

Mes activités de recherche vont de la microbiologie conventionnelle aux techniques génomiques, et me permettent d'appliquer ces compétences en microbiologie alimentaire, évaluation des risques environnementaux, contrôle d'infections zoonotiques et santé publique.

ETAT CIVIL

Adresse personnelle : Via Trento e Trieste, 33, 64100 Teramo TE (Italie).

Adresse professionnelle : IZSAM-NRC-GENPAT, via Campo Boario 64100 Teramo TE (Italy).

Contacts personnelles : +33 (0) 6 61 90 04 52, nicolas.radomski.phd@gmail.com.

Contacts professionnels : +39 0861 3321, n.radomski@izs.it.

Citoyenneté : Citoyen français, résident permanent au Canada, résident actuellement en Italie, vivant en concubinage.

Langues : Français (maternelle), anglais (lu, écrit, parlé), allemand (lu).

Site internet : <http://www.nicolas-radomski.net>

ORCID : <https://orcid.org/0000-0002-7480-4197>

GitHub : <https://github.com/Nicolas-Radomski>



DISCIPLINES/SPECIALITÉ et COMPÉTANCE PARTICULIÈRES

Biologie cellulaire, biologie des populations et écologie, biologie des organismes.

Microbiologie alimentaire, évaluation des risques environnementaux, contrôle d'infections zoonotiques.

Microbiologie conventionnelle, biologie moléculaire, génomique bactérienne.

Génomique bactérienne, statistique, bio-informatique.

FONCTION ACTUELLE

Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "Giuseppe Caporale" (IZSAM).

Centre National de Référence (CNR) pour le Séquençage de Génomes entier de micro-organismes pathogènes : bases de données et analyses bioinformatiques (GENPAT).

Expert Bioinformatique Senior en génomique des micro-organismes.

PARCOURS PROFESSIONNEL

- 2020 Expert senior en bioinformatique en génomique des microorganismes** - Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise "Giuseppe Caporale" (IZSAM), National Reference Centre (NRC) for Whole Genome Sequencing of microbial pathogens: data-base and bioinformatics analysis (GENPAT) - Teramo, Italie :
- Support technique des scientifiques pour analyser les données de séquençage de nouvelle génération (NGS) provenant de diverses plates-formes, développement de workflows bioinformatiques pour la plate-forme NRC GENPAT, collaborer à la rédaction et à la présentation de propositions de projets en réponse aux appels nationaux et européens, soutenir les processus nationaux et internationaux activités de formation menées par l'IZSAM dans le domaine de la bioinformatique – A. Di Pasquale (GENPAT-NRC-IZSAM).
- 2015-20 (66 mois) Chargé de projet recherche en génomique bactérienne** - Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (ANSES), Laboratoire de sécurité des aliments (LSAL) - Mission génome analyse modélisation risque (GAMeR) - Maisons-Alfort, France :
- Implémentation du séquençage haut débit, construction d'un réseau Linux de traitement et stockage des données, formation Linux aux équipes du laboratoire, génomique bactérienne (détection de variations génétiques, assemblage *de novo*, mécanismes moléculaires de virulence et d'adaptation aux hôtes, épidémiologie moléculaire, étude d'association, antibiorésistance, mobilome), recrutement et intégration d'étudiants et collègues tous les 6 mois, habilitation à diriger des recherches (HDR) - M.Y. Mistou (INRA-ANSES).
- 2015 (1 mois) Assistant en enseignement** - École des ponts ParisTech (ENPC) - Parcours d'ingénieur - Marne-la-Vallée, France :
- Théories en génomique bactérienne, utilisation de lignes de commandes sur Linux, paramétrage de programmes, exécution de programmes, organisation de tâches bio-informatiques successives - F.S. Lucas (LEESU).
- 2011-15 (43 mois) Postdoctorat** - Institut de recherche du centre de santé de l'université de McGill (RI MUHC) - Montréal QC, Canada :
- Soins et manipulation des animaux de laboratoire et biosécurité en laboratoire de niveau 3, installation de logiciels et programmes de gestion de laboratoire en analyses statistiques, analyses phylogéniques, comparaisons de séquences et de génomes, gestion de données de séquençage haut débit, détection moléculaire et quantification de pathogènes mycobactériens durant des infections expérimentales, développement et application de successions de programmes pour des projets de séquençage haut débit d'épidémiologie moléculaire de la tuberculose - M.A. Behr (RI MUHC).
- 2007-11 Doctorant** - École des ponts ParisTech (ENPC) - Laboratoire eau environnement et systèmes urbains

(39 mois)	<p>UMR MA-102 (LEESU) - Marne-la-Vallée, France :</p> <p>Installation de laboratoires de bactériologie et biologie moléculaire, harmonisation des méthodes d'isolement mycobactérien dans des échantillons environnementaux, développement de méthodes de quantification par PCR en temps réel, génotypage d'isolats par multilocus sequencing analysis (MLST) et comparaison de génomes pour améliorer des cibles moléculaires - R. Moilleron, F.S. Lucas (LEESU).</p>
2008-10 (160 heures)	<p>Assistant en enseignement - Licence analyse biologique et biochimique (ABB) et master microbiologie appliquée et génie biologique (MAGB) aux universités Paris-Est de Créteil (IUT UPEC) et Paris Diderot (Paris-Sud) - Créteil et Orsay, France :</p> <p>Chargé de cours, travaux pratiques et travaux dirigés sur la classification, l'identification et la caractérisation de microorganismes pathogènes (<i>Enterobacteriaceae</i>, <i>Vibrionaceae</i>, <i>Pseudomonadaceae</i>, <i>Micrococcaceae</i>, <i>Streptococcaceae</i>, <i>Mycobacteriaceae</i>, <i>Nesseriaceae</i>) pour des étudiants de licence et master - F. Odelin (IUT UPEC), C. Rousseau (IUT UPEC), C. Sola (Paris-Sud).</p>
2010 (3 mois)	<p>Stagiaire doctorant - Institut polytechnique de Virginie - Département de biologie (VirginiaTech) - Blacksburg VA, USA) :</p> <p>Étude des mycobactéries non-tuberculeuses dans un bassin versant de Virginie par PCR en temps réel, transfert d'une méthode de quantification par PCR en temps réel des mycobactéries dans des échantillons environnementaux, rédaction d'un chapitre de livre - J.O. Falkinham III (VirginiaTech), R. Moilleron (LEESU), F.S. Lucas (LEESU).</p>
2007 (6 mois)	<p>Stagiaire en master - Agence française de sécurité sanitaire des aliments (AFSSA) - Unité de zoonoses bactériennes (UZB) - Maisons-Alfort, France :</p> <p>Diversité génétique de <i>Mycobacterium avium</i> d'origines humaine et animale par variable number of tandem repeats et mycobacterial interspersed repetitive unit (VNTR-MIRU) et restriction fragments length polymorphism (RFLP) - M.L. Boschioli (UZB).</p>
2006-07 (6 mois)	<p>Chargé de projets - Institut Pasteur de Lille - Centre de typage moléculaire (IPL-CTM) - Lille, France :</p> <p>En charge d'audits (Qualité et sécurité), supervision de projets de typage de <i>Listeria monocytogenes</i> par sérotypage, ribotypage et pulsotypage - J.P. Vincent (IPL-CTM).</p>
2006 (6 mois)	<p>Stagiaire en maîtrise - Institut Pasteur - Centre de typage moléculaire (IPL-CTM) - Lille, France :</p> <p>Organisation de la gestion informatique de souchiers de <i>Listeria monocytogenes</i> caractérisés par sérotypage, ribotypage et pulsotypage - J.P. Vincent (IPL-CTM).</p>
2005 (2 mois)	<p>Technicien de laboratoire - Agence française de sécurité sanitaire des aliments (AFSSA) - Laboratoire de sécurité des aliments (LSAL) - Boulogne sur mer, France :</p> <p>En charge d'analyses : total volatile acid base, Kjeldhal, microbiologie normalisée, random amplified polymorphism DNA (RAPD), polymerase chain reaction (PCR) - G. Bourdin (LSAL).</p>
2005 (2 mois)	<p>Stagiaire en licence - Agence française de sécurité sanitaire des aliments : AFSSA - Laboratoire de sécurité des aliments (LSAL) - Boulogne sur mer, France :</p> <p>Étude de la croissance de <i>Listeria monocytogenes</i> dans du saumon par tests de croissance à différentes températures - G. Bourdin (LSAL).</p>
2002-04 (2 ans)	<p>Technicien hygiéniste - Institut Pasteur de Lille, service de microbiologie et hygiène alimentaire (ILP-SERMHA) - Caen, France :</p> <p>En charge de prélèvements (eau et aliments), audits hazard analyses critical control point (HACCP), interprétation des résultats d'analyse microbiologiques, contrôle de la qualité des huiles - J.P. Vincent (IPL-SERMHA).</p>
2002 (2 mois)	<p>Stagiaire en diplôme universitaire et technologique - Université de Caen - Équipe de recherche en physico-chimie et biotechnologie (ERPCB) - Caen, France :</p> <p>Étude de la fermentation de <i>Pseudomonas putida</i> et développement du dosage de sucres et dérivés acides par high performance liquid chromatography (HPLC) - D. Corroler (ERPCB).</p>

