelle unité BIOGER (100 chercheurs, techniciens et étudiants). Il a dirigé cette nouvelle unité de 2007 à 2014, et a supervisé son aménagement dans de nouveaux locaux sur le site l'école d'ingénieurs AgroParisTech de Thiverval-Grignon en 2009. L'unité BIOGER a pour objectif d'étudier les champignons pathogènes des plantes aussi bien au niveau des mécanismes impliqués dans le processus infectieux, que de leur biologie, taxonomie et épidémiologie, afin de proposer de nouvelles méthodes de lutte. M-H Lebrun a ainsi animé scientifiquement cette unité pluridisciplinaire du gène au champ, et développé des recherches sur le champignon pathogène du blé *Zymoseptoria tritici* au sein de son équipe (Génomique des interactions plantes pathogènes). Parallèlement, il a participé à la gestion de la recherche à l'INRA, au CIRAD, à l'IRD et au CNRS (recrutements et évaluation des chercheurs, conseils scientifiques). Il a aussi participé activement à l'animation scientifique de la communauté des phytopathologistes français (Secrétaire de la Société Française de Phytopathologie, lancement des journées bisannuelles de mycologie-pathologie d'Aussois). Au niveau international, il est membre permanent du conseil scientifique des rencontres Européennes de génétique fongique (ECFG) et de congrès internationaux sur les champignons pathogènes du blé (ISBDC) et du riz (IRBC). Enfin, il a été éditeur associé de Fungal Genetics and Biology pendant 10 ans, et il est maintenant éditeur associé de Frontiers in Microbiology et du Journal of Fungi.

Publications : 90 publications dans des revues à comité de lecture

Nombre de citations: 7936 Web of Science (WOS), 11211 Research Gate (RG), 11144 Google Scholar (GS).

Facteur H: 43 (WOS), 45 (GS), 47 (RG)

