**ANNEXE 2 : MINI-CV DES INTERVENANTS**

**Hervé Blottière, INRA, Métagénopolis et Institut MICALIS.**

Hervé Blottière a obtenu un doctorat en Immunologie des Tumeurs de l'Université de Nantes en 1989. Il a passé 2 ans au Wistar Institute à Philadelphie. Directeur de Recherche (DR1) à l'INRA, il dirige l’équipe FInE « Fonctionnalité de l’Ecosystème Intestinal » au sein de l’Institut Micalis (Jouy en Josas). Il est également Directeur Scientifique de la plateforme MetaFun de [MétaGénoPolis,](http://www.mgps.eu) démonstrateur pré-industriel financé par les Investissements d’Avenir. Il a été coordinateur du projet ANR FunMetaGen et co-coordinateur du projet Européen CROSS-TALK (2008-2012). Partenaire de nombreux projets de métagénomique dont les projets Européens MetaHIT et MetaCardis. Depuis 2005, il s’est consacré à l’étude du rôle du microbiote intestinal en santé Humaine, en se focalisant sur la compréhension des mécanismes du dialogue microbiote-hôte. Il a développé une approche originale de métagénomique fonctionnelle appliquée aux interactions bactéries-cellules épithéliales intestinales. Il est co-auteur de plus de 130 articles (h index 40) et a été invité à donner une conférence plus de 70 fois ces dernières années.

****

**Mohamed AMAR, LMBM CNRST**

Professor of Microbiology and Molecular Biology

Head of Laboratory of Microbiology and molecular Biology –LMBM

Centre National pour la Recherche Scientifique et Technique - CNRST

Angle avenue Allal El Fassi, avenue des FAR, Quartier Hay Ryad, BP. 8027 Nations Unies, 10102 Rabat, MOROCCO

**Telephone and Fax numbers**

**Office** + 212 537 77 86 76

**Mobile**:+212 600019456

**E-mail:** [amar@cnrst.ma](mailto:amar@cnrst.ma) **or** [amar.cnrst@gmail.com](mailto:amar.cnrst@gmail.com)

**Web site**: [www.cnrst.ma](http://www.cnrst.ma) **and** [www.ccmm.ma](http://www.ccmm.ma)

Prof. Mohamed Amar is in charge of Moroccan Coordinated Collections of Microorganisms – CCMM and Head of Laboratory of Microbiology and Molecular Biology - LMBMat National Centre for Scientific and Technical Research – CNRST. He received his PhD in Microbiology and Molecular Biology from University of Paris XI, France in 1985. From 1990 to 1994 he worked as a Post Doc atInternational Institute for Genetics and Biophysics – IIGB/CNR, Naples, Italy. The major activities of his laboratory which hosts the national culture collection (CCMM) are Identification, characterisation, preservation, valorisation and distribution of microorganisms from Moroccan ecosystems (environmental, medical and food).

The main goal of the [CCMM](http://www.ccmm.ma) network was to create a national tool for promoting scientific interest and investigations in microbial biodiversity within the Moroccan Academic and Bio-industry Communities

The CCMM culture collection holds **3000** strains of bacteria, fungi and yeasts. For the second edition of its catalogue, [CCMM](http://www.ccmm.ma) published **1039** well-characterized and documented strains, representing **211** species, divided into **131** species of bacteria and **48** species of fungi and **32** species of yeasts. Most of them are from Moroccan origin ([www.ccmm.ma](http://www.ccmm.ma)).