DIPLÔMES

2023	Inscrit au registre de l'Ordre des Biologistes du Latium et des Abruzzes (Rome, Italie): Fédération Nationale des Ordres des Biologistes (FNBO), Ordre des Biologistes du Latium et des Abruzzes (17/04/2023, n. AA_100199).
2020	Habilitation à diriger des recherches en sciences du vivant - Université Paris-Est (UPE), Ecole Doctorale agriculture, alimentation, biologie, environnement, santé (ABIES, n°0581), Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (ANSES), Laboratoire de sécurité des aliment (LSAL) - Mission génome analyse modélisation risque (GAMeR) - Maisons-Alfort, France : Implémentation de la génomique bactérienne - appui à la santé publique.
2007-11	Doctorat en sciences et techniques - Université Paris-Est (UPE), École des ponts ParisTech (ENPC) (Champs sur Marne, France) - UMR MA-102 Laboratoire eau environnement et systèmes urbains (LEESU) : Installation de laboratoires de microbiologie, veille bibliographique, développements analytiques et applications sur matrices réelles, rédaction de publications scientifiques et de rapports d'activités, communication en congrès internationaux et nationaux, enseignement, bactériologie, biologie moléculaire, bio-informatique, tests paramétriques et non-paramétriques.
2006-07	Master en santé publique (4 ^{ème} /86), mention qualité et gestion des risques sanitaires et environnementaux, spécialité sécurité alimentaire - Université de Lille (Loos, France) - Institut lillois d'ingénierie de la santé (ILIS) : Évaluation des risques chimiques et microbiologiques, référentiels qualité, management.
2004-06	Titre d'ingénieur maître, maîtrise (6 ^{ème} /33) et licence (9 ^{ème} /34) en biotechnologies et bio-industries - Université du littoral côte d'opale (ULCO)- Institut universitaire et professionnelle en qualité des procédés agroalimentaires et halieutiques (IUP QPAH) : Biosécurité en laboratoire de niveau 3, microbiologie et physico-chimie analytique, biologie moléculaire, fermentation, génie des procédés, analyse de composantes principales, modèles prédictifs.
2000-02	Diplôme universitaire et technologique en génie biologique (10 ^{ème} /28), option industries alimentaires et biologiques (IAB) - Université de Caen - Institut universitaire et technologique (IUT) en génie biologique (GB) de Caen (Caen, France) : Chimie, microbiologie, biologie moléculaire, physiologie, histologie, statistique fondamentale.

FORMATIONS QUALIFIANTES

2020	Habilitation à diriger des recherches en sciences du vivant (Paris, France) : Université Paris-Est (UPE), Ecole Doctorale agriculture, alimentation, biologie, environnement, santé (ABIES, n°0581).
2011-14	Qualification aux fonctions de maître de conférences des universités (Paris, France) : Section 65 biologie cellulaire (N°14265227300, 05/02/2014), Section 67 biologie des populations et écologie (N°12267227300, 08/02/2012), Section 68 biologie des organismes (N°12268227300, 26/01/2012).
2013	Certificat de sélection du Québec (Montréal, Canada) : CNP 4122 Assistant d'enseignement et recherche postsecondaire (N°C0005780756, 23/04/2013).
2011-15	Certificats soins et manipulation des animaux de laboratoire et biosécurité en laboratoire de niveau 3 (Montréal, Canada) : Institut de recherche du centre de santé de l'université de McGill (RI MUHC).
2007	Certificats biosécurité en laboratoire de niveau 3 (Maisons-Alfort, France) : Agence française de sécurité sanitaire des aliments (AFSSA).

AUTRES FORMATIONS

04/12/2025 (1 jour)	Séminaire (Teramo, Italie): IZSAM formation Cybersecurity.
19/11/2025 (1 jour)	Séminaire (Teramo, Italie): IZSAM formation Giornata di studio del Centro di Referenza Nazionale GENPAT.
12-13/11/2025 (2 jours)	Séminaire (Parma, Italie): EFSA formation Workshop on protein safety assessments in food and feed – Alternative methods and approaches.
22-23/10/2025 (2 jours)	Séminaire (Stockholm, Suède): ECDC formation Genepi-Biotrain, Virtual Training 21: Bacterial strain taxonomy for genomic surveillance.

- 10/10/2025 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) One Health Award 2025. Nuove Geografie. (non enregistré)
- 07/11/2024 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(2 jours) Giornata di studio del CRN GenPat Genomica e sanità pubblica veterinaria: nuove frontiere e sfide.
- 12/06/2024 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) La giornata di studio del Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria monocytogenes*.
- 05/12/2023 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Giornata di studio sulla Bluetongue.
- 09-10/11/2023 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(2 jours) Giornata di studio del Centro di Referenza Nazionale GENPAT.
- 08/11/2023 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria*.
- 07/11/2023 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Campylobacter*.
- 17/02/2023 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Supporto - la nuova versione del sistema di ticketing online.
- 01/12/2022 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) La piatta forma del centro di riferimento nazionale GENPAT.
- 14/11/2022 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Campylobacter*.
- 30/11/2021 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Giornata di studio del Centro di Referenza Nazionale per Sequenze Genomiche di microrganismi patogeni: banca dati e analisi di bioinformatica (GENPAT).
- 28/10/2021 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Il Laboratorio Nazionale di Riferimento per *Listeria monocytogenes*.
- 25/10/2021 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Giornata di studio sulla Brucellosi.
- 28/09/2021 **Séminaire** (Torino, Italie): IZSTO formation
(1 jour) Microrganismi patogeni e approccio on helth: Il ruolo del laboratorio ufficiale di analisi.
- 24/06/2021 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Inquinanti Organici Persistenti Alogenati negli alimenti, nei mangimi e nell'ambiente.
- 17/06/2021 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) I risultati della ricerca corrente condotta dall'Istituto Zooprofilattico Sperimentale dell'Abruzzo e del Molise - anno 2020.
- 27/04/2021 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Giornata di studio del Centro di Referenza Nazionale per lo studio e l'accertamento delle malattie esotiche degli animali (CESME).
- 05/04/2021 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(7 jours) Verso horizon Europe: Scenarion e prospettive del nuovo programma Europeo per la ricerca e l'innovazione - Moduli 2 e 3.
- 04-12/2021 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(9 mois) The eLearning course for Food Microbial Bioinformatician - Module 3: Core-competence pathway.
- 13/04/2021 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Verso horizon Europe : Scenarion e prospettive del nuovo programma Europeo per la ricerca e l'innovazione - Modulo 1.
- 03-09/2021 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(6 mois) The eLearning course for Food Microbial Bioinformatician - Module 1: Microbiological pathway.
- 21/12/2020 **Séminaire** (Teramo, Italie): IZSAM formation
(1 jour) Il Centro per la Biologia delle Acque si racconta.

14-16/12/2020 (3 jours)	Séminaire (Teramo, Italie): IZSAM formation Workshop Annuale del Laboratorio Nazionale di Riferimento per l'Antibioticoresistenza e del Centro di Riferenza Nazionale per l'Antibioticoresistenza 2020.
2018 (4 jours)	Langage Python (Bordeaux, France) : CNRS Formation Principes de programmation, codage itératif et objet, codage collaboratif, applications BioPython.
2018 (3 jours)	Bases de données et langage SQL pour non-informaticiens (Paris, France) : ORSYS Modèle de la base de données, principales et fonctions SQL, développements de requêtes SQL.
2017-2018 (6 jours)	Statistique et langage R (Maisons-Alfort, France) : École de l'ADN Méthodes avancées de traitement des données, représentations graphiques complexes.
2015-2019 (6 jours)	Phylogénie moléculaire (Maisons-Alfort, France) : BioSciences and Co Modèles d'évolution, maximum de vraisemblance, modèles Bayésiens, horloges moléculaires.
2017 (3 jours)	Encadrement de doctorants (Maisons-Alfort, France) : Adoc Métis Analyse des risques, gestion des co-encadrements, comités de suivi, intégrité scientifique.
2017 (2 jours)	Risques biologiques, flux et alertes (Maisons-Alfort, France) : ANSES Nomenclature des risques en laboratoires, procédures d'urgence, extinction d'incendie, secours.
2006-2019 (14 ans)	Bio-informatique : gestion de donnée (Bash, Python), base de données (SQL, XML), site web (Dreamweaver, Nvu), taxonomie (Bionumerics, BioEdit, MEGA, Best, MrBayes, RAxML, IQ-Tree), statistique (R, JMP, Statgraphics), conception d'amorces et sondes moléculaires (AllelID, Beacon designer), comparaison de génomes (SPAdes, MinH, MeDuSa, GapCloser, FastQC, Integrated Genome viewer, Burrows-Wheeler Aligner, Bowtie 2, Genome Analyser Tool Kit, Picard, Samtool, UnifiedGenotyper, HalotypeCaller, MycoHit).

