



جامعة سيدي محمد بن عبد الله
 +οΘΛοΠΣ+ ΘΣΛΣ ΕΣΛΣΣοΛ ΘΙ ΗΘΛΣΗΗοΦ
 Université Sidi Mohamed Ben Abdellah



Hochschule
 Bonn-Rhein-Sieg
 University of Applied Sciences

MICROBIOME FOR HEALTH II

Colloquium+Workshop

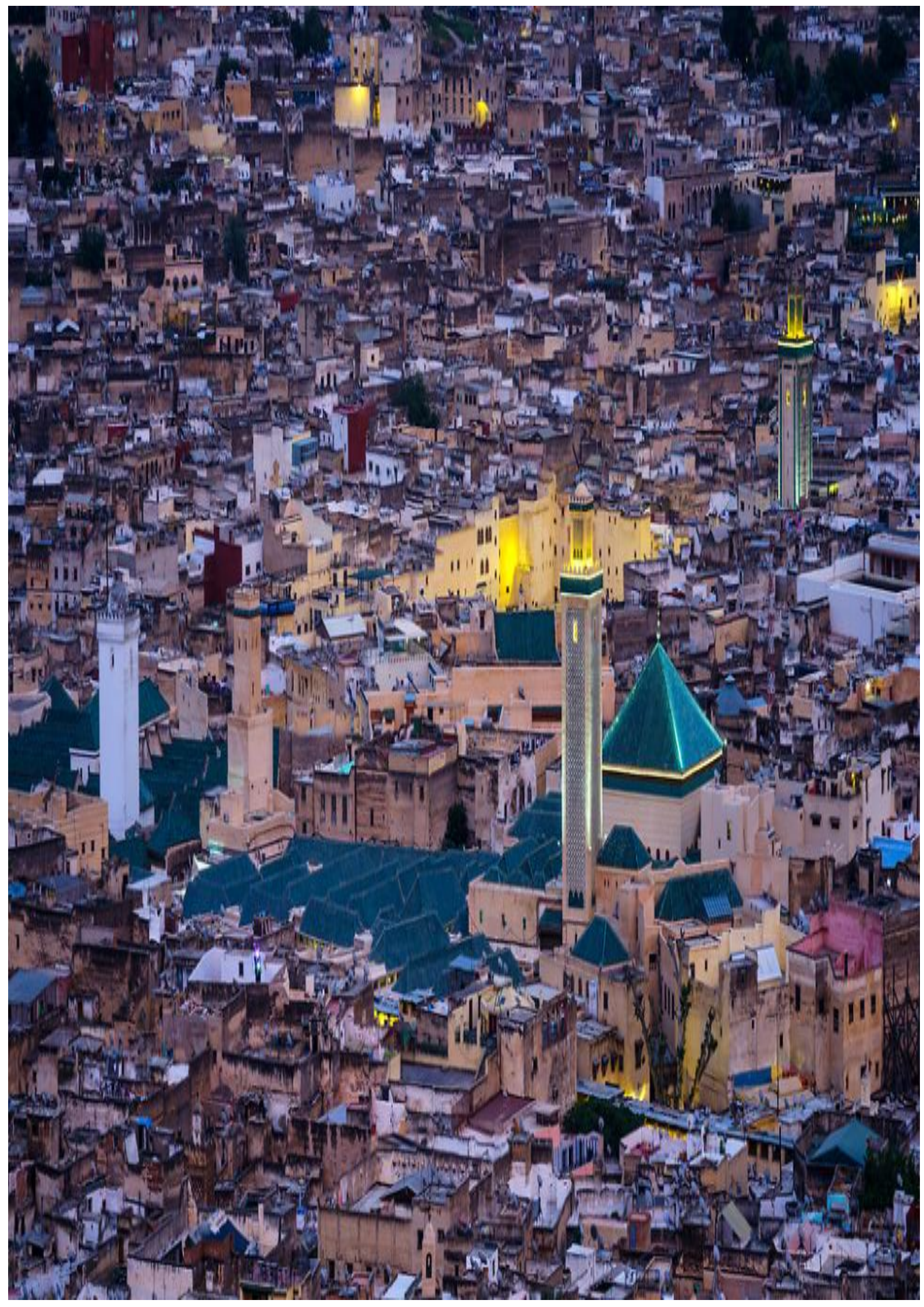
HEALTH/MICROBIOME/NGS/BIOINFORMATICS/METAGENOMICS

FEZ MOROCCO
 FACULTY OF SCIENCES DHAR MAHRAZ
 29-30-31 October, 2018

-PROF. HICHAM BEKKARI
 FACULTÉ DES SCIENCES DHAR EL MAHRAZ
 B.P. 1796. ATLAS-FÈS
 FAX : +212 5357 32981 / GSM : +212 6620 12560
 hicham.bekkari@usmba.ac.ma - hichambekkari@yahoo.fr

-PROF. HASSAN GHAZAL
 FACULTÉ POLYDISCIPLINAIRE DE NADOR
 SELOUANE, MAROC
 FAX : +212 5363-58981 / GSM : +212 6681 91919
 hassan.ghazal@fulbrightmail.org





PREAMBULE

Dans le cadre des activités scientifiques du pôle de « Biotechnologie » de l'Université Sidi Mohamed Ben Abdellah, le Laboratoire de Biotechnologie de la Faculté des Sciences Dhar El Mahraz, organise en collaboration avec l'Université des Sciences Appliquées Bonn-Rhein-Sieg/Allemagne, un colloque sous le thème : MICROBIOME FOR HEALTH II -2018.

Cet événement scientifique est une occasion de partager et d'échanger les connaissances, dans les domaines du Microbiome et de la Bioinformatique en rapport avec la santé, entre d'éminents scientifiques à l'échelle nationale et internationale. Cette manifestation permettra de renforcer les liens qui unissent notre Université Sidi Mohamed Ben Abdellah, à l'Université des Sciences Appliquées *Bonn-Rhein-Sieg*, la société savante *American Society for Microbiology* (ASM) et le réseau Africain de Bioinformatique *Human Heredity Health in Africa* (H3ABioNet). Il permettra aux participants d'échanger leurs connaissances sur le microbiome/microbiote humain, la génomique et la métagénomique.

Au point de vue socioéconomique les ateliers du Microbiome for Health II -2018- permettront aux chercheurs et aux doctorants de se familiariser avec l'utilisation des outils moléculaires de dernière génération, ainsi que des outils de bioinformatique, qui ont conduit à des progrès énormes dans l'analyse du microbiome notamment en milieu hospitalier.

COMITE D'HONNEUR

Pr. MRABET Redouane, Président de l'Université Sidi Mohamed Ben Abdellah, Fès-Maroc.

Pr. BENLEMLIH Mohammed, Doyen de la Faculté des Sciences Dhar El Mahraz, Fès-Maroc.

Pr. KHALFAOUI Mohamed, Directeur du CNRST, Rabat-Maroc.

Pr. El AMRI Hamid, Directeur du Laboratoire de la Gendarmerie Royale, Rabat-Maroc.

Pr. SAGHI Mohamed, Ex -Doyen de la Faculté des Sciences Dhar El Mahraz, Fès-Maroc.

COMITE SCIENTIFIQUE

- Pr. Abdelghani SGHIR**, Institut de Génomique – Université de Paris-Saclay, France.
- Pr. Esteban PEREZ-WOHLFEIL**, Université de Malaga, Espagne.
- Pr. Oswaldo TRELLES SALAZAR**, Université de Malaga, Espagne.
- Pr. Maria-Paz WEISSHAAR**, Université de Bonn-Rhein-Sieg, Allemagne.
- Pr. Hamid El AMRI**, Laboratoire de la Gendarmerie Royale, Rabat.
- Pr. Hassan GHAZAL**, F.P. de Nador, Université Mohammed Premier, Oujda, Maroc.
- Dr. Nabil ISMAILI**, Université Mohamed VI, Service Oncologie, Casablanca, Maroc.
- Pr. Karim OULDIM**, Univ. Sidi Mohamed Ben Abdellah, Faculté de Médecine et de pharmacie
- Pr. Mustapha ALLALI**, ISPITS, D.R. Santé Fès, Maroc.
- Pr. Najoua BENCHEMSI**, FST, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Hicham BEKKARI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Bahia BENNANI**, FMP, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Abdelhak BOUIA**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Dalila BOUSETA**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Omar EL BEQQALI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Leila BOUGUENOUCHE**, FMP, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Soumya EL ABED**, FST, USMBA, Fès, Maroc
- Pr. Abdenbi EL KARKOURI**, F.P.Taza, USMBA, Fès, Maroc
- Pr. Mohammed EL HASSOUNI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Abdelhakim EL OUALI LALAMI**, ISPITS, D.R.Santé Fès, Maroc.
- Pr. Seloua El OUEZZANI TAYBI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Mohamed ETTAYEBI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Abdellilah IRAQI HOUSSEINI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Mohamed IRAQUI HOUSSAINI**, FST, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Mohammed MERZOUKI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Adnane REMMAL**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Abdellah SOULEIMANI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