Pr Amar **organized meetings, workshops and courses in Morocco since 2002** in order to improve fundamental knowledge,innovative tools and to share experiences in the Moroccan scientific community. He was Member of OECD experts for setting up the biological resource Centres (BRC).



|  |
| --- |
| **Mathieu ALMEIDA** |
| E-mail | Professional: mathieu.almeida@inra.fr |
|  |  |
| Personal statement | **Achievements to date:**  2009-2013: Ph.D. at INRA Micalis Institute (Jouy-en-Josas, France). Single Nucleotide Polymorphism visualization tool development called GenoVA. Development of new clustering methods named Metaprof and Canopy adapted to large scale abundance matrix. Design of a low cost genome sequencing strategy to produce the first dairy genome catalog.  2013-2017: Post-doctoral Associate at the Center For Bioinformatics and Computational Biology (College Park, USA). Development of a clustering method for combining 16S rRNA count profile and whole metagenome sequences count profile. Benchmark and improvement of a reference guided metagenomic assembly method. Large scale epidemiological studies, to infer phylogenetic relationship of pathogenic bacteria isolates. Design of new specific primers for PCR approach, to quantify pathogens and unknown organisms associated with health in African children stool samples.  2017-Today: European AgreenSkills+ Fellow at MetaGenoPolis INRA (Jouy-en-Josas, France). Project title: Targeting the most wanted human intestinal bacteria. An international collaboration to improve the discovery and culturing of the most wanted bacteria in association with health, diet and diseases. |
| Principal subjects |  |
| Principal subjects/occupational skills covered | Programming language development (C, Perl, Python and R). Database development (MySQL). 2D and 3D protein structural folding prediction and modelling. |
|  |  |
| Location and dates | Jouy-en-Josas, France, 2009 to 2013. |
| Title of qualification awarded | Ph.D. in Life Sciences. |
| Principal subjects/occupational skills covered | Thesis title: Characterization of human intestinal tract and cheese microbiota using quantitative metagenomics approaches, supervised by Dr. Pierre Renault and Dr. S. Dusko Ehrlich.  Development of a new gene clustering methods named Metaprof and Canopy. Accurate reconstruction of over 200 bacterial genomes directly from metagenomic samples. Development of a low cost genome sequencing strategy to produce the first dairy genome catalog, which includes over 100 bacterial genomes. |
| Name of Institute | Institute INRA Micalis. Doctoral School GGC (Gènes,Génomes,Cellules) Paris Sud XI |

|  |  |
| --- | --- |
| Location and dates | College Park, Maryland, USA, 2013 to 2017. |
| Title of qualification awarded | Post-doctoral associate in Bioinformatics. |
| Principal subjects/occupational skills covered | Development of a clustering method for combining 16S rRNA count profile and whole metagenome sequences count profile, directed by Dr. Mihai Pop. Benchmark and improvement of a reference guided metagenomic assembly method called MetaCompass.  Collaboration with Dr. O. Colin Stine at the University of Maryland on large scale epidemiological studies. Genomic analysis of over two hundred *Vibrio cholerae* isolated from African and Bangladeshi stool samples. Design of specific primers for PCR approach for the quantification of new most wanted organisms associated with health in African children. |
| Name of Institute | Center For Bioinformatics and Computational Biology (College Park, Maryland) & University Of Maryland Medical School (Baltimore, Maryland) |

**Magali BERLAND, MetaGenoPolis, INRA, Jouy-en-Josas**

Magali Berland est docteure en bioinformatique et modélisation statistique, et ingénieure de [l’INSA de Lyon](http://bim.insa-lyon.fr/). Après avoir été enseignante-chercheuse à l’université de Nantes, elle a rejoint en 2014 l’équipe [InfoBioStat](http://mgps.eu/index.php?id=infobiostat&L=1) de l’unité [MetaGenoPolis](http://mgps.eu/index.php?id=accueil&L=1) à l’INRA de Jouy-en-Josas pour étudier le rôle du microbiote intestinal sur la santé humaine. Elle est en charge de projets d’analyses statistiques et de développements méthodologiques pour l’exploration de données de métagénomique quantitative. Impliquée dans de nombreux projets, dont le projet européen MetaCardis et le projet ANR ProteoCardis, elle enseigne également l’analyse statistique avec R dans le master [Calcul Haute-Performance, Simulation](http://www.chps.uvsq.fr/) de l’université Paris-Saclay.