ÉVALUATION DU RISQUE

2025	Réserve de talents EFSA (Parme, Italie) : Scientific Officer en biologie moléculaire - EFSA/X/AD/2024/06 (valable jusqu'au 31/12/2026).
2025	Contrat d'expert EFSA (Parme, Italie) : Membre (depuis le 18/07/2025) de réunions EFSA sur les Pesticides et Micro-organismes (WG/U/PREV/2011/03) dans l'unité Pesticide peer Review (PREV) pour étudier les demandes d'approbation des substances actives microbiennes en tant que pesticides (modifiant le règlement (UE) n° 283/2013 en ce qui concerne les informations à soumettre pour les substances actives et les exigences spécifiques en matière de données pour les micro-organismes).
2024	Contrat d'expert EFSA (Parme, Italie) : Président (depuis le 21/07/2025) et Membre (depuis le 02/01/2024) du panel scientifique EFSA sur les pesticides microbiens (WG/U/PREV/2023/03-WG-PREV) dans l'unité Pesticide peer Review (PREV) pour étudier les demandes d'approbation des substances actives microbiennes en tant que pesticides (modifiant le règlement (UE) n° 283/2013 en ce qui concerne les informations à soumettre pour les substances actives et les exigences spécifiques en matière de données pour les micro-organismes).
2024	Expert présélectionné EFSA (Parme, Italie) : Membre des groupes scientifiques et du comité scientifique - EFSA/E/2023/01 (valable jusqu'au 30/06/2029).
2023	Expert présélectionné EFSA (Parme, Italie) : Support scientifique et technique - Divers profils scientifiques et de communication - EO/EFSA/2022/01 (valable jusqu'au 23/10/2027).
2021-2022 (4 mois)	Contrat d'expert EFSA (Parme, Italie) : Projet européen lié à l'appel de l'EFSA pour un soutien scientifique et technique dans les domaines de l'analyse de séquences du génome entier (EO/EFSA/SCIENCE/2020/01) visant à développer un algorithme pour définir la relation entre les seuils de liaisons simples et les seuils de distances par paires dans le cadre de l'investigation d'épidémies bactériennes à partir de données génomiques (contrat n° CT06BIOCONTAM).
2021	Expert présélectionné EFSA (Parme, Italie) : Support scientifique et technique - Divers profils scientifiques - EO/EFSA/2020/01 (valable jusqu'au 25/03/2024).

CONCEPTION, RÉALISATION ET CONDUITE DE PROJETS DE RECHERCHE

2025-2027 (12 mois)	Programme de recherche (Teramo, Italie) : Recherche courante (GENPAT-IZSAM) visant à développer des workflows analytiques pour former des modèles d'apprentissage automatique et prédire des phénotypes catégoriques et numériques sur la base de données génomiques telles que les gènes, les allèles, les variants, les kmers (grant # IZS 06/24 RC) - Conception, soumission et réalisation - Workflows Bioinformatiques et Dashboards concernant les analyses génomiques de virus et bacteria (1 Article).
2020-2023 (31 mois)	Programme de recherche (Teramo, Italie) : Projet national (GENPAT-IZSAM) lié au projet 'Livestock Environment Opendata' (LEO) visant à rassembler dans une seule base de données numérique

	toutes les informations relatives au secteur de l'élevage en Italie afin de soutenir et améliorer la qualité de la production animale tout en respectant le bien-être animal et l'environnement grâce à une information accessible facilitant l'échange, le partage et la transparence dans l'approvisionnement en bétail et la chaîne alimentaire (grant # MAFATE219) - Conception, soumission et réalisation - Workflows Bioinformatiques et Dashboards concernant les analyses génomiques de SARS-Cov2, <i>Salmonella</i> et <i>Listeria</i> (7 Articles).
2020-2022 (24 mois)	Programmes de recherche (Maisons-Alfort, France) : Collaboration européenne (plusieurs pays) du projet 'assessing determinants of the non-decreasing incidence of <i>Salmonella</i> ' (ADONIS, one health european joint project (EJP), grant #77380) - Conception, soumission et réalisation - Etude d'association pour identifier des mutations expliquant l'augmentation de <i>Salmonella</i> en Europe depuis 2014 (1 Article).
2018-2020 (28 mois)	Programmes de recherche (Maisons-Alfort, France) : Collaboration européenne (plusieurs pays) du projet 'risk and disease burden of antimicrobial resistance' (RaDAR, one health european joint project (EJP), grant #773830) - Participation aux conceptions et réalisations - Base de données exhaustives de plasmides complètement assemblés, description des populations de plasmides bactériens (1 Article).
2016-2019 (36 mois)	Programmes de recherche (Maisons-Alfort, France) : Collaboration nationale (ANSES et INRA) concernant le projet 'Méthode automatique de typage bactérien par pangéome et variants alléliques à partir de séquençage à haut débit' (grant #Typautobac) - Conception, soumission et réalisation - Études d'association et ontologie de gènes à l'échelle pangénomique, décryptage de l'adaptation à l'hôte de <i>Salmonella</i> sur la base de données de séquençage haut débit (2 Articles).
2015-2019 (41 mois)	Programmes de recherche (Maisons-Alfort, France) : Collaboration européenne (plusieurs pays) des working package 4 et 7 financées par le projet 'collaborative management platform for detection and analyses of re-emerging and foodborne outbreaks in Europe' (COMPARE, Horizon 2020, grant #643476) - Participation aux conceptions et réalisations - Installation du séquençage haut débit et de la génomique bactérienne, développement d'un outil d'assemblage <i>de novo</i> (ARTwork), développement d'un outil d'identification de variants du coregénomique (iVARcall2), installation d'un réseau LINUX d'analyse et stockage de données, formation LINUX des collègues du laboratoire, application à <i>Salmonella</i> , <i>Listeria</i> , <i>Clostridium</i> , <i>Bacillus</i> et <i>Staphylococcus</i> (9 Articles).
2014-15 (14 mois)	Subventions postdoctorales (Montréal, Canada) : Collaboration institutionnelle (plusieurs laboratoires de l'institut) financée par l'institut de recherche du centre de santé de l'université de McGill (RI MUHC) (9 000 \$ CAN net) et des fonds de recherche en santé Québec (FRQS) (30 000 \$ CAN net) dans le cadre du projet 'Tuberculosis in Nunavik' (grant #29836) - Participation aux conceptions, soumissions et réalisations - Installations et développements d'analyses en génomique bactérienne, décryptage de l'évolution de <i>Mycobacterium tuberculosis</i> causant des épidémies dans le Nunavik au Canada (2 Articles).
2011-13 (29 mois)	Subventions postdoctorales (Montréal, Canada) : Collaboration institutionnelle (plusieurs laboratoires de l'institut) financée par l'institut de recherche du centre de santé de l'université de McGill (50 250 \$ CAN net) et des fonds de recherche en santé Québec (FRQS) (60 000 \$ CAN net) dans le cadre du projet 'Tuberculosis in Nunavik' (grant #26274) - Participation aux conceptions, soumissions et réalisations - Installations et développements d'analyses en génomique bactérienne, développement d'outils pour diagnostiquer la maladie de Crohn, décryptage de la perte de virulence de <i>Mycobacterium tuberculosis</i> (2 Articles).
2007-11 (39 mois)	Allocation doctorale et monitorat d'enseignement (Marne-la-Vallée, France) : Collaboration nationale (LEESU, ENPC, Eau de Paris, APHP) financée par l'École des ponts ParisTech (65 139 € net) et l'université Paris-Est de Créteil (UPEC) (6 640 € net) dans le cadre du projet 'Sources des mycobactéries non-tuberculeuses dans les bassins versants' porté par le 'programme interdisciplinaire de recherche sur l'eau et l'environnement du bassin de la Seine' (PIREN-Seine), l'observatoire des polluants urbains (OPUR) et la ville de Paris (grant #CRECEP-STEa) - Conception, soumission et réalisation - Développement de méthodes bactériologique et moléculaire, identification des sources de <i>Mycobacterium</i> dans l'environnement, comparaison de génomes pour améliorer les cibles moléculaires (5 Articles).
2007 (6 mois)	Allocation de stage de master (Maisons-Alfort, France) : Collaboration nationale (INRA et AFSSA) financée par le 'veterinary network of laboratories researching into improved diagnosis and epidemiology of mycobacterial diseases' (VENoMYC), l'INRA et l'AFSSA (grant #AIP P00297) - Réalisation - Description de la diversité génétique par typage moléculaire conventionnel, association de la spécificité d'hôte de <i>Mycobacterium avium</i> (1 Article).

COLLABORATIONS ET PARTENARIATS SCIENTIFIQUES

Période	Recherche de partenaires	Établissement de partenariats	Montage de conventions
2015-2019 (5 ans)	Partenariats pour développer des analyses en génomiques appliquées à <i>Salmonella</i> , <i>Listeria</i> , <i>Staphylococcus</i> , <i>Bacillus</i> et <i>Clostridium</i>	INRA-ANSES (M.Y. Mistou) INRA (M. Mariadassou) INRA (H. Chiapello) INRA (P. Velge)	Convention ANSES-INRA Typautobac (Méthode automatique de typage bactérien par pangénome et variants alléliques à partir de séquençage à haut débit)
2011-2015 (5 ans)	Partenariats pour étudier des épidémies humaines de <i>Mycobacterium tuberculosis</i> dans le Nunavik	RI MUHC (M.A. Behr, M.B. Reed) VirginiaTech (J.O. Falkinham) Paris Sud (C. Sola)	Institut de recherche du centre de santé de l'université de McGill (RI MUHC) et fonds de recherche en santé Québec (FRQS)
2007-2011 (5 ans)	Partenariats pour étudier les sources des mycobactéries non-tuberculeuses dans les bassins versants	LEESU (F. Lucas, R. Moilleron) Eau de Paris (L. Moulin) CNR Mycobactéries (E. Cambau) AFSSA-UZB (M.L. Boschirol)	Programme interdisciplinaire de recherche sur l'eau et l'environnement du bassin de la Seine (PIREN-Seine) et observatoire des polluants urbains (OPUR)