COMITE D'ORGANISATION

PROFESSEURS

- Pr. Hicham BEKKARI** (Coordonnateur), FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Hassan GHAZAL** (Coordonnateur), F.P.Nador, UMP, Oujda, Maroc
- Pr. Maria-Paz WEISSHAAR** (Coordonnatrice), Université Bonn-Rhein-Sieg, Allemagne.
- Pr. Jamila BAHHOU**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Najoua BENCHEMSI**, FST, USMBA Fès, Maroc.
- Pr. Leila BOUGUENOUCHE**, FMP, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Hamid El AMRI**, Laboratoire Gendarmerie Royale, Rabat, Maroc.
- Pr. Abdelrhani ELACHQAR**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Omar EL BEQQALI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Mohammed EL HASSOUNI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Mohamed ETTAYEBI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Abdenbi EL KARKOURI**, F.P.Taza, USMBA, Fès, Maroc.
- Dr. Salsabil HAMDI**, Institut Pasteur, Casablanca, Maroc
- Pr. Latifa JAMAI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Mohamed A. MAHRAZ**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Mohammed MERZOUKI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Abdelhakim EL OUALI LALAMI**, ISPITS, D.R. Santé, Fès, Maroc.
- Pr. Bouchra ELOUASSTE**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.
- Pr. Jamal RIFFI**, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

COMITE D'ORGANISATION

DOCTORANT(E)S

Mohamed AHAKOUD, FMP, USMBA, Fès, Maroc.

Jaouad ANISSI, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Soumia AIT AASSOU, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Halima AMAKDOUF, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Hajar BELHASSAN, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

El Mohamed M. BENANY, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Bouchra CHAOUNI, UMP/UM5/NYU.

Souad CHAQSARE, INH, Rabat, Maroc.

Leila DRISSI KAITOUNI, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Karima ELKARRACH, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Jamal GHANAM, FSDM, USMBA, Fès, Maroc & Univ. Bonn-Rhein-Sieg, Allemagne.

Oumaima GHOMARI, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Kamal MARZOUKI (, Université Mohammed Premier, Oujda, Maroc.

Yousra MASSAOUDI, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Ismail MOUHRACH, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Fatima Zahrae MOUSSAID, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Leila QEBIBO, F.M.P, FSDM, Fès, Maroc.

Chaimae SAMTAL, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Loubna SEDDOUK, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Hayat SEDRATI, ENSP, Rabat, Maroc.

Fatiha SOUNNI, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Karima TAZI, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

Hanane TOUIJER, FSDM, USMBA, Fès, Maroc.

COORDINATION

Prof. Hicham BEKKARI

Faculté des Sciences Dhar El Mahraz

B.P. 1796. Atlas-Fès, Maroc

Fax 00212 (0)5 35 73 29 81

GSM: 00212(0)662012560

hicham.bekkari@usmba.ac.ma

hichambekkari@yahoo.fr

&

Prof. Hassan GHAZAL

Faculté Polydisciplinaire de Nador

Selouane, Maroc

Fax : +212 5363-58981

GSM : 00212(0)668191919

hassan.ghazal@fulbrightmail.org

MOT DU COMITE D'ORGANISATION



Professeur Hicham BEKKARI

Faculté des Sciences- Université Sidi Med Ben Abdellah -Fès
Coordonnateur du Colloque Microbiome For Health 2018.

Au nom du comité d'organisation du colloque Microbiome For Health 2018 :

Je tiens à présenter mes vifs remerciements à toutes les personnes qui ont participé à cet événement scientifique. Cette manifestation a permis de rassembler d'éminents scientifiques de renommée nationale et internationale, dans leurs domaines de compétences, pour échanger leurs connaissances et faire bénéficier nos étudiants de leur savoir.

Mes remerciements et ma reconnaissance sont adressés aux organismes et établissements, cités ci-dessous, pour leur soutien :

- Service allemand des échanges académiques universitaires (DAAD),
- Université des Sciences Appliquées Bonn-Rhein-Sieg/Allemagne,
- Université Sidi Mohammed Ben Abdallah,
- Faculté des Sciences Dhar Mahraz,
- Pôle de Biotechnologie de l'USMBA.

BIOGRAPHIE DES CONFERENCIERS



Professeur Mohammed SAGHI

Docteur es Sciences Naturelles à l'Université de Paris et Diplômé de l'Institut Pasteur de Paris [Cours général de l'Institut Pasteur 76/77 : Bactéries et bactériophages et virologie générale et moléculaire].

Professeur Mohammed SAGHI a occupé plusieurs postes de responsabilité, notamment Doyen de la Faculté des Sciences Dhar Mehraz Fès (Mars 1991 - Novembre 1999), Président du Jury de l'agrégation des Sciences naturelles (Avril 1992 - Décembre 1998), Directeur de l'Institut Scientifique d'Université Mohammed V, Agdal (Novembre 1999- 31 Décembre 2005), Président de la commission pédagogique de l'Université Mohammed V Agdal de (2000 - 2005).

Il a publié de nombreux articles scientifiques et a encadré plusieurs thèses.

Il a été décoré :

- par la Médaille du trône du rang de chevalier en 1993
- Officier des palmes Académiques (République Française) en 1993
- Officier du trône alaouite en 2006

LES APPORTS DE LA GÉNÉTIQUE MOLÉCULAIRE À L'ESSOR DES BIOTECHNOLOGIES MICROBIENNES

Prof. Mohammed SAGHI

Université Mohammed V, Rabat

mohammed@gmail.com

Résumé : Les industries agro-alimentaires, médicales et pharmaceutiques tirent un immense profit des biotechnologies microbiennes. Ainsi depuis de nombreuses années, de nouveaux produits tels que des protéines, des biocarburants, des acides aminés et carboxyliques et d'autres biomolécules, sont produits à l'échelle industrielle par fermentation microbienne.

Les microorganismes, importante composante de la biodiversité, sont facilement cultivables sur des milieux synthétiques bien définis et leurs génomes sont bien connus et quelques uns déjà séquencés. Les techniques des manipulations des acides nucléiques nous permettent d'introduire des modifications bien ciblées dans les génomes telles que des insertions, des délétions et des substitutions. La technique CRISPER/Cas, nouvellement mise en évidence, s'avère très efficace dans l'édition des génomes bactériens.

Les mécanismes de l'expression des gènes et de leur régulation sont exploités en biotechnologies microbiennes pour optimiser la production de divers produits obtenus par la fermentation de nombreux substrats, souvent des déchets de l'agro-industrie et de la foresterie.

Des exemples de production d'acides carboxyliques, de biocarburants et de protéines seront présentés pour saisir l'importance de la génétique moléculaire dans le développement des biotechnologies microbiennes.

-Production d'acide lactique par fermentation du xylose par *Pichia stipitis*. La souche transformée par le gène de *Ldh* s'avère un producteur du lactate.

-Production du lactate à partir du glycérol par *E.coli*. Le résultat obtenu est très satisfaisant : à partir de 65g/l de glycérol brut on a produit 50 g/l du L-Lactate avec une pureté chimique de 97% et une pureté énantiomorphe de 99,9%.

-Production de l'éthanol par fermentation par la levure *S.cerevisiae* (GM /XYL3 = xylulokinase de *P.s*) à partir de xylose .

-Production du 1-2 propane-diol par *Corynebacterium glutamicum* après l'édition de son génome par CRISPR/Cas9. Dans ce cas, 3 gènes intégrés sous forme d'opéron permettent la synthèse du 1-2 propane-diol à partir de la dihydroxyacétone phosphate ; pour améliorer le rendement de cette fermentation, d'autres modifications génétiques seront introduites.;

-Edition du génome de la levure *Saccharomyces pastorianum* par CRISPR/Cas. La levure *S.pastorianum* est un excellent fermenteur de bière légère et bien aromatisée ; la technique CRISPR/Cas nous permettra de mieux connaître l'organisation et le fonctionnement du génome de cette levure et nous offrira de nombreuses applications biotechnologiques.

-enfin l'amélioration de la production de protéines , en particulier des enzymes(cas de l'amylase) sera présentée brièvement.

Conclusion : Les résultats déjà obtenus sont très encourageants ; cependant on est loin des possibilités que nous offrent la génomique, la bioinformatique et la biologie de synthèse ; l'ingénierie des protéines, en particulier les enzymes nous permettra bientôt de concevoir et de synthétiser de nouveaux gènes inédits avec de nouvelles fonctions.



Professeur Hamid EL AMRI

Directeur du laboratoire de Génétique de la Gendarmerie Royale.
Rabat-Maroc

Professeur Hamid EL AMRI, se réjouit d'un parcours académique et professionnel très riche. Il est titulaire de nombreux diplômes nationaux et internationaux : Docteur vétérinaire (Major des promotions du Maghreb-Arabe), Docteur d'Etat en biologie générale et Appliquée de l'Institut Agronomique et Vétérinaire Hassan II, Docteur de l'Université de Paris V (France) en toxicogénétique, option : médicaments et produits chimiques et titulaire de huit diplômes d'Université (D.U) traitant des aspects divers et pratiques en pharmacologie, toxicologie industrielle et professionnelle, alcool et drogues, environnement, Bromatologie et Contrôle alimentaire, sciences forensiques, ...etc.