**Florence THIRION, INRA, MetaGenopolis**

Florence Thirion a été diplômée de l’école Centrale de Lille en 2013. Elle a complété sa formation d’ingénieur initiale par un Master de Bio-informatique suivi dans le cadre d’un double-diplôme à Wroclaw University of Technology (Pologne). Après être passée par une start-up travaillant dans le domaine de la métagénomique, elle a intégré l’équipe InfoBioStat (IBS) de MetaGenoPolis en 2015 en tant que bioanalyste. Depuis, elle est en charge de l’analyse de différents projets liant microbiote humain et santé, et est responsable de l’automatisation et de l’optimisation des analyses de la plateforme IBS.

**Victoria MESLIER, INRA, MetaGenopolis**

Après l’obtention d’un diplôme d’AgroParisTech en Microbiologie des procédés alimentaires en 2009, Victoria Meslier a intégré une industrie française (Savencia) pour la caractérisation des flores lactiques utilisées en production de fromages. Son intérêt s’est très vite porté sur l’étude d’écosystèmes microbiens par des approches complémentaires. En 2013, elle obtient un doctorat en Microbiologie d’AgroParisTech, à la suite d’une thèse en recherche appliquée sous la direction de Pierre Renault (INRA). Son sujet portait sur l’étude des ferments lactiques par des approches combinant microbiologie, physiologie, génomique, métagénomique et procédés industriels. En 2015, elle change d’horizons pour réaliser un post-doctorat à l’université de Johns Hopkins (équipe de Jocelyne DiRuggiero) financé par la NASA pour l’étude de communautés microbiennes extrêmophiles des déserts hyperarides. Elle s’est particulièrement consacré à la détermination des facteurs influençant l’assemblage de ses communautés à la limite aride de la vie en conjuguant métagénomique ciblée, géochimie, et imageries 3D. Depuis 2018, elle a intégré l’équipe IBS de MetaGenoPolis (INRA) pour définir l’impact du régime alimentaire sur la composition du microbiote intestinal, en lien avec la santé humaine.

# Prof. Elmostafa EL FAHIME, UATRS CNRST, Rabat

PhD in Molecular and Cell Biology

Born 31 December 1967; Meknes Morocco.

Current Position: Professor at National Center for Scientific and technical research CNRST; UATRS- Biology analysis services / Head of Functional Genomic platform, Rabat Morocco

🕿 : +00(212)5 37 71 31 75, extension 207 or cell phone +00(212) 600019448

Email: [elfahime@cnrst.ma](mailto:elfahime@cnrst.ma) or [m.elfahime@gmail.com](mailto:m.elfahime@gmail.com)

Prof. Elmostafa EL FAHIME completed his Ph.D in Molecular and cellular biology at Louis Pasteur University of Strasbourg - France in 1996. He started his career as a postdoctoral researcher at IGBMC (institute of genetic and molecular and cellular biology – Ilkirch France).

He joined Laval University, Canada in 1998, as Postdoc Researcher in the Human Genetic Laboratory of the Research Center belonging to the University’s Hospital Center (CR\_CHUL). On 2003, he was appointed as Assistant Professor at the anatomy and pathology department belonging to the University’s medicine faculty. He published 40 research papers related to many topics such as analytic development technology, molecular microbiology, gene expression and regulation, cell therapy and neurogenic diseases.

Prof. EL FAHIME joined the CNRST in 2006 and was in charge of setting up the first national functional genomics platform which provides services to the Moroccan scientific community and Industry. Prof. El Fahime was involved in several national and international proposals dealing with molecular biology and functional genomics.

Currently, Dr El Fahime is cooperating with Prof Amar team to set up a new sequencing facility using the next generation sequencing tools. This new facility is focusing on the whole genome sequencing of bacteria, hold by CCMM. A special attention will be given to bacteria with potential biotechnological application. He also co-organized meetings, workshops and courses since 2007 in Rabat.