ENCADREMENTS D'ÉTUDIANTS

Période	Niveau	Mois	Stagiaire	Nat.	Thématique (École - Université)	Taux (%)	Articles
2021-22	PhD	24	Madeleine De Sousa Violante	FR	Développements de phylogénies (École Doctorale ABIES)	100	2
2020	Master	6	Lilian Yang	FR	Étude d'association avec <i>Salmonella</i> (Biologie Informatique - Paris Diderot)	100	0
2017-2019	PhD	36	Méryl Vila Nova	FR	Génomique bactérienne (École Doctorale ABIES)	100	1
2019	Master 2	6	Marie-Noel Mansour	LB	Phylogénie des <i>Salmonella</i> (Chimie alimentaire - St. Joseph de Beyrouth)	100	0
2018	Master 2	6	Kévin La	FR	Étude d'association large de génomes (Biologie Informatique - Paris Diderot)	100	1
2018	PhD	12	Lena Frisch	DE	Bio-informatique et rédaction (École Doctorale ABIES)	20	1
2017-2018	PhD	48	Abakabir-Mahamat	TD	Bio-informatique appliquée à <i>Clostridium</i> (École Doctorale ABIES)	40	1
2017-2018	PhD	36	Yann Sévellec	FR	Bio-informatique appliquée à <i>Salmonella</i> (École Doctorale ABIES)	40	3
2016	Master 2	6	Méryl Vila Nova	FR	Algorithme de détection de variants fixés (Génomique Inform. Mathém. Santé - Paris Saclay)	100	1
2015	Licence 2	1	Audrey Artignan	FR	Littérature sur les taux d'évolution (Génétique Humaines - Univ. Collège de London)	100	0
2013-14	PhD	24	Robyn S. Lee	CA	Phylogénie et identification de SNPs (Épidémiologie - Université McGill)	20	2
2014	Master 1	6	Trevor Tarakjian	CA	Gestion des données haut-débit (Épidémiologie - Université McGill)	15	0
2013	Master 1	6	Andrei Dan	RO	Méthode de détection de <i>Leifsonia</i> (Épidémiologie - Université McGill)	40	0
2012	Licence 1	3	Jeremy Dabor	CA	Extraction d'ADN mycobactériens (Épidémiologie - Université McGill)	10	0
2011	Médecine	24	Louis Kreitmann	FR	Travaux en laboratoire (Médecine - Université de Lille)	10	1
2010	Master 1	6	Yacine Boudali	AG	Quantification de <i>Mycobacterium</i> (Sciences Génie Env. - Université Créteil)	80	0
2009	Master 2	6	Laetitia Betelli	FR	Quantification de <i>E. coli</i> et <i>Enterococcus</i> (Sciences Génie Env. - Université Créteil)	20	1

ANIMATION DE LA RECHERCHE

Co-organisation de séminaires

Période	Laboratoire - Institut	Sujet	Fréquence
2007-11	GAMeR - LSAL - ANSES	Débat autour de la bio-informatique et de la génomique (DEBUG) ouvert en interne et externe de l'agence	3-4 mois
2011-15	Behr Lab - RI MUHC	Séminaire de laboratoire sur le avancées des travaux de différentes unités de recherche de l'institut	2-3 mois
2007-11	LEESU - UMR MA102	Représentant des doctorants, en charge des séminaires de doctorant et rapports de conclusions des conseils de laboratoire	3-4 mois

Appartenance à des sociétés savantes

Société française de bio-informatique (SFBI).
Société chimique américaine (ACS).
Société française de microbiologie (SFM).
Société française de mycobactériologie (Mycoclub).
Association française d'écologie microbienne (AFEM).

Organisation de comités de thèse

Membres des deux comités de thèse de la doctorante Méryl Vila Nova (2017 et 2018) :

Hélène Chiapello (INRA, Unité de mathématiques et informatique appliquées, Toulouse).
Arnaud Felten (ANSES, Génome analyse Modélisation risque, Maisons-Alfort).
Valentin Loux (INRA, Plateforme de bio-informatique MIGALE, Jouy-en-Josas).
Philippe Velge (INRA, Infectiologie et santé publique, Nouzilly).
Daniel Wilson (John Radcliffe Hospital, Microbiology department, Oxford).

Membre de jurys de thèse de Doctorat

Année	Rôle	Étudiant en thèse	Université	Sujet de thèse
2019	Examineur	Damien Richard	Université de La Réunion	Adaptation génomique de <i>Xanthomonas citri</i> pv. <i>citri</i>
2018	Examineur	Franck Cerutti	Université de Toulouse III - Paul Sabatier	Dynamiques d'évolution de <i>Listeria monocytogenes</i>

Membre de comités de thèse de Doctorat

Période	Nombre	Étudiant en thèse	Université	Sujet de thèse
2017-2018	2	Maëllys Kevin	Paris-Est (UPE)	Diversité génomique de <i>Francisella tularensis</i> d'origine humaine et animale

Critique éditorial pour des journaux scientifiques

Microbial Genomics (1 éval. depuis 2019).
Frontiers in Microbiology (2 éval. depuis 2018).
Infection, Genetics and Evolution (1 éval. depuis 2015).
Environmental Science and Technology (1 éval. depuis 2014).
Diagnostic Microbiology and Infectious Disease (2 éval. depuis 2014).
PLoS One (5 éval. depuis 2013).
Journal of Clinical Microbiology (12 éval. depuis 2012).
Applied and Environmental Microbiology (4 éval. depuis 2011).
Journal of Environmental Science and Health (2 éval. depuis 2011).
International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (2 éval. depuis 2011).
Letters in Applied Microbiology (5 éval. depuis 2011).
Journal of Applied Microbiology (2 éval. depuis 2011).
Journal of Medical Microbiology, section Clinical Microbiology and Virology (2 éval. depuis 2010).

SÉJOURS DE COURTE DURÉE DANS DES LABORATOIRES DE RECHERCHE

2010 (3 mois) **Subvention de mobilité internationale** (Marne-la-Vallée, France) : Collaboration internationale (École des ponts ParisTech et institut polytechnique de virginie) financée par l'université Paris-Est (5 000 € net) dans le cadre du projet 'Sources des mycobactéries non-tuberculeuses dans les bassins versants' - Conception, soumission et réalisation - Transfert technologique d'une méthode de quantification moléculaire de *Mycobacterium* dans l'environnement (1 Chapitre de livre).

PARTICIPATION À DES CONGRÈS COMME AUDITEUR

Genome microbial identifier #14 (GMI): September 04 to 06, 2024 in Barcelona (Spain).
Printemps des territoires : 6 juin 2019 à Paris (France).
Genome microbial identifier #11 (GMI) : 18 au 20 mars 2018 à Genève (Suisse).
Pathobiome 2018 : 18 au 20 mars 2018 à Ajaccio (France).
Genome microbial identifier #10 (GMI) : 15 au 17 mai 2017 à Cabo San Lucas (Mexique).
Genome microbial identifier #11 (GMI) and Food and Agriculture Organization : 24 au 27 avril 2016 à Rome (Italie).
Pathobiome 2015 : 24 au 26 juin 2015 à Maisons-Alfort (France).

ENSEIGNEMENTS

Année	Location (projet)	Niveau	Nature	Discipline	Volume (eq. TD)
2024	Tunis (FiraBiot/WOAH)	Professionnels	TP	Codage en bioinformatique	35
2020	Teramo (IZSAM/LEGO)	Master	TP	Codage en bioinformatique	24
2015	Champs (ENPC)	Ingénierie	TP-TD	Workflow bio-informatique	16 h
2010	Créteil (IUT)	Licence	TP-TD	Microbiologie médicale	64 h
2009	Champs (ENPC)	Master	Cours	Outils analytiques en épidémiologie	3 h
2009	Créteil (IUT)	Licence	TP	Microbiologie générale	64 h
2008	Créteil (IUT)	Licence	TP	Microbiologie générale	30 h

VALORISATION DE LA RECHERCHE

Publications internationales

Khemiri H., Lorusso A., Ayouni K., **Radomski N.**, Khaled M.B., Mangone I., Di Pasquale A., Cammà C., Ben Fraj I., Mekki N., Meftah K., Souiai O., Ben Mustapha I., Rekaya S., Touzi H., Sadraoui A., Meddeb Z., Hogga N., Smaoui H., Barbouche M.R., Ouederni M., Gdoura M., Triki H. and S. Haddad-Boubaker. Intra-host diversity of SARS-CoV-2 in children with long-term and short-term excretion in nasopharyngeal samples. 2025, BMC Infectious Diseases, 25(1): 1491. doi: 10.1186/s12879-025-11759-9 (IF 2024: 3.0).

de Ruvo A., Castelli P., Bucciacchio A., Mangone I., Mixão V., Borges V., **Radomski N.** and Di Pasquale A. cgDist: An Enhanced Algorithm for Efficient Calculation of pairwise SNP and InDel differences from Core Genome Multilocus Sequence Typing. 2025, bioRxiv, doi: 10.1101/2025.10.16.682749 (preprint server).

de Ruvo A., Castelli P., Bucciacchio A., Mangone I., Mixão V., Borges V., **Radomski N.** and Di Pasquale A. Supplementary Data of "cgDist: An Enhanced Algorithm for Efficient Calculation of pairwise SNP and InDel differences from Core Genome Multilocus Sequence Typing". 2025, Zenodo, doi: 10.5281/zenodo.17285517 (repository server).

Mixão V., Pinto M., Brendebach H., Sobral D., Dourado Santos J., **Radomski N.**, Majgaard Uldall A.S., Bomba A., Pietsch M., Bucciacchio A., de Ruvo A., Castelli P., Iwan E., Simon S., Coipan C.E., Linde J., Petrovska L., Sommer Kaas R., Grimstrup Joensen K., Holtsmark Nielsen S., Kiil K., Lagesen K., Di Pasquale A., Gomes J.P., Deneke C., Tausch S.H. and Borges V. Multi-country and intersectoral assessment of cluster congruence between pipelines for genomics surveillance of foodborne pathogens. 2025, Nature Communications, 16(3961): 1-27, doi: 10.1038/s41467-025-59246-8 (IF 2023: 14.7).