Ses publications scientifiques sont nombreuses parues dans des revues et journaux scientifiques de renommées internationales, dont le JACS (Journal of American Chemical Society). Ceci témoigne son implication active dans plusieurs projets de recherche scientifique relevant de l'actualité notamment dans les domaines précités. Dernièrement, il a publié deux articles sur le cancer et la médecine personnalisée relative à la prédisposition génétique des pathologies cardiovasculaires et les tests génétiques qui vont avec.

MICROBIOLOGIE FORENSIQUE ET BIOSÉCURITÉ

Prof. Hamid El Amri

Laboratoire de Génétique de la Gendarmerie Royale. Rabat.

elamri_hamid122@yahoo.fr

Résumé : La microbiologie forensique désigne la branche de la science médico-légale qui se focalise sur l'utilisation délictuelle (à caractère criminel) de micro-organismes, de toxines, de parasites, de prions ou de leurs dérivés pour nuire à la santé humaine, animale et environnementale.

Elle utilise des outils scientifiques de la microbiologie classique, la génomique microbienne, la phylogénétique et la bio-informatique pour apporter des réponses concises aux questions soulevées par la magistrature. Les données épidémiologiques descriptives associées à l'utilisation de techniques moléculaires hautement spécialisées permettent pertinemment de discriminer entre l'utilisation intentionnelle de micro-organismes et une épidémie naturelle.

Les organisations mondiales de la santé Humaine et animale (OIE, OMS) énumèrent plusieurs microorganismes viraux et bactériens qui constituent une menace grave pour la santé humaine et / ou animale tels que Le SRAS (*coronavirus*), la grippe aviaire (*H5N1* hautement pathogène), virus West Nile, virus de fièvres hémorragiques, *Salmonella*, *Escherichiacoli*, *Bacillus anthracis*, *Francisellatularensis* et *Yersinia pestis*. Leur manipulation requiert des mesures de biosécurité rigoureuse.

Le renforcement des mesures de biosécurité et de surveillance au sein de tous les secteurs socio-économiques, la qualification des laboratoires par la maîtrise des procédures analytiques devant garantir la fiabilité des résultats d'analyses sollicitées sont désormais des axes de travail à élargir en concertation avec tous les professionnels de santé humaine et vétérinaire. Ceci doit être coordonné en diapason avec les dispositions réglementaires en vigueur aussi bien sur le plan national qu'international.

Mots clés : *Microbiologie forensique, approche moléculaire, biosécurité.*



Professor Oswaldo TRELLES SALAZAR

full-professor at the University of Malaga, Spain

He got the PhD in Industrial engineering and both a master in computer sciences and in Molecular and Cellular biology. His group is an academic and research group that has been involved in the last twenty years in applying high performance computing to solve problems in life sciences. The group provides a multidisciplinary top level scientific environment embracing young researchers and technical support personnel with long experience of interfacing with biologists and medical staffs. The group is involved in building-up the European bioinformatics platform in the ELIXIR-Excellerate project and also in several national and international projects. The main research lines are in HPC in different computing architectures, ranging from multiprocessors to cloud computing applied to comparative Genomics (at full genome level), metagenomics and personalized medicine.

METAGENOMICS CONCEPTS, TOOLS AND METHODS

Prof. Oswaldo Trelles

University of Malaga, Spain

ortrelles@uma.es

This section is intended to discuss the details of the metagenomics field addressing the sampling, collection and data analysis. Contents to be covered are discussed along with technical details. As a first step, both sides should agree on the material to be taught. This lecture covers the theoretical aspects of metagenomics and is complemented with hands-on session named “Introduction to metagenomics processing”

The content has being designed for a broad spectrum of student’s background. In particular in the practical sessions, we planed the exercises including short reviews in command-line interfaces, UNIX and sequence comparison software.

The theory lectures correspond to:

1. Brief introduction to genomics: sequencing (will be done by Ms. Sanae Raoui), assembling, genome curation, reference databases, etc.
2. Basics of comparative genomics.
3. From genomics to Metagenomics: “Beyond genomes”.
4. Introduction to metagenomics: NGS, the complexity of metagenomic studies, big data science, reads mapping, de-novo assembly, functional analysis, etc.
5. Comparative metagenomics.
6. Overview of the metagenomics tools available (eventually) including the ones you developed in your lab.

The exercise will focus on performing a metagenomic analysis from the beginning to the end, using both general and specific software.



Professor Maria-Paz WEISSHAAR

Professor for Microbiology, Biochemistry, Genetic Engineering, University of Applied Sciences, Bonn-Rhein-Sieg, (since 1999). Honorary Professor, The Robert Gordon University, Aberdeen, UK (Since May 2004).

weisshaar-maria@t-online.de

Pr. WEISSHAR graduated from the faculty of medicine at the University of Paris VI (1974-1977), graduated in Biology, Microbiology, Biochemistry, University of Göttingen (1981). She had her PhD in Microbiology, Genetical Engineering, University of Göttingen (1984)

Twenty years of experience in research management, teaching and university management. She is a reference in Microbiology, Biochemistry, Proteomics and Molecular Genetics of Prokaryotes and Eukaryotes, Exosome research.

Pr. WEISSHAR was a Visiting professor at many universities, University of Granada, Faculty of Medicine University of Valencia, Spain - Mainz University, Germany - The Robert Gordon University, Aberdeen, UK - University of Santiago, Chile

Pr. WEISSHAR coordinated and was a member of several projects. She is the author of 1 Patent, over 40 Publications and 1 Book.



Professor Abdelghani SGHIR

Abdelghani SGHIR is a full Professor at the Department of Biology of the Université d'Evry-Paris-Saclay, France

<https://orcid.org/0000-0001-7006-0023>

His research aims at understanding the biotechnological processes of depollution, through molecular analyses of microbial communities of natural and anthropogenized ecosystems. Prof. SGHIR undertook research projects on metagenomics of the wastewater microbiome since 1997. He supervised a dozen of Ph.D. students and co-authored 40 peer reviewed publications. Prof. SGHIR led the Biology department from 2006 to 2009 and took in charge the Bachelor and Master Degree programs. He organized a dozen of national and international symposia, trainings, workshops and conferences in France and abroad. Currently, he is a member of the academic board, research and international commissions of the Université d'Evry-Paris-Saclay.

URBAN WASTEWATER MICROBIOME OPPORTUNITIES WITHIN THE CONTEXT OF META-OMICS STUDIES

Prof. Abdelghani SGHIR

Université d'Evry-Paris-Saclay, France

[*sghir@genoscope.cns.fr*](mailto:sghir@genoscope.cns.fr)

Contamination of water with thousands of industrial and natural chemical compounds, as a consequence of population growth, urbanization and socioeconomic activity, is one of the key environmental problems facing humanity. This pollution has become a major public health and environmental concern in almost all parts of the world. Development and optimization of conventional biotechnological processes, and the design of novel ones for micro- and emergent pollutants elimination, like pharmaceuticals or personal care products, remains a major scientific challenge for the development of wastewater bioremediation technology. In this context, wastewater microbiome offers a very good model for understanding the major biogeochemical cycles, microbial interactions, evolution and adaptations allowing the discovery of numerous functions that can be exploited within the context of ecosystem services. However, the present knowledge of this highly diverse microbiome, in terms of community structure and functional diversity still suffers from many gaps, despite the recent development of -omics and the high-throughput sequencing technologies. To take full advantage of its huge metabolic potential for biotechnological applications, we need to build up a holistic view of the remediating wastewater microbiota. This talk will address some of the gaps to be filled out, through examples of recent analyses of implantation kinetics and population dynamics of the wastewater microbiome and gives some perspectives for future studies.

Key words : Wastewater microbiome, meta-omics, functional diversity



Professor Karim OULDIM

Professor, Medical Genetics, Faculty of Medicine and Pharmacy of Fez, Morocco.

ouldim@yahoo.fr

MD Specialist in Medical Genetics. Head of the Medical Genetics and Oncogenetics Laboratory, University Hospital Hassan II of Fez. General Secretary of the Moroccan Society of Medical Genetics, SMGM. Assistant Treasurer Moroccan Society for the Study of Inborn Errors of Metabolism (MSSIEM).

Membre de l'Association des Cytogénéticiens de Langue Française France (ACLF), depuis 2011. Membre fondateur et conseiller au bureau national Fédération Marocaine des Sociétés savante de spécialités Médicales FM3A (2015).



Professeur Abdellatif BOUR

Université Ibn Tofaïl, Kenitra, Maroc.

Président de la Société Marocaine de Nutrition (SMN)

Professeur Abdellatif BOUR est titulaire de Doctorat d'Etat Es-Sciences en Nutrition Humaine et Epidémiologie et de Doctorat 3^{ème} cycle, Reproduction et Développement (Embryologie).