**Dr Christel BERA-MAILLET, INRA Micalis and visiting researcher at LMBM CNRST Rabat**

Dr. Béra-Maillet is a Microbiologist with a PhD in Microbial Ecology from the University of Lyon 1 (France). She has been a research scientist for 18 years at INRA, in the Auvergne-Rhône-Alpes region and then at Jouy-en-Josas as part of the 'Functions of the Intestinal Ecosystem' (FInE) team the UMR1319 MICALIS.  
Her research projects focus on understanding the enzymatic mechanisms of complex carbohydrate degradation by the gut microbiota of humans, and the consequences for the host, through functional metagenomic screening approaches. She is currently interested in the functions of microbial degradation of polysaccharides in the small intestine, and the metabolic capacities present in obese individuals for the metabolism of carbohydrates. Dr Maillet is a Scientific leader of academic or industrial projects, she also works in collaboration with MetaGénoPolis metagenomic and bioinformatic sequencing platforms (MGP, US1367 INRA). Dr Maillet is currently a visiting researcher at CNRST in Morocco for 2 years.

**ANNEXE 3 : RESUMES DES CONFERENCES ET TD DES INTERVENANTS**

**Résumé Conférence de Hervé BLOTTIERE :**

Introduction à la métagénomique appliquée à l’étude du rôle du microbiote intestinal sur la santé humaine. Le cours apportera tout d’abord des connaissances sur l’implantation du microbiote intestinal au moment de la naissance, les relations structures/fonctions du microbiote et le dialogue avec l’hôte à travers le système immunitaire. Puis, il s’orientera vers les applications offertes par la métagénomique en termes de Nutrition, Santé humaine, outils diagnostique, Médecine préventive et Biotechnologie.

**Résumé Conférence et TD de Magali BERLAND (cours) et Florence THIRION (TD) :**

**L'analyse statistique des données métagénomiques : application au microbiote intestinal humain**

Le séquençage shotgun du microbiote intestinal a ouvert de nouvelles pistes prometteuses pour le traitement de maladies humaines complexes et multifactorielles. Les bactéries de notre intestin, du fait de ses nombreuses interactions avec l'hôte, sont suspectées de jouer un rôle important dans le déclenchement et la progression de diverses pathologies chroniques telles que l'obésité, le diabète, les maladies cardiovasculaires et le cancer.

Le traitement primaire des données de sortie du séquençage permet d'obtenir des matrices de comptage donnant accès à l'abondance relative des espèces bactériennes présentes. Cependant, de telles données de composition possèdent des propriétés statistiques spécifiques à prendre en compte lors du prétraitement, des tests d'hypothèses et de l'interprétation des résultats. Nous présenterons une introduction aux méthodes d'analyses statistiques de ces données, ainsi qu’un panorama des différents outils développés spécifiquement pour elles.

**Résumé Conférence et TD de Mathieu ALMEIDA :**

**Tour d’horizon des méthodes de caractérisation de séquençage complet d’échantillons métagenomiques.**

Avec la démocratisation du séquençage complet d’échantillons métagénomiques et les milliards de courtes séquences générées à chaque run de séquençage, il est nécessaire aujourd’hui d’utiliser des méthodes robustes, précises mais aussi efficaces en terme de temps de traitement et de consommation de ressources informatiques. Au cours de ce workshop, nous ferons un tour d’horizon des méthodes standards et émergentes utilisées dans le traitement des données de séquençage complet métagénomique. Pour cela, nous commencerons par décrire les méthodes de nettoyage des courtes séquences par utilisation des scores de qualité ou de détection de contaminants, pour poursuivre sur les méthodes d’assemblage et d’ identification/comptage des gènes reconstitués dans les échantillons métagénomiques, jusqu’à la reconstruction/description des espèces présentent au sein du métagénome par des méthodes de clusterisation et d’annotation taxonomique et fonctionnelle.