Puglia I., Caporale M., Mangone I., Petrova T., Castelli P., **Radomski N.**, De Ruvo A., Di Pasquale A. and Lorusso A. Analysis of zoonotic mutations of avian influenza viruses. 2024, Zenodo, doi: 10.5281/zenodo.14024885 (preprint server).

Mixão V., Pinto M., Brendebach H., Sobral D., Santos J.D., **Radomski N.**, Majgaard Uldall A.S., Bomba A., Pietsch M., Bucciacchio A., de Ruvo A., Castelli P., Iwan E., Simon S., Coipan C.E., Linde J., Petrovska L., Sommer Kaas R., Grimstrup Joensen K., Holtsmark Nielsen S., Kiil K., Lagesen K., Di Pasquale A., Gomes J.P., Deneke C., Tausch S.H. and Borges V. Multi-country and intersectoral assessment of cluster congruence between different bioinformatics pipelines for genomics surveillance of foodborne bacterial pathogens. 2024, medRxiv, doi: 10.1101/2024.07.24.24310933 (preprint server).

De Ruvo A., De Luca A., Bucciacchio A., Castelli P., Di Lorenzo A., **Radomski N.** and Di Pasquale A. SPREAD: Spatiotemporal Pathogen Relationships and Epidemiological Analysis Dashboard. 2024, Veterinaria Italiana, 60(4): 1-13, doi 10.12834/VetIt.3476.23846.1 (IF 2021: 1.434).

Castelli P., De Ruvo A., Bucciacchio A., D'Alterio N., Cammà C., Di Pasquale A. and **Radomski N.** Harmonization of supervised machine learning practices for efficient source attribution of *Listeria monocytogenes* based on genomic data. 2023, BMC Genomics, 24(560): 1-19, doi: 10.1186/s12864-023-09667-w (IF 2022: 4.558).

De Sousa Violante M., Michel V., Romero K., Bonifait L., Baugé L., Perrin-Guyomard A., Feurer C., **Radomski N.**, Mallet L., Mistou M.Y. and Cadel-Six S. Tell me if you prefer bovine or poultry sectors and I'll tell you who you are:

- Characterization of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serovar Mbandaka in France. 2023, *Frontiers in Microbiology*, 14(1): 1-9, doi.org/10.3389/fmicb.2023.1130891 (IF 2022: 6.064).
- Di Lorenzo A., Mangone I., Colangeli P., Cioci D., Curini V., Vincifori G., Mercante M. T., Di Pasquale A., **Radomski N.** and Iannetti S. One health system supporting surveillance during COVID-19 epidemic in Abruzzo region, southern Italy. 2023, *One Health*, 16(100471): 1-9, doi: 10.1016/j.onehlt.2022.100471 (IF 2022: 8.280).
- De Sousa Violante M., Podeur G., Michel V., Guillier L., **Radomski N.**, Lailier R., Le Hello S., Weill F.X., Mistou M.Y. and Ludovic M. A retrospective and regional approach assessing the genomic diversity of *Salmonella* Dublin. 2022, *NAR Genomics and Bioinformatics*, 4(3): 1-10, doi.org/10.1093/nargab/lqac047 (IF 2022: under evaluation).
- Félix B., Sevellec Y., Palma F., Douarre P.E., [...], **Radomski N.** [...], Leblanc J.C., Guillier L. and Roussel S. A European-wide dataset to uncover adaptive traits of *Listeria monocytogenes* to diverse ecological niches. 2022, *Scientific Data*, 9(1): 1-12, doi: 10.1038/s41597-022-01278-6 (IF 2020: 6.444).
- Palma F., Mangone I., Janowicz A., Moura A., Chiaverini A., Torresi M., Garofolo G., Criscuolo A., Brisse S., Di Pasquale A., Cammà C. and **Radomski N.** *In vitro* and *in silico* parameters for precise cgMLST typing of *Listeria monocytogenes*. 2022, *BMC Genomics*, 23(235): 1-24, doi: 10.1186/s12864-022-08437-4 (IF 2021: 3.969).
- Di Pasquale A., **Radomski N.**, Mangone I., Calistri P., Lorusso A. and Camma C. SARS-CoV-2 surveillance in Italie through phylogenomic inferences based on Hamming distances derived from pan-SNPs, -MNP and -InDels. 2021, *BMC Genomics*, 22(1): 782, doi: 10.1186/s12864-021-08112-0 (IF 2020: 3.969).
- Di Pasquale A., **Radomski N.**, Mangone I., Calistri P., Lorusso A. and Camma C. SARS-CoV-2 surveillance in Italie through phylogenomic inferences based on Hamming distances derived from functional annotations of SNPs, MNPs and InDels. 2021, medRxiv, doi: 10.1101/2021.05.25.21257370.
- Palma F., **Radomski N.**, Guérin A., Sévellec Y., Félix B., Bridier A., Soumet C., Roussel S. and L. Guillier. Genomic elements located in the accessory repertoire drive the adaptation to biocides in *Listeria monocytogenes* strains from different ecological niches. 2021, *Food Microbiology*, 103757(1): 1-11, doi: 10.1016/j.fm.2021.103757 (IF 2021: 5.516).
- Bonis M., Felten A., Payraud S., Dijoux A., Mallet L., **Radomski N.**, Mistou M.Y., Firmesse O., Hennekinne J.A. and S. Herbin. Comparative phenotypic, genotypic and genomic analyses of *Bacillus thuringiensis* associated with foodborne outbreaks in France. 2021, *PLoS ONE*, 16(2): e0246885, doi: 10.1371/journal.pone.0246885 (IF 2020: 6.220).
- Mansour M.N., Yaghi J., El Khoury A., Felten A., Mistou M.Y., Atoui A. and **N. Radomski**. Prediction of *Salmonella* serovars isolated from clinical and food matrices in Lebanon and genomic-based investigation focusing on Enteritidis serovar. 2020, *International Journal of Food Microbiology*, 333(16): 108831, doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108831 (IF 2019: 4.187).
- Douarre P.E., Mallet L., **Radomski N.**, Felten A. and M.Y. Mistou. Analysis of COMPASS, a new comprehensive plasmid database revealed prevalence of multireplicon and extensive diversity of IncF plasmids. 2020, *Frontiers in Microbiology*, 11(483): 1-15, doi: 10.3389/fmicb.2020.00483 (IF 2018 : 4.193).
- Palma F., Brauge T., **Radomski N.**, Mallet L., Felten A., Mistou M.Y., Brisabois A., Guillier L. and G. Midelet-Bourdin. Dynamics of mobile genetic elements of *Listeria monocytogenes* persisting in ready-to-eat seafood processing plants in France. 2020, *BMC Genomics*, 21(1): 130, doi: 10.1186/s12864-020-6544-x (IF 2017 : 3.730).
- Vila Nova M., Durimel K., La K., Felten A., Bessières P., Mistou M.Y., Mariadassou M. and **N. Radomski**. Genetic and metabolic signatures of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* associated with animal sources at the pangenomic scale. 2019, *BMC Genomics*, 20(1): 814, doi: 10.1186/s12864-019-6188-x (IF 2017 : 3.730).
- Radomski N.** †, Cadel-Six S. † († **equal contribution**), Cherchame E., Felten A., Barbet P., Palma F., Mallet L., Le Hello S., Weill F.X., Guillier L. and M.Y. Mistou. A simple and robust statistical method to define genetic relatedness of samples related to outbreaks at the genomic scale - Application to retrospective *Salmonella* foodborne outbreak investigations. 2019, *Frontiers in Microbiology*, 10(2413): 1-13, doi: 10.3389/fmicb.2019.02413 (IF 2017 : 4.019).
- Abakabir Mahamat A., **Radomski N.**, Delannoy S., Djellal S., Lenegrade M., Hadjab K., Fach P., Hennekinne J.A., Mistou M.Y. and O. Firmesse. Large-scale genomic analyses and toxinotyping of *Clostridium perfringens* implicated in foodborne outbreaks in France. 2019, *Frontiers in Microbiology*, 10(777): 1-14, doi: 10.3389/fmicb.2019.00777 (IF 2017 : 4.019).
- Sévellec Y., Felten A., **Radomski N.**, Granier S.A., Le Hello S., Petrovska L., Mistou M.Y. and S. Cadel-Six. Genetic diversity of *Salmonella* Derby from poultry sector in Europe. 2019, *Pathogens*, 8(2): piiE46, doi: 10.3390/pathogens8020046 (IF 2019 : 3.520).
- Fritsch L., Felten A., Palma F., Mariet J.F., **Radomski N.**, Mistou M.Y., Augustin J.C. and L. Guillier. Insights from genome-wide approaches to identify variants associated to phenotypes at pan-genome scale: Application to *L. monocytogenes* ability to grow in cold conditions. 2018, *International Journal of Food Microbiology*, 291(16): 181-

188, doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2018.11.028 (IF 2017 : 3.451).

Sévellec Y., Vignaud M.L., Granier S.A., Lailier R., Feurer C., Hello S.L., Mistou M.Y. and S. Cadel-Six (acknowledgment Guillier L. and **Radomski N.**). Polyphyletic nature of *Salmonella enterica* serotype derby and lineage-specific host-association revealed by genome-wide analysis. 2018, Frontiers in Microbiology, 9(891): 1-13, doi.org/10.3389/fmicb.2018.00891 (IF 2017 : 4.019).