Directeur de recherche de plusieurs Thèses de Doctorats, auteur et co-auteur de plusieurs publications d'articles dans des journaux scientifiques spécialisés nationaux et internationaux.

Porteur et/ou membre de plusieurs projets nationaux et internationaux : Le projet interuniversitaire de l'AUF-Faculté de Médecine de l'Université Libanaise - Faculté de Médecine Université Montréal - Faculté pharmacie Université P. Sabatier, Toulouse – UIT, kénitra. Projet CORUS (Maroc-Tunisie et France (IRD) Angleterre). Projet financé par l'AIEA. Projet AI Maroc-Espagnole sur l'éducation nutritionnel des femmes Andalouses et Marocaines.

Il est toujours activement présent dans plusieurs sociétés savantes : membre actif, expert et personne ressource auprès des Ministères, organisations nationales et internationales et alliances agissant dans les domaines de nutrition-santé, de la recherche scientifique et de la formation.

En 2007, il est distingué par la Médaille de mérite lors de la Journée Mondiale d'Alimentation par la FAO sous le thème « le Droit de l'Homme en Nutrition » (16/10/2007). Et en 2006, il est distingué par le 1^{er} Prix de la Revue Maroc Médical lors du Congrès de Société Marocaine de Néonatalogie à Marrakech. Il est Président d'honneur « Arab Healthy Water Association » (AHWA).

MICROBIOTE, NUTRITION ET SANTÉ

Prof. Abdellatif Bour

Université Ibn Tofaïl, Kenitra, Maroc

bour.abdellatif@gmail.com

Résumé

Nouvelle dénomination de la flore, puis de la microflore, le ‘‘Microbiote’’ est l’ensemble des microorganismes vivant en accord avec leur hôte. Il constitue principalement l’écosystème microbien digestif, de l’hôte et des aliments ; il est responsable de l’homéostasie et participe au maintien de la santé de l’hôte.

Par ailleurs, les ‘probiotiques’, connus depuis plus d’un siècle, sont sujets de plus en plus d’études qui démontrent les effets bénéfiques de leurs souches sur la santé de l’Homme, et de plus en plus d’études démontrent aussi le renforcement de leurs effets bénéfiques quand ils sont agencés à des ‘prébiotiques’ pour constituer les ‘‘symbiotiques’’ ; à tous les niveaux de l’organisme, pour toutes les tranches d’âges, tous les états physiologiques et dans les deux sexes, et ce, en agissant surtout dans la prévention de la majorité des pathologies (dermatologiques, gynécologiques, immunologiques, cognitives, etc ..).

La composition du microbiote, très complexe et diversifiée, évolue en fonction de l’environnement et de l’alimentation de l’hôte, pour se stabiliser tôt dans la vie, vers les deux ans de l’individu ; et chaque Homme possède son propre microbiote, reflet de son environnement.

Chez l’individu sain, le microbiote, une fois stabilisé, ne subira que des changements ponctuels, conséquences de la prise d’antibiotiques ou d’un changement d’alimentation. Toutefois, les populations «*en mal de ventre*», malmenées par une vie trop stressante, trépidante, une malbouffe, une alimentation désorganisée à grands désordres nutritionnels sont exposées à la désorganisation de leur microbiote à conséquences lourdes sur leur santé.

Dans ce travail, après un bref historique, après la définition des concepts et après la description des mécanismes d’actions, seront abordées les différentes facettes de ce grand organe désormais qualifié de ‘‘Deuxième cerveau’’.

Mots clés : Microbiote, probiotiques, symbiotiques, nutrition, santé.



Professeur Mohamed ETTAYEBI

Faculté des Sciences Ddhar El Mahraz, Université Sidi Mohamed Ben Abdellah, Fès-Maroc.

Professeur Mohamed ETTAYEBI est titulaire d'un Ph. D. en génétique moléculaire à l'université de New York Buffalo, New York, USA.

Pr. ETTAYEBI était professeur invité dans de nombreux instituts notamment :

- Institute for Infectious Disease Research, McMaster University, Canada,
- Thermal Biology Institute, Montana State University in Bozeman, Montana, USA,
- International Center for Genetic Engineering & Biotechnology, Rome, Italy.

Il était coordonnateur de

- la division des sciences de la vie à l'Université Al Akhawayn d'Ifrane au Maroc
- l'unité de recherche en Biotechnologie et Biodiversité de l'institut de Biologie thermal à l'université de l'état de Montana aux USA.
- BBE consortium, *Biodiversity, Bioenergy and Environment Research Group*, (FSDM-USMBA)

Pr. ETTAYEBI a occupé le poste de chef de département des Sciences de la vie à la FSDM-USMBA, où il était aussi directeur de l'unité de recherche de Biotechnologie. Ses principaux domaines de recherche sont orientés vers les applications du génie génétique en épidémiologie, écologie ou biotechnologie, il s'intéresse aussi aux Bioénergies

METAGENOMIC TOOLS FOR THE STUDY OF INTESTINAL MICROBIOME TOWARDS METABOLIC DISEASES AND THE CONSERVATION OF ENDANGERED SPECIES

Prof. Mohamed ETTAYEBI

Faculté des Sciences Ddhar El Mahraz, Université Sidi Mohamed Ben Abdellah, Fès-Maroc
moettayebi@gmail.com

The rapid developments of bioinformatics and New Generation Sequencing technologies have recently stimulated a revolution in the field of genomics. New scientific branches are quickly transforming our understanding of biological processes. These include pharmacogenomics, chemical genomics and metagenomics. Metagenomics is allowing us to uncover all microorganisms living in a specific environmental niche; the richness, complexity and evolution of microbial biodiversity as well as the discovery of new genes and new metabolic pathways. In fact, culture independent methods are important for the analysis of the structure and function of whole microbial communities. Moreover, metagenomics is being applied to various biotechnologies ranging from analyzing the microbiome in relation with different diseases to environmental quality control and the discovery of novel bioactive compounds. We propose utilizing metagenomic tools and analysis to establish the microbiome taxonomic profile of an endangered specie's in to understand its adaptation to its surrounding environment. The aims and objectives of the project will be presented.



Professeur Hassan GHAZAL

Centre Nationale de la Recherche Scientifique et Technique (CNEST),
Rabat, Maroc.

Le professeur Hassan GHZAL a eu son doctorat en Biologie Moléculaire de l'Université Libre de Bruxelles (VUB). Il a effectué des Postdoctorats en génomique au Southern Illinois University, IL, USA et à l'University of Delaware, DE, USA. Il est membre du laboratoire de Biotechnologie de la FSDM à Fès. Il a été auparavant enseignant chercheur à l'Université Mohamed Premier. Il est Chercheur alumnus Fulbright au Centre National pour l'Information en Biotechnologie (NCBI)/Instituts Nationaux de Santé (NIH), Bethesda, MD, USA. Ses domaines de recherche concernent la Génomique, la Métagénomique et la Bioinformatique. Il est membre du Réseau Africain de Bioinformatique H3Abionet/H3africa, et Ambassadeur au Maroc de l'Association Américaine de Microbiologie (2016-2021).

LE MICROBIOME INTESTINAL DE PATIENTS MAROCAINS ATTEINTS DU CANCER COLORECTAL

Prof. Ghazal Hassan

Centre National de la Recherche Scientifique et Technique, Rabat, Morocco.

hassan.ghazal@fulbrightmail.org

Le cancer colorectal (CCR) représente la troisième cause la plus fréquente de cancer, avec un million de nouveaux cas dans le monde chaque année, et une mortalité avoisinant 30%. Le développement des techniques “omiques” nous permet aujourd’hui d’appréhender de façon assez précise les mécanismes moléculaires à l’œuvre dans l’émergence et la progression de cette forme de cancer. Parmi les domaines les plus étudiés, celui qui analyse les relations entre environnement et développement tumoral est particulièrement actif. A cet égard, le microbiome intestinal (MI) **joue un rôle majeur dans les troubles gastro-intestinaux dont l’apparition de cancer colorectal.** L’avènement récent de la métagénomique, qui permet de s’affranchir de la culture des microorganismes notamment *via* les techniques de séquençage d’ADN NGS basées sur l’analyse des gènes ribosomiaux bactériens 16S ou du métagénome, offre la possibilité d’analyser ce vaste écosystème. La comparaison des résultats obtenus à partir d’échantillons tissulaires ou de matières fécales chez des sujets contrôles et des patients cancéreux a permis de mettre en évidence chez ces derniers des modifications de la composition de la flore microbienne. Nous avons comparé le microbiome de selles de patients cancéreux marocains à celui des individus en bonne santé par séquençage d’amplicons d’ARNr 16S. Nos résultats ont montré que les échantillons de cancer contenaient des proportions plus élevées de Firmicutes, plus précisément de Clostridia et de Fusobactéries, en particulier des Fusobacteriia, tandis que les bactéroïdes ont été enrichis dans des échantillons sains, en particulier la classe des Bacteroidia. *Porphyromonas*, *Clostridium*, *Ruminococcus*, *Selenomonas* et *Fusobacterium* étaient significativement surreprésentés chez les patients malades, comme dans d’autres études. La prédiction fonctionnelle comparative des métagénomes par inférence a montré que les protéines de motilité bactérienne, d’assemblage flagellaire et du métabolisme de la biosynthèse des acides gras étaient significativement surreprésentés chez les patients cancéreux, tandis que le métabolisme des acides aminés et la biosynthèse des glycanes étaient surreprésentés chez les témoins. Ceci suggère que l’implication de ces métagénomes fonctionnels est pertinente dans le processus de cancérogenèse, indépendamment de l’origine des échantillons. Cependant ces données d’analyse comparative entre sujets sains et patients atteints de CCR, restent descriptives et se fondent sur des corrélations, incitant à une interprétation prudente. Il se peut que ces modifications du MI traduisent simplement des changements dans l’environnement secondaires au développement de la tumeur. Ceci dit, les résultats de notre étude ont permis d’identifier des taxons bactériens pertinents pour la population marocaine et encouragent des études d’échelle afin de proposer des approches thérapeutiques population-spécifiques.