Sélection de publications

- Clergeot, P-H, Gourgues, M, Cots, J, Laurans, F, Latorse, M-P, Pepin, R, Tharreau, D, Notteghem, J-L and **Lebrun, M-H**. 2001. PLS1, a gene encoding a tetraspanin-like protein is required for penetration of host leaves by the rice blast fungus, *Magnaporthe grisea*. **Proceedings Natl Academy Science, USA**. 98(12):6963-6968.
- Böhnert, H U, Fudal, I, Diah, W, Tharreau, D, Notteghem, J L and **Lebrun, M H**. 2004. A putative polyketide synthase/peptide synthetase from *Magnaporthe grisea* signals pathogen attack to resistant rice. **The Plant Cell**. 16(9):2499-2513.
- Dean, RA, Talbot, NJ, Ebbole, DJ, Farman ML, Mitchell T, Orbach M, Thon M, Kulkarni, R, Xu J-R, Pan, H, Read NR, Lee Y-H, Carbone, I, Brown, D, Yee, Y, Donofrio N, Soanes D, Djonovic S, Kolomiets E, Rehmeyer C, Li, W, Harding, M, Kim, S, **Lebrun, M-H**, Bohnert, H, Coughlin, S, Butler, J, Calvo, S, Ma, L-J, Nicol, R, Purcell, S, Nusbaum, C, Galagan, J E, and Birren, BW. 2005. The genome sequence of the rice blast fungus *Magnaporthe grisea*. **Nature**. 434:980-986.
- Collemare J, Khaldi N, **Lebrun M-H** and Wolfe K. H. 2008. Horizontal transfer of a secondary metabolite gene cluster between fungi. **Genome Biology**. 9(1):R18
- Collemare J, Pianfetti M, Houle A-E, Morin D, Camborde L, Gagey M-J, Fudal I, **Lebrun M-H** and Böhnert H-U. 2008. *Magnaporthe grisea* avirulence gene *ACE1* belongs to an infection specific gene cluster involved in secondary metabolism. **New Phytologist**. 179:196-208
- Lambou K, Tharreau D, Kohler A, Sirven C, Marguerettaz M, Barbisan C, Sexton A C, Kellner E M, Martin F, Howlett B J, Orbach M J and **Lebrun M-H**. 2008. Fungi have three tetraspanin families with distinct functions. **BMC genomics**. 9:63
- Martin, F., Kohler, A., Murat, C, Balestrini R., Coutinho, P., Jaillon, O., Montanini, B. Morin, E., Noel, B, Percudani, R., Porcel, B, Rubini, A., Amicucci, A., Amselem, J., Anthouard, V., Arcioni, S., Artiguenave, F, Aury, J-M., Ballario, P, Bolchi, Brenna, A., Brun, A., Buee, M., Cantarel, B, Chevalier, G, Couloux, A, Da Silva, C, Denoeud, F., Duplessis, S, Ghignone, S, Hilselberger, B., Lotti, M., Marçais, B., Mello, A., Miranda, M., Pacioni, G., Quesneville, H, Riccioni, C., Ruotolo, R, Splivallo, R., Stocchi, V, Tisserant, E, Viscomi, A. R., Zambonelli, A., Zampieri, E, Henrissat, B., **Lebrun, M-H.**, Paolocci, F., Bonfante, P., Ottonello, S. and Wincker, P. 2010. Perigord black truffle genome uncovers evolutionary origins and mechanisms of symbiosis. **Nature**. 464(7291):1033-8.
- Ding SL, Liu W, Iliuk A, Ribot C, Vallet J, Tao A, Wang Y, **Lebrun M-H**, Xu JR. 2010. The tig1 histone deacetylase complex regulates infectious growth in the rice blast fungus. **Plant Cell**. 22(7):2495-508.
- Spanu PD, Abbott JC, Amselem J, Burgis TA, Soanes DM, Stüber K, Ver Loren van Themaat E, Brown JKM, Butcher SA, Gurr SJ, **Lebrun M-H**, Ridout CJ, Schulze-Lefert P, Talbot NJ, Ahmadinejad N, Ametz C, Barton GR, Benjdia M, Bidzinski P, Bindschedler LV, Both M, Brewer MT, Cadle-Davidson L, Cadle-Davidson MM, Collemare J, Cramer R, Frenkel O, Godfrey D, Harriman J, Hoede C, King BC, Klages S, Kleemann J, Knoll D, Koti PS, Kreplak J, López-Ruiz FJ, Lu X, Maekawa T, Mahanil S, Milgroom MG, Montana G, Noir S, O'Connell RJ, Oberhaensli S, Parlange F, Pedersen C, Quesneville H, Reinhardt R, Rott M, Sacristán S, Schmidt MS, Schön M, Skamnioti P, Sommer H, Stephens A, Takahara H, Thordal-Christensen H, Vigouroux M, Weßling R, Wicker T, Panstruga R. 2010. Genome expansion and gene loss in powdery mildew fungi reveal functional tradeoffs in extreme parasitisms. **Science**. 330, 1543-46
- Amselem J., Cuomo C.A., Van Kan J.A.L., Viaud M., Benito E.P., Couloux A., Goutinho P.M., de Vries R.P., Dyer P.S., Fillinger S., Fournier E., Gout L., Hahn M., Kohn L. , Lapalu N., Plummer K.M., Pradier J.M., Quevillon E., Sharon A., Simon A., Have A.T., Tudzynski B., Tudzynski P., Wincker P., Andrew M., Anthouard V., Beever R.E., Beffa R., Benoit I., Bouzid O., Brault B., Chen Z., Choquer M., Collémare J., Cotton P., Danachin E.G., Da Silva C., Gautier A., Giraud C., Giraud T., Gonzalez C., Grossetete S., Güldener U., Henrissat B., Howlett B.J., Kodira C., Kretschmer M., Lappartient A., Leroch M., Levis C., Mauceli E., Neuvéglise C., Oeser B., Pearson M., Poulain J., Poussereau N., Quesneville H., Rasclé C., Schumacher J., Ségurens B., Sexton A., Silva E., Sirven C., Soanes D.M., Talbot N.J., Templeton M., Yandava C., Yarden O., Zeng Q., Rollins J.A., Dickman M., **Lebrun M-H**. 2011. Genomic analysis of the necrotrophic fungal pathogens *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea*. **PLOS Genetics**. 7:e1002230
- O'Connell RJ, Thon MR, Hacquard S, Amyotte SG, Kleemann J, Torres MF, Damm U, Buiate EA, Epstein L, Alkan N, Altmüller J, Alvarado-Balderrama L, Bauser CA, Becker C, Birren BW, Chen Z, Choi J, Crouch JA, Duvick JP, Farman MA, Gan P, Heiman D, Henrissat B, Howard RJ, Kabbage M, Koch C, Kracher B, Kubo Y, Law AD, **Lebrun M-H**, Lee YH, Miyara I, Moore N, Neumann U, Nordström K, Panaccione DG, Panstruga R, Place M, Proctor RH, Prusky D, Rech G, Reinhardt R, Rollins JA, Rounsley S, Schardl CL, Schwartz DC, Shenoy N, Shirasu K, Sikhakolli UR, Stüber K, Sukno SA, Sweigard JA, Takano Y, Takahara H, Trail F, van der Does HC, Voll LM, Will I, Young S, Zeng Q, Zhang J, Zhou S, Dickman MB, Schulze-Lefert P, Ver Loren van Themaat E, Ma LJ, Vaillancourt LJ. 2012. Lifestyle transitions in plant pathogenic *Colletotrichum* fungi deciphered by genome and transcriptome analyses. **Nature Genetics**. 44(9):1060-5
- Klaubauf S, Tharreau D, Fournier E, Groenewald JZ, Crous PW, de Vries RP, **Lebrun M-H**. 2014. Resolving the polyphyletic nature of *Pyricularia* (Pyriculariaceae). **Stud. Mycol**. 79:85-120.
- Gladieux P, Condon B, Ravel S, Soanes D, Nunes Maciel J, Nhani A, Chen L, Terauchi R, **Lebrun M-H**, Tharreau D, Mitchell T, Pedley K, Valent B, Talbot T, Farman R, and Fournier E. 2018. Gene flow between divergent cereal- and grass-specific lineages of the rice blast fungus *Magnaporthe oryzae*. **mBIO**, 9:e01219-17.
- Collemare J, O'Connell R, **Lebrun MH**. 2019. Non-proteinaceous effectors: the terra incognita of plant-fungal interactions. **New Phytol**. 223(2):590-596
- Bruez E, Vallance J, Gautier A, Laval V, Compant S, Maurer W, Sessitsch A, **Lebrun MH**, Rey P. 2020. Major changes in grapevine wood microbiota are associated with the onset of esca, a devastating trunk disease. **Environ. Microbiol**. 22(12):5189-5206.
- Battache M, **Lebrun MH**, Sakai K, Soudière O, Cambon F, Langin T, Saintenac C. 2022. Blocked at the Stomatal Gate, a Key Step of Wheat *Stb16q*-Mediated Resistance to *Zymoseptoria tritici*. **Front. Plant Sci**. 13:921074.