Sévellec Y., Granier S.A., **Radomski N.**, Felten A., Le Hello S., Feurer C., Mistou M.Y. and S. Cadel-Six. Complete genome sequence of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* serotype Derby, associated with the pork sector in France. 2018, Microbiology Resource Announcements, 7(12): e01027-18, doi: 10.1128/MRA.01027-18 (IF 2017 : 1.180).

Felten A., Vila Nova M., Durimel K., Guillier L., Mistou M.Y. and **N. Radomski**. First gene-ontology enrichment analysis based on bacterial coregenome variants: insights into adaptations of *Salmonella* serovars to mammalian- and avian-hosts. 2017, BMC Microbiology, 17(222): 1-20, doi.org/10.1186/s12866-017-1132-1 (IF 2015 : 2.960).

Henri C., Leekitcharoenphon P., Carleton H.A., **Radomski N.**, Kaas R.S., Mariet J.F., Felten A., Aarestrup F.M., Smidt P.G., Roussel S., Guillier L., Mistou M.Y. and R.S. Hendriksen. An assessment of different genomic approaches for inferring phylogeny of *Listeria monocytogenes*. 2017, Frontiers Microbiology, 8(2351): 1-13, doi.org/10.3389/fmicb.2017.02351 (IF 2016 : 4.076).

Felten A., Guillier L., **Radomski N.**, Lailier R., Mistou M.Y. and S. Cadel-Six. Genome Target Evaluator (GTEvaluator): a workflow exploiting genome dataset to measure the sensitivity and specificity of genetic markers. 2017, PLoS ONE, 12(7): e0182082, doi: 10.1371/journal.pone.0182082 (IF 2015 : 4.411).

Lee R.S. †, **Radomski N.** † († **equal contribution**), Proulx J.F., Levade I., Shapiro B.J., McIntosh F., Soualhia H., Menzies D. and M.A. Behr. Population genomics of *Mycobacterium tuberculosis* in the Inuit. 2015, Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, PNAS, 112(44): 13609-13614, doi: 10.1073/pnas.1507071112 (IF 2014 : 9.674).

Wang J., McIntosh F., **Radomski N.**, Dewar K., Simeone R., Enninga J., Brosch R., Rocha E.P., Veyrier F.J. and M.A. Behr. Insights on the emergence of *Mycobacterium tuberculosis* from the analysis of *Mycobacterium kansasii*. 2015, Genome Biology and Evolution, 7(3): 856-870, doi: 10.1093/gbe/evv035 (IF 2013 : 4.532).

Lee R.S. †, **Radomski N.** † († **equal contribution**), Proulx J.F., Manry J., McIntosh F., Desjardins F., Soualhia H., Domenech P., Reed M.B., Menzies D. and M.A. Behr. Re-emergence and amplification of tuberculosis in the Canadian Arctic. 2015, Journal of Infectious Diseases, pii(jiv011): 1-10, doi: 10.1093/infdis/jiv011 (IF 2013 : 5.778).

Domenech P., Rog A., Moolji J., **Radomski N.**, Fallow A., Leon-Solis L., Bowes J., Behr M.A. and M.B. Reed. The origins of a 350-kilobase genomic duplication in *Mycobacterium tuberculosis* and its impact on virulence. 2014, Infection and Immunity, 82(7): 2902–2912, doi 10.1128/IAI.01791-14 (IF 2012 : 4.074).

Radomski N., Roguet A., Lucas F.S., Veyrier F.J., Cambau E., Accrombessi H., R. Moilleron, Behr M.A. and L. Moulin. *atpE* gene as a new useful specific molecular target to quantify *Mycobacterium* in environmental samples. 2013, BMC Microbiology, 13(277): 1-12, doi: 10.1186/1471-2180-13-277 (IF 2012 : 3.104).

Radomski N., Kreitmann L., McIntosh F. and M.A. Behr. The critical role of DNA extraction for detection of mycobacteria in tissues. 2013, PLoS ONE, 8(10): e78749, doi: 10.1371/journal.pone.0078749 (IF 2012 : 3.703).

Radomski N., Betelli L., Moilleron R., Haenn S., Moulin L., Cambau E., Rocher V., Gonçalves A. and F.S. Lucas. *Mycobacterium* behavior in wastewater treatment plant, a bacterial model distinct from *Escherichia coli* and enterococci. 2011, Environmental Science & Technology, 45(12), 5380–5386, doi: 10.1021/es104084c (IF 2009 : 4.630).

Radomski N., Lucas F.S., Moilleron R., Cambau E., Haenn S. and L. Moulin. Development of a real-time qPCR method for detection and enumeration of *Mycobacterium* spp. in surface water. 2010, Applied and Environmental Microbiology, 76(21), 7348-7351, doi: 10.1128/AEM.00942-10 (IF 2009 : 3.686).

Radomski N., Cambau E., Moulin L., Haenn S., Moilleron R. and F.S. Lucas. Comparison of culture methods for isolation of nontuberculous mycobacteria from surface waters. 2010, Applied and Environmental Microbiology, 76(11), 3514-3520, doi: 10.1128/AEM.02659-09 (IF 2009 : 3.686).

Radomski N., Thibault V.C., Karoui C., de Cruz K., Cochard T., Gutiérrez C., Supply P., Biet F. and M.L. Boschioli. Genotypic diversity of *Mycobacterium avium* subspecies from human and animal origins, studied by MIRU-VNTR and IS1311 RFLP typing methods. 2010, Journal of Clinical Microbiology, 48(4), 1026-1034, doi: 10.1128/JCM.01869-09 (IF 2009 : 4.162).

Midelet-Bourdin G., Copin S., Leleu G. and P. Malle (acknowledgment Céline Sart, Mylène Gobert, **Nicolas Radomski** and Rémi Cappelaere). Determination of *Listeria monocytogenes* growth potential on new fresh salmon preparations. 2010, Food Control, 21(10), 1415-1418, https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2010.03.009 (IF 2010 : 2.812).

Publications nationales

Radomski N. La génomique bactérienne en appui à la santé publique. Habilitation à diriger des recherches (HDR) en sciences du vivant. Soutenance : 13 mars 2020 sous la direction de Anne Brisabois et Michel-Yves Mistou - Université Paris-Est (UPE), doi: 10.13140/RG.2.2.10547.99362.

(<http://www.nicolas-radomski.net/pdf/HDR-2020-Nicolas-Radomski.pdf>).

Radomski N. Sources des mycobactéries non-tuberculeuses dans les bassins versants. Thèse de doctorat en sciences et techniques de l'environnement. Soutenance : 28 février 2011 sous la direction de Régis Moilleron - Université Paris-Est (UPE), doi: 10.13140/2.1.3436.6401.

(<http://www.nicolas-radomski.net/pdf/PhD-2011-Nicolas-Radomski.pdf>).

Communications orales

‡**Radomski N.** Genomic data-based machine learning for source attribution of foodborne pathogens (EN): Online webinar of Whole-Genome Sequencing for Food Safety (WGSFS 2025): November 20, 2025 through pre-recorded video lectures (Estonia).

‡**Radomski N.** The use of bioinformatics from basic to advanced methods (EN): Consultancy Meeting to Design Linux and Galaxy Workflows for AMR Gene Characterization (Joint FAO/IAEA Center): August 5-7, 2025 through online lectures in Vienna (Austria).

‡**Radomski N.** The GENPAT microbial genomics platform for monitoring and investigating outbreaks (FR): 4^{ème} Congrès International, 14^{ème} Journée de la Société Algérienne de Microbiologie Clinique (SAMiC): May 31 – June 01, 2025 in Alger (Algeria).

*‡**Radomski N.**, De Ruvo A., Bucciachio A., De Luca A., Barbasch C.N., Mangone I., Ferrilli M. and Di Pasquale A. How to use large language models and machine learning for improving One Health (EN): 35th Congress of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases (ESCMID Global 2025, ME061 - Hall 3): April 11-15, 2025 in Vienna (Austria).

‡de Ruvo A., De Luca A., Bucciachio A., Castelli C., **Radomski N.** and Di Pasquale A. Integrating quasi real-time data analytics in public health: The dual application of SPREAD for surveillance of viruses and bacteria (EN): 9th International Conference on Emerging Zoonoses: June 9-12, 2024 in Palermo (Italy).

‡Castelli P., De Ruvo A., Bucciachio A., D'Alterio N., Cammà C., Di Pasquale A., **Radomski N.** Harmonization of supervised machine learning practices for efficient source attribution of *Listeria monocytogenes* based on genomic data (EN): Annual congress of the National Reference Laboratory for *Listeria monocytogenes*: November 08, 2023 in Teramo (Italy).

*‡**Radomski N.** (Chairman) Highly precise cgMLST typing of *Listeria monocytogenes*. 2023: 8th Conference on Innovations in Nutrition and Food Science: September 07-08, 2023 in Rome (Italy).

‡**Radomski N.** Microbial genomics analyses at the Italian National Reference Centre. 2022: 23th Iran's International Congress of Microbiology: August 30 - September 01, 2022 in Tehran (Iran).

‡**Radomski N.** *In vitro* and *in silico* parameters for precise cgMLST typing of *Listeria monocytogenes*. 2022: Workshop about microbial genome sequencing and genomics analyses in the RAZI Vaccine and Serum Research Institute: September 03 - 04, 2022 in Tehran (Iran).

‡**Radomski N.** SARS-CoV-2 surveillance in Italy through phylogenomic inferences based on Hamming distances derived from pan-SNPs, -MNP and -InDels. 2022: Workshop about microbial genome sequencing and genomics analyses in the RAZI Vaccine and Serum Research Institute: September 03 - 04, 2022 in Tehran (Iran).