MOTS CLÉS: Séquençage de l’ARNr 16S; Metagénomique, Communauté bactérienne; Cancer colorectal (CCR); Microbiome intestina (MI); Population marocaine



Dr Nabil ISMAILI

Oncologue Médical

Professeur Assistant en Oncologie médicale

nabilismaili@yahoo.fr

Dr. ISMAILI a eu son diplôme de médecine générale à la Faculté de Médecine et de Pharmacie, Université Mohammed V, Rabat (2006), Attestation de Formation Spécialisée (AFS) en oncologie médicale à l'université Claude Bernard Lyon 1, France (2007). Dr. ISMAILI a eu son diplôme de spécialité en oncologie médical à l'Institut National d'Oncologie de Rabat (2009). Il est oncologue à l'hôpital Universitaire Cheikh Khalifa et Professeur assistant à l'Université Mohammed VI des Sciences de la Santé de Casablanca (2016). Les principaux domaines de recherche de Docteur ISMAILI sont: cancers du sein, cancers urologiques, cancers gastro-intestinaux, cancers du nasopharynx...etc. Dr. ISMAILI est membre de plusieurs sociétés de recherche sur le cancer : ASCO, ESMO AACR, ... etc. Il est trésorier de la Société Marocaine de Cancérologie depuis 2016.

BIOGRAPHIE DES ANIMATEURS ATELIER DE BIOINFORMATIQUE



PhD. Esteban Pérez WOHLFEIL

Researching in High Performance Computing and Parallelism applied to life Sciences, particularly in comparative genomics and metagenomics.

University of Malaga in Spain.

He obtained his Bachelor of Science in Computer Engineering and his Master of Science in Artificial Intelligence and Software Engineering. He is currently part of the BITLAB (Bioinformatics and Information Technologies Laboratory) research team led by Pr. Oswaldo Trelles.



Sergio Díaz del Pino is a PhD. student at the University of Malaga in Spain

Researching in Artificial Intelligence applied to Life Sciences.

He obtained his Bachelor of Science in Computer Engineering and his Master of Science in Artificial Intelligence and Software Engineering. He is currently part of the BITLAB (Bioinformatics and Information Technologies Laboratory) research team led by Pr. Oswaldo Trelles.

WORKSHOP: INTRODUCTION TO METAGENOMICS PROCESSING

PhD. Esteban Pérez WOHLFEIL

PhD. student Sergio DÍAZ DEL PINO

University of Malaga in Spain

estebanpw@uma.es

sergiodiazdp@uma.es

Description: In this workshop we will learn how to carry out metagenomic experiments from the computational perspective. The workshop is divided in two sessions (1) offline, custom processing and (2) online processing. In the offline session, we will teach how to analyze the content of metagenomes, compare them, generate plots, export reusable data, study their statistical significance and analyze their functional content using several databases. In the online session, we will learn how to search, retrieve and upload data from public repositories, as well as using the online tools offered publicly to process our metagenomes, and compare results with our local and custom experiments.

PROGRAMME SCIENTIFIQUE

Lundi 29 Octobre 2018

Salle des conférences – Faculté des Sciences Dhar El Mahraz

08h00-09h00 : **Accueil et inscription des participant(e)s**

09h30-10h30 : **Cérémonie officielle d'ouverture:**

- Mot du président de l'université Sidi Mohammed Ben Abdellah
 - **Pr. R. MRABET**
- Mot du Doyen de la Faculté des Sciences Dhar El Mahraz
 - **Pr. M. BENLEMLIH**
- Mot de la représentante de l'université Bonn-Rhein-Sieg/Allemagne
 - **Pr. M-P. WEISSHAAR**
- Mot du Membre du consortium H2020/Ukraine
 - **Pr. S BOHZA**
- Mot du coordonnateur de l'American Society for Microbiology
 - **Pr. H. GHAZAL**
- Mot du représentant du DAAD au Maroc
 - **Pr. K. ABERKANI**
- Mot du Coordonnateur du colloque
 - **Pr. H. BEKKARI**

10h30-11h00 : **Cocktail de bienvenue**

11h00-12h00 : **Conférence plénière inaugurale**

Modérateurs: Pr. H. EL AMRI – Pr. A. SGHIR

- **LA GENETIQUE MEDICALE AU MAROC: 2018**
 - **Pr. K. OULDIM**

13h00-14h30 : **Pause déjeuner**

15h00-16h00 : **Conférences thématiques:**

Modérateurs: Pr. M. SAGHI – Pr. H. BEKKARI

- **MICROBIOTE CANCER ET IMMUNOTHERAPIE**
 - **Dr. N. ISMAILI**
- **MICROBIOME ET INTESTIN**
 - **Pr. H. GHAZAL**

16h00-16h30 : **Pause-café et visite des posters**

16h00-17h00 : *Modérateurs: Dr. N. ISMAILI – Pr. A. EL OUALI LALAMI*

- **MICROBIOTE, NUTRITION ET SANTE**

- **Pr. A. BOUR**

17h00-18h30 : **Communications Orales**

SESSION 1: GENETIQUE MOLECULAIRE APPLIQUEE/GENOMIQUE

Modérateurs: Prs. A.EL KARKOURI – D. BOUSETA

CO1: Génomique en temps réel et taxono-génomique pour la caractérisation d'isolats humains atypiques

Mossaab Maaloum

CO2: *Staphylococcus aureus* sensible à la Mécilline: un microorganisme majeur dans les infections ostéo-articulaires de l'enfant au CHU Hassan II de Fès

Moutaouakkil

CO3: Evaluation de 4 algorithmes de détection des CNV par séquençage d'exome : Comparaison de méthodes et validation technique

Qebibo. L

CO4: Nasal carriage of Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in animals farms in Tangier, Morocco

Mourabit. N

CO5: Molecular identification of lactic acid bacteria showing strong antifungal activity against food spoilage fungi

Lakhlifi. T

CO6: Wide Spread of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* coexpressing OXA-23 and GES carbapenemases in Morocco.

El Hafa. H

CO7: The association of human Type 2 diabetes with fecal *Lactobacillus* group composition in Morocco

Khamlich. J

18h30-19h00 : **Questions et Discussion**

Mardi 30 Octobre 2018

Salle des conférences – Faculté des Sciences Dhar El Mahraz

09h00-10h00 : **Conférences thématiques:**

Modérateurs: Pr. O. TRELLES SALAZAR – Pr. S. EL ABED

- **METAGENOMIC TOOLS FOR THE STUDY OF INTESTINAL MICROBIOME**

- **Pr. M. ETTAYEBI**

Modérateurs: Pr. H. EL AMRI – Pr. S. EL ABED

- **METAGENOMIQUE ET MICROBIOMES: LA COMPLEXITE DE LA TACHE**

- **Pr. A. SGHIR**

10h00-10h30 : **Pause-café & visite des posters**

10h45-12h30 : *Modérateurs: Pr. Maria-Paz WEISSHAAR–Pr. H. GHAZAL*

- **METAGENOMICS CONCEPTS, TOOLS AND METHODS**

- **Pr. O. TRELLES SALAZAR**

13h00-14h30 : **Pause déjeuner**

15h00-16h00 **Conférences thématiques:**

Modérateurs: Pr. A. BOUIA– Pr. D. BOUSETA

- **LES APPORTS DE LA GENETIQUE MOLECULAIRE A L'ESSOR DES BIOTECHNOLOGIES MICROBIENNES**

- **Pr. M. SAGHI**

- **MICROBIOLOGIE FORENSIQUE ET BIOSECURITE**

- **Pr. H. EL AMRI**

16h00-16h30 : **Pause-café et visite des posters**

16h30-18h30 : **Communications Orales**

SESSION2: MICROBIOLOGIE ET ENVIRONNEMENT

Modérateurs: Prs. S. EL ABED – A. IRAQI HOUSSEINI

CO8: Thermostable cellulases from the yeast *Trichosporon sp*

Touijer. H

CO9: Caractérisation des bactéries acétiques thermotolérantes isolées du cactus pour la production du vinaigre au Maroc

Es-sbata. I

CO10: Olive mill wastewater (OMW) organic matter humification in soil

El Hassani. F.Z

CO11: Interaction hôte-Bifidobacterium et son rôle protecteur anti-infectieux Host-Bifidobacterium interaction and its protective role against infection

Sobh. M

CO12: Isolement et identification des bactéries lactiques isolées à partir du lait cru de la ville d'Oujda

Bennani.S

CO13: Production and Characterization of Cellulases from Halophilic Bacteria Isolated From Hypersaline Biotopes in Morocco

Drissi Kaitouni. L

16h30-18h30 : **Communications Orales**

SESSION3: MICROBIOLOGIE MEDICALE

Modérateurs: Prs. A. BARI – A. EL OUALI ALAMI

CO14: Maladies hydriques. analyses de 301 cas déclarés sur l'axe Meknès-Khémisset durant les années 2015 2016 et 2017

Dahbi N.