**Résumé Conférence de Victoria MESLIER :**

Victoria expliquera comment obtenir des génomes par reconstruction à partir de métagénomes (lien avec présentation de Mathieu Almeida la veille) ou bien par la voie classique (isolement à partir de matrice complexe, stratégies de séquençage), à quoi cela peut servir et ce que l’on peut faire ensuite de ces résultats : comparaison, design de primers, identification de voies d’intérêt, notions écologiques… et amélioration des BDD pour la métagénomique. La conférence sera illustrée par des exemples appliqués aux bactéries lactiques avec les outils utilisés.

**Résumé Conférence du Professeur Mohamed AMAR :**

Les collections de microorganismes ne sont pas seulement des banques de matériel biologique mais sont aussi des banques de connaissance et de savoir qui permettent de préserver, d’explorer, de valoriser, d’utiliser et de fournir la biodiversité.

Les « Collections Coordonnées Marocaines de Microorganismes » (CCMM) est une structure unique au Maroc. Le 20 février 2018, elles ont acquis le statut d’Autorité de Dépôt International (ADI). Elles ont pour missions : la collecte, l’identification, la caractérisation, la préservation, la distribution et la valorisation de la biodiversité microbienne nationale.

Monsieur Amar traitera le rôle joué en général par des collections de microorganismes à la fois dans la valorisation des souches microbiennes et dans le développement de la bio-économie, ainsi que les étapes qui ont mené à la mise en place des CCMM au Maroc et l’expérience accumulée pendant deux décennies.

**Résumé Conférence du Professeur El Mostafa ELFAHIME**

**Une plateforme nationale au service de la recherche en Génomique.**

La plateforme génomique fonctionnelle des Unités d’Appuis Techniques à la Recherche Scientifique relevant du CNRST offre des services spécialisés à des tiers provenant des secteurs publics (universités et hôpitaux) ou privés (Industries pharmaceutiques et biotechnologiques), actifs dans les domaines de la santé, des bioprocédés (agroalimentaires) ou de l'industrie environnementale.

De telle plateformes sont aujourd’hui indispensables pour préparer la recherche et développement au Maroc, non seulement aux conséquences attendues de la progression des connaissances sur le génome humain et celui d’autres espèces animales et végétales, mais également aux applications possibles en

matière de diagnostic, thérapeutiques, d’amélioration agroalimentaire et environnementale fondées sur l'utilisation directe ou indirecte des gènes et de leurs produits sauvages ou modifiés. La plateforme a pour mission principale d'offrir à ses clients un accès simple et rapide à des services de premier plan qui sont disponibles sur une base d'honoraires pour services rendus. En plus de ces services standards, les scientifiques de la plateforme peuvent conseiller et guider les chercheurs sur le plan de la conception expérimentale en développant des solutions qui répondent à des problématiques précises, ou offrir des programmes de formation.

Dans cette conférence l’apport de la plateforme UATRS-Biologie, dans le domaine de la génomique sera exposé.

**Résumé Conférence de Christel BERA-MAILLET**:  
**Métagénomique fonctionnelle appliquée à l’étude des fonctions du microbiote intestinal.**

La (méta)génomique fonctionnelle est un outil de choix pour étudier les grandes fonctions du microbiote intestinal. Elle peut être réalisée par des criblages de souches bactériennes ou de banques de clones métagénomiques pour rechercher soit des activités enzymatiques particulières, soit des métabolites d’intérêt pour l’hôte. Elle offre une validation expérimentale des activités recherchées.

Au cours de cette conférence seront présentés différentes méthodes de métagénomique fonctionnelle et des travaux récents de criblages fonctionnels concernant notamment l’étude des communautés bactériennes d’un segment intestinal encore peu étudié, l’intestin grêle. L’utilisation de la bio-informatique, associé au séquençage des clones métagénomiques porteurs des activités recherchées, permet d’établir une cartographie des enzymes présentes dans un site donné de l’intestin et d’émettre des hypothèses quant aux fonctions portées par les bactéries résidantes. La métagénomique fonctionnelle permet également de découvrir de nouvelles enzymes pouvant intéresser les biotechnologies, et même de nouvelles voies métaboliques.