‡Palma F., Mangone I., Janowicz A., Moura A., Chiaverini A., Torresi M., Garofolo G., Criscuolo A., Brisse S., Di Pasquale A., Cammà C. and **Radomski N.** *In vitro* and *in silico* parameters for precise cgMLST typing of *Listeria monocytogenes*. 2022: Seminar on Whole Genomic Sequencing of microbial pathogens: June 24, 2022 in Teramo (Italy).

*‡Palma F., Mangone I., Janowicz A., Moura A., Chiaverini A., Torresi M., Garofolo G., Criscuolo A., Brisse S., Di Pasquale A., Cammà C. and **Radomski N.** Core genome MLST precision of *Listeria monocytogenes* typing through wet- and dry-lab parameters. 2022: One Health EJP Annual Scientific Meeting: April 11-13, 2022 in Orvieto (Italy).

*‡**Radomski N.**, Di Pasquale A. and Cammà C. One Health Structure In Europe For Omics-based Surveillance: ASM Microbe 2022: June 9-13, 2022 in Washington (USA).

*‡Palma F., Mangone I., Janowicz A., Moura A., Chiaverini A., Torresi M., Garofolo G., Criscuolo A., Brisse S., Di Pasquale A., Cammà C. and **Radomski N.** *In vitro* and *in silico* parameters influencing cgMLST precision for *Listeria monocytogenes* typing (EN): Centro di Riferenza Nazionale per Sequenze Genomiche di microrganismi patogeni: banca dati e analisi Bioinformatica: November 30, 2021 in Teramo (Italy).

*Palma F., Mangone I., Janowicz A., Moura A., Chiaverini A., Torresi M., Garofolo G., Criscuolo A., Brisse S., Pasquale A.D., Cammà C. and **Radomski N.** *In vitro* and *in silico* parameters for precise cgMLST typing: a guide towards global surveillance of *Listeria monocytogenes* (EN): Annual congress of the National Reference Laboratory for *Listeria monocytogenes*: October 28, 2021 in Teramo (Italie).

*Mangone I., **Radomski N.**, Pasquale A.D., Santurbano A., Calistri P., Cammà C. and Maassen K. Refinement of the COHESIVE Information System towards a unified ontology of food terms for the public health organizations (EN): 2nd Integrated Food Ontology Workshop, held at JOWO 2021: Episode VII The Bolzano Summer of Knowledge: September 11 to 18, 2021 in Bolzano (Italie).

***Radomski N.** Congruence of genomics contents between *Salmonella* Enterica from Lebanon and other countries (EN): Centro di Referenza Nazionale per Sequenze Genomiche di microrganismi patogeni: banca dati e analisi Bioinformatica: November 25, 2020 online.

Radomski N., Cadel-Six S., Cherchame E., Felten A., Barbet P., Vignaud M.L., Mallet L., Le Hello S., L. Guillier and M.Y. Mistou. A simple and robust statistical method to define genetic relatedness of samples related to outbreaks at the genomic scale - Application to retrospective *Salmonella* foodborne outbreak investigations (EN): One Health European Joint Programme (OHEJP) Webinar on practical use of NGS: April 29, 2020 online.

Douarre P.E., Mallet L., **Radomski N.**, Felten A. et M.Y. Mistou. Global analysis of beta-lactams resistant plasmids (EN): 15^e congrès national de la société française de microbiologie (SFM): 30 septembre au 2 octobre 2019 à Paris (France).

*Vila Nova M., Durimel K., La K., Felten A., Bessièrès F., Mistou M.Y., Mariadassou M. et **N. Radomski.** Adaptation to animal sources of *Salmonella enterica* subsp. *enterica* at the pangenomic scale (EN): Food Safety WGS: 26 au 28 mars 2019 à Paris (France) et IWBBIO: 9 au 10 mai 2019 à Grenade (Espagne) et JOBIM : 2 au 5 juillet 2019 à Nantes (France).

Radomski N., Cadel-Six S., Cherchame E., Felten A., Barbet P., Vignaud M.L., Mallet L., Le Hello S., L. Guillier et M.Y. Mistou. A simple and robust statistical method to define genetic relatedness of samples related to outbreaks at the genomic scale - Application to retrospective *Salmonella* foodborne outbreak investigations (EN): COMPARE general meeting (Work packages WP4 et WP7): 27 février au 01 mars 2019 à Lyngby (Danemark).

Felten A., Vila Nova M., Durimel K., Guillier L., Mistou M.Y et **N. Radomski.** Metabolic processes mainly impacted by fixed coregenome variants during adaptations of *Salmonella* serovars to mammalian- and avian-hosts (EN): COMPARE meeting (Work packages WP4 et WP7): 22 au 23 mai 2018 à l'institut Robert Koch de Wernigerode (Allemagne).

***Radomski N.**, Cadel-Six S., Cherchame E., Hello S.L., Guillier L. et M.Y. Mistou. Foodborne outbreak (FBO) investigations: Is there a faster method than growing a tree? (EN): COMPARE general meeting (Work packages WP4 et WP7) : 28 février au 2 mars 2018 à Lyngby (Danemark).

Radomski N. Développements Bio-informatiques : Génomique bactérienne à l'ANSES et premiers résultats COMPARE sur *Salmonella* Typhimurium en France (EN) : Réunion générale COMPARE (Work packages WP4 et WP7) : 1 au 2 mars 2017 à Rotterdam (Pays-Bas).

***Radomski N.** Lee R.S. et M.A. Behr. Inférence de l'évolution *in natura* de *Mycobacterium tuberculosis* pendant un siècle de transmissions (EN) : Phylogénie Intégrative du 1^{er} Congrès "Réseau de Systématique / Muséum national d'Histoire naturelle" (R-Syst / MNHN) : 12 au 14 septembre 2015 in Versailles-Grignon (France).

Radomski N., Lee R.S. et M.A. Behr. Évolution de *Mycobacterium tuberculosis* pendant un siècle de transmissions (EN) : DEBUG-5 de l'agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail : 10 septembre 2015 à Maisons-Alfort (France).

Radomski N., Lee R.S., Proulx J.F., McIntosh F., Soualhine H., Domenech P., Reed M., Menzies D., et M. A. Behr. Diversité, évolution et distribution de *Mycobacterium tuberculosis* au Nunavik (EN) : Centre international sur la tuberculose de McGill : 18 juin 2014 à Montréal (Canada).

Radomski N. et M.A. Behr. Identification à l'aveugle de SNPs par séquençage haut débit de génomes : Description d'épidémie(s) de tuberculose chez les Inuits (EN) : Centre international sur la tuberculose de McGill : 15 janvier 2014 à Montréal (Canada).

Radomski N. et M.A. Behr. Le rôle critique de l'extraction d'ADN pour la détection des mycobactéries dans les tissus (EN) : 1^{ère} Journée annuelle des jeunes chercheurs du centre international sur la tuberculose de McGill : 19 juin 2013 à Montréal (Canada).

Radomski N. Écologie, Physiologie, Évolution, Épidémiologie et interactions hôte-bactérie d'Actinobacteria pathogènes majeures: Les mycobactéries (FR) : Séminaire de laboratoire à UMR 7267 Écologie et biologie des interactions, Équipe microbiologie de l'eau de l'université de Poitiers : 14 mai 2013 à Poitiers (France).

Radomski N. et M.A. Behr. Quantification de *Mycobacterium avium* spp. *paratuberculosis* (MAP) dans des tissus : extraction d'ADN, PCR en temps-réel versus méthode de culture (EN) : 5^{ème} réunion Canadienne annuelle sur MAP : 11 au 13 octobre 2012 à Banff (Canada).

Radomski N. Écologie, physiologie, évolution, et interactions hôtes-pathogène d'Actinobactéries majeures : Les mycobactéries : Séminaire de laboratoire à UMR 5557 Écologie microbienne de l'université Claude Bernard (FR) : 22 mai 2012 à Lyon (France).

***Radomski N.**, Betelli L., Moilleron R., Haenn S., Moulin L., Cambau E., Pruden A., Falkinham III J.O., Rocher V., Gonçalves A., et F.S. Lucas. Sources et comportements des mycobactéries non-tuberculeuses dans les bassins versants (FR) : Congrès du programme Interdisciplinaire de recherche sur l'eau de la Seine : 7 au 9 février 2011 à Paris (France).

*Mouchel J.M., Passerat J., Ouattara K., Servais P., Ayrault S., Priadi-Rianti C., Gourlay C., Uher E., [...], Eurin J., Alliot F., Desportes A., Bourges C., Chevreuil M., Varrault G., Louis Y., Lorgeoux C., et **N. Radomski**. La rivière à la traversée de la ville : le temps de pluie dans l'agglomération parisienne (FR) : Congrès du programme interdisciplinaire de recherche sur l'eau de la Seine : 7 au 9 février 2011 à Paris (France).

***Radomski N.**, Haenn S., Moilleron R., Lucas F.S., Cambau E., et L. Moulin. Développement de méthodes de quantification des mycobactéries non-tuberculeuses dans l'eau de la Seine par bactériologie et biologie moléculaire (FR) : Congrès du programme interdisciplinaire de recherche sur l'eau de la Seine : 27 au 28 janvier 2010 à Paris (France).

***Radomski N.**, Thibault V., Karoui C., De Cruz K., Cochard T., Gutiérrez C., Supply P., F. Biet F., et M.L. Boschirolì. Diversité génétique de souches de *Mycobacterium avium* spp. d'origines humaine et animale par caractérisation MIRU-VNTR et IS1311 RFLP (EN, FR) : 30^{ème} congrès annuel de la société européenne de mycobactériologie : 5 au 8 Juillet 2009 à Porto (Portugal) et 11^{ème} Journée de mycobactériologie de langue française : 15 au 16 octobre 2009 à Bandol (France).