CO15: Screening for natural compounds, with antioxidant activity, from halophilic bacteria isolated from the Dead Sea

Massaoudi. Y

CO16: Evaluation des activités biologiques de *Capparis spinosa.l*

Zeroual. A

CO17: Effect of melanin produced by Black Yeasts on antibacterial activity against different human pathogens

Benmessaoud. S

CO18: Evaluation de l'activité protéolytique, anti-radicalaire, antibactérienne et acidifiante des bactéries lactiques isolées du lait camelin

Moussaid. S

CO19: Effet de séchage sur la teneur et la composition chimique des huiles essentielles de *Brocchia cinerea* et l'évaluation de son pouvoir antioxydant et antibactérien

Chlif.N

CO20: Profil épidémiologique et antibiorésistance des souches de *Pseudomonas aeruginosa* isolées dans les infections nosocomiales et communautaires au niveau de la région Tanger-Tétouan

Elmouaden. C

CO21: Isolement de bactéries lactiques à fort pouvoir d'inhibition de la croissance fongique

Eloirdi. S

18h30-19h00 : **Questions et Discussion**

Mercredi 31 Octobre 2018

Faculté des Sciences Dhar El Mahraz

Ateliers : metagenomique/bioinformatique

- 09h00-10h30** : **Session animée par Dr. Esteban Pérez Wohlfeil**
Hands-on: « Introduction to metagenomics processing »
I. Processing metagenomics with visual tools
1. Analyse and compare metagenomes using MEGAN
 2. Post-process results to extract conclusions
 3. Generate plots
 4. Export data
 5. Study statistical significance
 6. Compare two metagenomes with each other
 7. Perform functional analysis using the KEGG database and MEGAN
- 11h00-12h30** : **Session animée par Dr. Esteban Pérez Wohlfeil**
Hands-on: « Introduction to metagenomics processing »
II. Online processing with public resources and pipelines
1. EBI metagenomics
 2. Searching repositories
 3. Downloading public data
 4. Using the pipeline
 5. MG-RAST
 6. Uploading our data
 7. Processing it
 8. Studying the results
 9. Comparing our results to those obtained online
- 14h00-17h00** : **Session animé par Pr. Abdelghani Sghir**
« Analyse bioinformatique de la diversité microbienne dans les écosystèmes complexes: Exemple du microbiome épuratoire »

COMMUNICATIONS ORALES

SESSION 1:
GENETIQUE MOLECULAIRE APPLIQUEE / GENOMIQUE

CO1: Génomique en temps réel et taxono-génomique pour la caractérisation d'isolats humains atypiques

Mossaab Maaloum^{1,2}, Diop Awa¹, Mamadou Beye¹, Afouda Pamela¹, Ndong Sokhna¹, Dhamodharan Ramasamy¹, Ajay Kumar Mishra¹, Jean-Christophe Lagier¹, Roshan Padhmanabhan¹, Morgane Rossi¹, Erwin Sentausa¹, Rachid Saile², Didier Raoult^{1,3} and Pierre-Edouard Fournier¹

1. URMITE, Institut Hospitalo-Universitaire Méditerranée-Infection, Aix-Marseille, Université, UM63, CNRS 7278, IRD 198, Inserm U1095, Assistance Publique-Hôpitaux de Marseille, Marseille, France
2. Laboratory of Science and Health, Faculty of Sciences Ben M'sik, Hassan II University, Casablanca, Morocco.
3. Special Infectious Agents Unit, King Fahd Medical Research Center, King Abdulaziz University, 4 Jeddah, Saudi Arabia

Résumé:

La taxonomie des procaryotes a évolué au fil du temps, suite à l'introduction de nouveaux outils permettant d'identifier les micro-organismes. L'équipe de recherche de l'IHU de Marseille a récemment conçu une stratégie polyphasique combinant systématiquement les caractéristiques phénotypiques, chimio-taxonomiques et génotypique, ainsi que des informations phylogénétiques, cette approche est nommée la taxono-génomique. L'objectif de ce travail est d'utiliser les génomes comme outil taxonomique pour décrire et classer rapidement les nouvelles espèces bactériennes isolées en laboratoire par approche culturomics

Les isolats bactériens sont identifiés à l'aide de MALDI-TOF MS, amplification et séquençage de l'ARNr 16S pour les isolats non identifiés. L'ADN génomique est séquencé par MiSeq (Illumina). Pour l'annotation du génome, Prodigal est utilisé pour la prédiction des cadres de lecture ouverts (ORF), les séquences de protéines bactériennes prédites sont recherchées dans les bases de données.

Plus 100 nouvelle espèces isolées par culturomics ont été décrites par l'approche de Taxono-génomique tel le cas de *Listeria ivanovii*, l'unique souche de *Listeria* contenant un système de modification de restriction de type I. *Raoultella ornithinolytica*, premier cas d'infection articulaire prothétique par cette souche, cette dernière présentait un système complet de sécrétion de type IVa unique parmi les souches de *R. ornithinolytica* ce qui peut expliquer sa virulence particulière.

Nous sommes fermement convaincus que l'information génomique devrait figurer parmi les critères taxonomiques en plus des paramètres phénotypiques et chimio taxonomiques, nous suggérons également que les nouveaux taxons putatifs soient toujours comparés à leurs voisins phylogénétiques portant des noms valablement publiés, et que les paramètres génétiques obtenus parmi les membres du genre ou de la famille les plus proches soient pris en compte dans la description de la nouvelle espèce.

Mots clé: Microbiologie clinique, Culturomics, Génomique, Taxono-génomique, Taxonomie.

CO2: *Staphylococcus aureus* sensible a la Méricilline: un microorganisme majeur dans les infections ostéo-articulaires de l'enfant au CHU Hassan II de Fès

Moutaouakkil. K¹, Afifi m. A², Chater. L², Atarraf. K², El Fakir. S³, El Yahyaoui. G⁴, Mahmoud. M⁴, Oumokhtar. B¹

1. Laboratoire de microbiologie et biologie moléculaire, Faculté de médecine et pharmacie, Fès;
2. Service de traumatologie-orthopédie pédiatrique CHU Hassan II, Fès;
3. Laboratoire d'épidémiologie, Faculté de médecine et pharmacie, Fès;
4. Laboratoire de microbiologie CHU Hassan II, Fès.

Correspondance: kaoutar_60@hotmail.com

Résumé:

Objectif: Les infections ostéo-articulaires (IOA) de l'enfant posent un véritable problème de santé publique car le retard de prise en charge met en jeu le pronostic fonctionnel de l'enfant. La sévérité des IOA augmente avec l'émergence de la bactérie *S aureus*, bien qu'elle est sensible a la méricilline mais portant la toxine Panton-Valentin (PVL), ce qui impose une vigilance accrue dans la pratique quotidienne des urgences pédiatriques. L'objectif de ce travail est d'étudier l'emergence de *S. aureus* sensible à la méricilline dans les IOA chez l'enfant au CHU Hassan II de Fès.

Matériels et méthodes: Il s'agit d'une étude prospective réalisée pendant une année allant de Décembre 2016 à Décembre 2017. A été inclus tout patient âgé de moins de 16 ans admis au sein du service de Traumatologie-Orthopédie pédiatrique au CHU Hassan II de Fès, et présentant à l'examen détaillé de l'appareil locomoteur des signes ostéo-articulaires. Des prélèvements de ponction ou per-opératoires ont étéensemencés dans des flacons d'hémoculture, pour identifier la bactérie en cause par des tests biochimiques (coloration de Gram, Catalase, Coagulase et Api Staph), déterminer la sensibilité de la bactérie par antibiogramme (selon les normes CA-SFM 2017) et déceler la présence du gène de résistance à la méricilline *mecA* et le gène *pvl* codant pour la toxine PVL par multiplex PCR.