Radomski N., Lucas F.S., Cambau E., Moulin L., Haenn S., et R. Moilleron. Etude des sources des mycobactéries atypiques dans le bassin de la Seine à Paris (FR) : Congrès de l'association francophone d'écologie microbienne : Méthodes de culture des bactéries non-cultivables : 16 au 17 Juin 2008 à Banyuls (France).

*Gourlay-Francé C., Ayrault S., Chevreuil M., Da Silva A., Eurin J., Labadie P., Lucas F., [...], **Radomski N.**, Rocher V., Servais P., Uher E., Varrault G. et J.M. Mouchel. Contamination microbiologique et chimique en Seine à la suite d'un rejet urbain de temps de pluie (FR) : Congrès du programme interdisciplinaire de recherche sur l'eau de la Seine : 5 au 6 février 2009 à Paris (France).

* Actes de congrès (n = 15). † Invitations dans des congrès internationaux (n = 28). # Prix de congrès (n = 2).

Communications affichées

de Ruvo A., Castelli P., Bucciacchio A., Mangone I., **Radomski N.** and Di Pasquale A. cgDIST: SNP-like resolution with cgMLST-like computational efficiency (EN): Rapid Applied Microbial Next-Generation Sequencing and Bioinformatic Pipelines in the American Society for Microbiology (ASM): October 13 to 16, 2024 in Washington, D.C. (USA).

De Sousa Violante M., Feurer C., Michel V., Radomski N., Mistou M.Y. and Mallet L. Characterization of the genomic diversity of *S. Typhimurium* and its monophasic variant in France in pig herds (EN): Journées Ouvertes en Biologie, Informatique et Mathématiques (JOBIM): July 5 to 8, 2022 in Rennes (France) and International Symposium *Salmonella* and Salmonellosis (JOBIM): June 20 to 22, 2022 in Saint-Malo (France).

Palma F., Brauge T., **Radomski N.**, M.Y. Mistou, A. Brisabois, L. Guillier et Midelet-Bourdin G. Éléments génétiques mobiles à travers les complexes clonaux de *Listeria monocytogenes* contaminant les industries de transformation des produits de la mer en France (EN) : Réunion générale COMPARE (Work packages WP4 et WP7) : 27 février au 01 mars 2019 à Lyngby (Danemark).

Vila Nova M., La K., Felten A., Durimel K., Bessieres P., Mistou M.Y., Mariadassou M. et **N. Radomski**. Adaptations aux hôtes de serovars de *Salmonella enterica* spp. *enterica* décryptées par la première étude d'association génomique implémentant les gènes accessoires et variants du coregénom (EN) : 16 au 18 mai 2018 à Genève (Suisse).

*Felten A., Vila Nova M., Durimel K., Guillier L., Mistou M.Y. et **N. Radomski**. Première analyse d'enrichissement d'ontologie de gènes basée sur des variants du coregénom bactérien : A travers l'adaptation des mammifères et aviaires aux sérovars de *Salmonella* (EN): Journées ouvertes en biologie, informatique et mathématiques (JOBIM) : 3-6 juin 2017 à Lille (France) et Bio-informatiques des algorithmes aux applications (BiATA) : 1 au 5 août 2017 à St. Petersburg (Russie).

***Radomski N.**, Lee R.S., McIntosh F., Domenech P., Reed M., Menzies D. et M.A. Behr. Évolution de *Mycobacterium tuberculosis* dans la *natura* : Cas unique du Nunavik, Québec (EN) : Initiatives pour la santé mondiale, Club de la faculté McGill : 3 novembre 2014 à Montréal (Canada).

Felten A., Guillier L., **Radomski N.**, Mistou M.Y., Lailler R., et S. Cadel-Six. Genome Target Selector : Estimation de la spécificité et sensibilité de cibles moléculaires basée sur des séquences de génomes bactériens (EN) : 11^{ème} Réunion international sur les marqueurs épidémiologiques microbiens (IMMEM XI). Navigation des génomes microbiens. Une conférence ESCMID - ESGEM : 9 au 12 mars 2016 à Estoril (Portugal).

***Radomski N.**, Lee R.S., Proulx J.F., Manry J., McIntosh F., Desjardins F., Soualhine H., Domenech P.,

Reed M., Menzies D. et M.A. Behr. Réémergence et amplification de la tuberculose dans l'Arctique Canadien (EN) : Initiatives pour la Santé Mondiale de la faculté McGill : 3 novembre 2014 à Montréal (Canada).

Lee R.S., **Radomski N.**, McIntoch F., Desjardins F., Soualhine H., Proulx J.F., Menzies D. et M.B. Behr. Le séquençage complet de génomes révèle des épidémies multiples de TB dans un village Canadien (EN) : La 18^{ème} conférence de l'union des régions Nord-Américaines « Plus forts ensemble pour stopper TB » du laboratoire à la clinique : 27 février au 1^{er} mars 2014 à Boston (USA).

*Lucas F.S., **Radomski N.**, Roguet A., Cambau E., Moilleron R., Behr M.A., et L. Moulin. Les méthodes de détection pour l'étude des mycobactéries non-tuberculeuses dans les systèmes aquatiques sous pression du changement global (EN) : Congrès EMBO SAME13 : 8 au 13 septembre 2013 à Stresa (Italie).

Moulin L., Haenn S., Dubrou S., Gaillard J.L., **Radomski N.**, Cambau E., Welté B., et M. Joyeux. Étude de la diversité des mycobactéries atypiques du système de distribution de l'eau (FR) : 27^{ème} congrès annuel sur l'eau de Eau de Paris : 24 au 28 février 2012 à Paris (France).

***Radomski N.**, Cambau E., Moulin L., Haenn S., Moilleron R., et F.S. Lucas. Détection des mycobactéries non-tuberculeuses dans l'eau de surface : Comparaison des méthodes de culture (EN, FR) : 30^{ème} congrès annuel de la société Européenne de mycobactériologie : 5 au 8 juillet 2009 à Porto (Portugal) et 11^{ème} Journée de mycobactériologie de langue française : 15 au 16 octobre 2009 à Bandol (France).

*Lucas F.S., **Radomski N.**, Cambau E., Moulin L., Haenn S., et R. Moilleron. Quantification des mycobactéries non-tuberculeuses dans l'eau de surface (FR) : Développement de cibles moléculaires : congrès annuel de la société Européenne de mycobactériologie : 5 au 8 juillet 2009 à Porto (Portugal).

***Radomski N.**, Haenn S., Moilleron R., Lucas F.S., Cambau E., et L. Moulin. Développement d'une méthode de biologie moléculaire pour quantifier les mycobactéries non-tuberculeuses dans l'eau de surface (FR) : Congrès du Programme Interdisciplinaire de Recherche sur l'Eau de la Seine : 5 au 6 février 2009 à Paris (France).

* Actes de congrès (n = 8). † Invitations dans des congrès internationaux (n = 7). # Prix de congrès (n = 2).

Chapitre d'ouvrage

van Meer F., van der Velden B. and M. Takeuchi (acknowledgment **Nicolas Radomski**). Artificial Intelligence for food safety – A literature synthesis, real-world applications and regulatory frameworks (2025) Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), Rome, Italy (Ed.), 88, ISBN 978-92-5-140196-5, doi. 10.4060/cd7242en

Radomski N., Moilleron R., Lucas F.S. and J.O. Falkinham III. Challenges in environmental monitoring of pathogens: Case study in *Mycobacterium avium* (2011) Current Research, Technology and Education Topics in Applied Microbiology and Microbial Biotechnology (In.), A. Méndez-Vilas (Ed.), (2), 1551-1561.

Brevets

Cadel-Six S., Felten A., Fach P., Guillier L., **Radomski N.**, Mistou M.Y. et R. Lailier. ANSES - Laboratoire de sécurité des aliments (Unité SEL / Mission GAMeR / Plateforme IdentityPath). Algorithme de sélection de kmers sensibles et spécifique à l'échelle génomique et vérification des cibles moléculaire par PCR haut débit pour identifier les sérovars de *Salmonella*. 2018 (en cours d'examen).

Récompenses

2014 Prix de congrès (Montréal, Canada) : Centre international sur la tuberculose de McGill : (Oral, 18/06/2014) et initiatives pour la santé mondiale (Poster, 03/11/2014).

2012 Thèse de doctorat classée parmi les 48 meilleurs de 2011 (Paris, France) : Institut des sciences et technologies (ParisTech), Université Paris-Est (UPE).

CONTACTS DES RÉFÉRENCES

Dr Michel-Yves Mistou	INRAE-ANSES		
Dr Mahendra Mariadassou	INRAE	Dr Emmanuelle Cambau	AP-HP
Dr Hélène Chiapello	INRAE	Dr Maria Laura Boschioli	ANSES-UZB
Dr Philippe Velge	INRAE	Dr Joseph O. Falkinham III	VirginiaTech
Dr Marcel A. Behr	RI MUHC	Dr Franck Biet	INRAE-UR1282
Dr Michael .B. Reed	RI MUHC	Dr Cécile Rousseau	IUT UPEC
Dr Christophe Sola	Paris Sud	Françoise Odelin	IUT UPEC
Dr Régis Moilleron	LEESU	Dr Graziella Bourdin	ANSES-LSAL
Dr Françoise Lucas	LEESU	Jean-Pierre Vincent	IPL-CTM-SERMHA
Dr Laurent Moulin	Eau de paris	Dr David Corroler	ERPCB