Résultats: Sur 111 patients atteints d'IOA: les arthrites septiques ont représenté 51,35%, les ostéomyélites 46,84% et les spondylodiscites 1,80%. La moyenne d'âge était de 8 ans avec un sex ratio de 1,64. Sur 81 prélèvements réalisés, une bactérie a été identifié chez 40% des patients, et *S. aureus* a été responsable de l'IOA dans 80% des cas. La résistance à la méricilline a été retrouvée chez 1 isolat. Cependant 41% des SASM étaient porteurs du gène codant la toxine pvl.

Conclusion: *S. aureus* reste le microorganisme le plus fréquemment isolé dans ce type d'infection avec rareté de la résistance à la méricilline au Maroc. La majorité des souches PVL+ sont de phénotype sensible. La présence de PVL est un indicateur de la sévérité de la maladie.

Mots Clés: Infection, Ostéo-articulaire, *S. aureus*, Pédiatrie, Méricilline.

CO3: Evaluation de 4 algorithmes de détection des CNV par séquençage d'exome : Comparaison de méthodes et validation technique

Qebibo. L, Olin. V, Clauin. S, Lejeune. E, Karagic. S, Estrade. C, Lafitte. A, Mach. C, Nava. C, Chantot-bastaraud. S, Keren. B, Buratti.J

UF de génomique de développement, Centre de génétique moléculaire et chromosomique, CHU Paris- Groupe hospitalier La Pitié Salpêtrière - Charles Foix

Résumé:

Le séquençage d'exome (WES) devient progressivement incontournable dans le diagnostic de la déficience intellectuelle. Des outils bioinformatiques de détection des variants ponctuels sur WES sont désormais validés et reconnus. Il n'en est pas de même pour la détection des variations de nombre de copies (CNV) sur WES. En effet, il existe de très nombreux algorithmes différents, et il en sort de nouveaux régulièrement, basés majoritairement sur la profondeur de lecture, mais aucun ne fait consensus. En particulier, le nombre de faux positifs détectés est important.

Nous avons voulu mettre en place une méthode simple afin d'évaluer ces algorithmes de détection de CNV sur WES.

Premièrement nous avons testé la concordance des résultats de WES avec les données d'ACPA (Analyse chromosomique sur puce à ADN). Deuxièmement, pour les CNV détectés dans les régions non couvertes par l'ACPA, nous avons émis l'hypothèse que la majorité des CNV de novo détectés étaient des faux positifs. En effet, bien que les CNV de novo soient rares, les algorithmes sur WES les détectent en grand nombre. Nous avons vérifié cette hypothèse en qPCR temps réel sur environ 40 CNV « WES » choisis aléatoirement. Nos premiers résultats confirment qu'il y a plus de faux positifs parmi les CNV de novo que les transmis.

Nous avons appliqué cette méthode d'évaluation sur 4 outils parmi les plus utilisés sur WES: CANOES, CLAMMS, CNVkit et EXCAVATOR2. D'après notre étude, CNVkit et Excavator2 semblent être ceux présentant le plus de vrais positifs et le taux de faux positifs le plus faible avec toutefois des faux négatifs détectés par un ou plusieurs des autres outils. Cela pourrait rendre intéressant la combinaison de plusieurs algorithmes afin d'augmenter la sensibilité. Comparé à l'ACPA, à ce jour le gold standard dans la détection des CNV, la sensibilité semble au moins équivalente dans les régions codantes, mais la spécificité reste très inférieure.

CO4: Nasal carriage of Methicillin -resistant *Staphylococcus aureus* in animals farms in Tangier, Morocco

Mourabit.N^{a,b}, ArakraK.A^a, Bakkali. M^a, Laglaoui. A^a

^a. Faculté des Sciences et Techniques de Tanger, B.P.: 416 - Tanger – Maroc

^b. Institut Supérieur des Professions Infirmières et Techniques de Santé ; Hopital El Kortobi
Tél /Fax : 0539332085–Tanger

Correspondence: nadirauniver@gmail.com

Abstract:

Livestock-associated methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (LA-MRSA) have been found in Europe, USA, Asia and recently in North Africa. In Morocco, LA-MRSA nasal carriage is very limited. The objectives of this study were to determine nasal carriage of *Staphylococcus aureus* and methicillin-resistant *S. aureus* (MRSA) in animals and humans in close contact with animals, and to determine the antimicrobial resistance and virulence genes of the *S. aureus* isolates identified. Nasal swab samples were collected from 27 different private Livestock areas in Tangier. The antibiotic resistance phenotype was determined by disk diffusion. Toxin Panton-Valentin Leukocidin (PVL), toxic shock syndrome toxin-1 gene (*tst*), and *mecA/mecC* were detected by polymerase chain reaction (PCR). The overall *S. aureus* nasal colonization rate in animals was low, 9.97% and high 60% in breeders and the difference was statistically significant, (OR = 14.321 ; 95% CI = 7.484- 27.405; p< 0.0001). In general, *S. aureus* strains are susceptible to the majority of antibiotics and the high resistance rates are determined against tetracycline (11.9%) in animals and (10%) in breeders. No MRSA was detected since none harbored the *mecA* or *mecC* gene both in animals and breeders. A relatively high frequency of *tst* and *lukS/lukF* genes respectively has been found only in animals, 11.9% and 16.7%. To our knowledge, this is the first study to specifically investigate the prevalence of *S. aureus* colonizing animals in Tangier, Morocco.

Keywords: *Staphylococcus aureus*, Nasal carriage, Animals, Breeders, *mecA*, Toxins.

CO5: Molecular identification of lactic acid bacteria showing strong antifungal activity against food spoilage fungi

Lakhlifi. T, Samia Eloirdi. S, Belhaj. A

Laboratoire d'Ecologie et Biodiversité des zones humides, Faculté des Sciences Meknès, BP 11201, Zitoune, Meknès, Maroc.

Correspondence: lakhlifitarik@gmail.com

Abstract:

Food spoilage caused by molds and yeasts leads to severe economic losses worldwide and poses a serious health concern because of the ability of some fungi to produce mycotoxins. The chemical preservatives used to control these fungi became less efficient because of increasing resistance of some fungi toward them and consumer preference for natural products. Thus, lactic acid bacteria (LAB), known for their safety, could be used as bio-preservatives due to their antifungal properties. The aim of this study was to evaluate the antifungal activity produced by LAB isolated from Different food against fungi involved in food spoilage and to identify the most potent antifungal LAB. This activity was screened using the overlay method on MRS (de Man Rogosa Sharpe) agar plates using *Aspergillus fumigatus* as indicator. 20% (58 isolates) of the total isolates (300) exhibited inhibitory activity. These 58 isolates were tested against additional spoilage fungi, *Aspergillus clavatus*, *Penicillium brasilianum* *Fusarium dimerum*, *Candida blankii*, *Candida glabrata*, *Aspergillus fisheri* and *Aspergillus niger*. 15 isolates showed a wide range of antifungal activity and 5 isolates had strong activity against all fungi tested. These 5 isolates were identified by biochemical characters using API 50 CH system and their identification was confirmed by 16S rRNA gene sequencing. The species found belong to *Lactobacillus*, *Leuconostoc* and *Enterococcus* genus. The strong activity of our LAB strains against food-spoilage fungi suggests their potential to be applied as natural food preservative agents.

Keywords: Antifungal activity; Lactic acid bacteria; Bio-preservation; Food spoilage

CO6: Wide Spread of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* coexpressing OXA-23 and GES carbapenemases in Morocco.

Hanane El Hafa ^a, Kawtar Nayme ^b, Najia el hamzaoui ^c, Itto maraoui ^a, Mohammed Sbiti ^d, Khalid Zerouali ^e, Mohammed Timinouni ^b, Abdelhaq Belhaj ^a

^a Ecology and Biodiversity of Wetlands Team, Department of Biology, Faculty of Sciences, Moulay Ismail University, Meknes, Morocco

^b Molecular Bacteriology Laboratory, Pasteur Institute of Morocco, Casablanca, Morocco

^c Medical Biology Laboratory of Regional Hospital Mohammed V, Meknes, Morocco

^d Medical Biology Laboratory of Regional Military Hospital Moulay Ismail, Meknes, Morocco

^e Microbiology Laboratory, University Hospital Center, Ibn Rochd, Casablanca, Morocco

Correspondence: elhafa.hanane@gmail.com

Abstract:

Acinetobacter baumannii (*A.baumannii*) is considered one of the most important opportunistic pathogens causing serious nosocomial infections globally. The acquisition of carbapenemases by *A. baumannii* is reported increasingly worldwide, but only a few data were described in Morocco. The aims of this study were to detect the resistance profile and to identify the presence of genes coding for carbapenemases (oxacillinases and Extended-spectrum beta-lactamases (ESBL)) producing in 81 *A. baumannii* isolates between April 2015 and July 2016 from three hospitals in Morocco.

Antibiotic susceptibility testing was performed using disc diffusion method on Mueller–Hinton agar. The modified Hodge test and Cloxacillin test were used for the detection of carbapenemases and production of an ESBL. Genes encoding carbapenemases was screened via PCR.

Carbapenem resistance (CRAB) was observed in 23 *A. baumannii* isolates, all of them were multi-drug resistant. The modified Hodge test was positive for all CRAB indicating the production of carbapenemases, while five isolates showed synergy between clavulanic acid and imipenem, demonstrating the production of a class A ESBL with carbapenemase activity. PCR results for carbapenemase-encoding genes showed that all of the isolates were positive for the *bla*_{OXA-51} gene. Among them, 16 contained *bla*_{OXA-23} and 15 contained *bla*_{GES}. It is noteworthy that among these isolates, eleven harboured both *bla***OXA-23** and *bla***GES**, indicating that these two carbapenemases are the most prevalent mechanisms of resistance among our strains.

This survey established baseline evidence of OXA-23 and GES producing *A. baumannii* in Morocco, indicating the need for further surveillance.

Keywords: Carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii*; OXA-23; ESBL, PCR

CO7: The association of human Type 2 diabetes with fecal *Lactobacillus* group composition in Morocco

Khamlich. J, Douiyeh. I, Akrim. A.T, El Habchi. D, Elalami. H, Saile. R, Timinouni. M, Wakrim. L, Lkhider. M, Ghazal. H, HAMDI. S

1. Laboratoire Santé & Environnement, Institut Pasteur du Maroc Casablanca, Morocco.
2. Laboratoire des Biosciences, Faculté des Sciences et Techniques de Mohammedia, Université Hassan II de Casablanca, Casablanca, Morocco.
3. Laboratoire de Bactériologie Moléculaire, Casablanca, Morocco.
4. Laboratoire d'Immunovirologie, Institut Pasteur du Maroc, Casablanca, Morocco.
5. CNRST Rabat Morocco
6. Laboratoire Biologie et Santé, Casablanca, Morocco

Correspondence: jihanekhamlichpro@gmail.com

Abstract:

The recent scientific evidence suggests that intestinal microbiota has an important role in the adjustment of the energy homeostasis and inflammatory reactions. There seems to be an association between microbial dysbiosis with various metabolic disorders, including Type 2 diabetes (T2D). In this study we aim to evaluate changes in composition of the bacterial group *Lactobacillus* present in human gut, in groups of adult patients with T2D and healthy individuals as control. A case-control study was conducted on 39 Moroccan adult participants (21 patients with type 2 diabetes as cases and 21 non-diabetic persons as controls). Intestinal microbiota composition was investigated by quantitative real-time polymerase chain reaction (qPCR) method which targeted bacterial 16S rRNA genes. We found that the quantity of *Lactobacillus* within the diabetic patients was significantly higher than that of the control group (P value<0.001). Our findings shed new light on the gut microbiome in relation to T2D. The differentiated microbiota data may be used for potential biomarkers for T2D diagnosis and prevention of T2D, but also for developing new approaches to control it by modifying the gut microbiota. More investigations with focus on other bacterial groups are necessary to clarify the relationship of T2D with gut normal flora.

Keywords: Type 2 diabetes, *Lactobacillus* group, qPCR.

SESSION 2:
MICROBIOLOGIE & ENVIRONNEMENT

CO8: Thermostable cellulases from the yeast *Trichosporon sp*

Touijer. H^{1,3}, Bekkari. H^{1,3}, Ettayebi. M³, Janati Idrissi. A³, Benchemsi. N²

1. Sidi Mohamed Ben Abdellah University, Faculty of Sciences Dhar El Mahraz, Laboratory of Biotechnology, PO Box 1796, 30003 Fez-Atlas, Morocco.
2. Sidi Mohamed Ben Abdellah University, Faculty of Sciences & Techniques Saiss, Laboratory of Ecology and environment, PO Box 1796, 30000 Fez, Morocco.
3. Sidi Mohamed Ben Abdellah University, Faculty of Sciences Dhar El Mahraz, Biodiversity, Bioenergy and Environment Research Group (BBE), PO Box 1796, 30003 Fez-Atlas, Morocco.

Correspondence: hananetou@gmail.com

Abstract:

Cellulose is a linear polymer of glucose molecules, representing the essential constituent of plant materials. The enzymatic hydrolysis of cellulose requires a complex of hydrolytic enzymes. Cellulases have a great potential in the saccharification of lignocellulose into fermentable sugars that can be used for bioethanol production. This study focused on the research of cellulases enzymes by a yeast isolated from the gut of a coprophagous "*Gymnopleurus sturmi*".

Based on qualitative tests; from a collection of 55 isolates, 30 isolates were considered cellulolytic. An isolate of the genus *Trichosporon* represents the best results in the qualitative tests the latter was chosen to study the kinetics of production of cellulases and the optimization of their activities.

The results showed that the production of carboxymethylcellulase (CMCase) was maximal (0.18 IU / ml) after 4 days of incubation. As for the activity on filter paper (FPase), was maximal (0.09 IU / ml) after 6 days of incubation. Thus the produced enzymes have the property of hydrolyzing different substrates; Carboxymethylcellulose, cellulose fiber and filter paper. The optimum temperature was between 50 and 70 ° C for both enzymes; (CMCase) and (FPase). The optimal pH was 5 for CMCase and 4 to 6 for FPase. The effect of the concentration of the substrates showed that the best activities are obtained at a concentration of 100 mg / ml of CMC or filter paper. The highest activities were 0.5 for CMCase and 0.47 for cellulase fiber at 10 min incubation and 0.4 IU / ml at 15 min incubation and 24h pre-incubation for FPase.

From these results, it can be concluded that the cellulases produced by the yeast of interest are able to hydrolyze soluble and insoluble substrates at high temperatures and at a wide pH range. In fact, these enzymes may have potential applications in the treatment of agricultural waste and the bioremediation of cellulosic materials for sustainable bioethanol production.

Keywords: *Trichosporon sp*, Optimization, Carboxymethylcellulase, Filter paper activity

CO9: Caractérisation des bactéries acétiques thermotolérantes isolées du cactus pour la production du vinaigre au Maroc.

Es-sbata. I^a, Yatim. M^a, El Kahkahi. R^a, Sbiti. M^b, Zouhair. R^a

^a Laboratoire de Biotechnologie Végétale et Biologie Moléculaire, Département de Biologie Faculté des sciences, Meknès, Maroc

^b Laboratoire de Biologie Médicale, Service de Bactériologie-Virologie, Hôpital Moulay Ismail, Meknès, Maroc

Correspondance: ikram.essbata@usmba.ac.ma

Résumé:

Ce travail proposé entre dans le cadre d'un projet de valorisation, de gestion et de conservation des ressources naturelles durables au Maroc. En effet, à une certaine période de l'année, les fruits du figuier abondent dans la plupart des régions du Maroc et l'autoconsommation du fruit par la population n'est pas apte à absorber la production excédentaire. La valorisation du surplus de la production par le développement d'un procédé de fermentation acétique contrôlée se justifie dès lors. L'objectif principal de ce travail, est d'isoler et de sélectionner des bactéries acétiques convenables pour la production industrielle du vinaigre à partir des fruits du figuier.

À partir des fruits d'*Opuntia ficus-indica* collectés dans deux régions marocaines à savoir My Idris Zarhoune et et Rhamna, nous avons isolés et purifiés 160 souches bactériennes ayant la capacité de production de l'acide acétique sur le milieu sélectif solide GYC. Parmi ces 160 isolats, cinq souches se présentent avec des grandes zones claires. Les analyses microbiologiques, ont montré après coloration de Gram que ses cinq isolats sont des bactéries Gram négatifs ou Gram variable. Elles se présentent sous forme de coccobacille de taille variable, en amas ou en chaînettes isolés. Les tests biochimiques conventionnels, ont également révélés que ses cinq souches, sont catalase positive, oxydase négatif. Nous avons pu montrer également que la plus grande quantité d'acide acétique en termes de valeur de l'IP a été produite par les cinq isolats à 30°C. Ces souches montrent également qu'elles peuvent s'adapter rapidement à des conditions des températures de 35°C à 39 °C. Le criblage des cinq isolats en fonction du pH et de la concentration de l'éthanol, a montré, une marge de tolérance optimale, pour les pH entre 3 et 6, et pour une concentration d'éthanol de 6%. Ces souches sélectionnées, ont montré une surproduction de l'acide acétique à 30°C qui a pu atteindre 40g/l. L'identification biochimique à travers l'observation du profil de fermentation des hydrates de carbone de ces souches en utilisant la galerie API-50 CH (Biomérieux®, France), montre que ces isolats appartiennent apparemment au genre *Acetobacter*.

Mots clés : Bactéries acétiques, Ferment, Figue de barbarie, indice de puissance, Production acétique, vinaigre.

CO10: Olive mill wastewater (OMW) organic matter humification in soil

F. Z. El Hassani, M. Merzouki, M. Benlemlih

Unit of Biotechnology of the Environment, Laboratory of Biotechnology, Department of Biology, Faculty of Sciences Dhar El Mehrez, University Sidi Mohamed Ben Abdellah, PO Box: 1796 Atlas, Fez, Morocco

Correspondence : benlemlihmo@yahoo.fr

Abstract:

This study investigated the performance of soil in humificating spread OMW organic matter, in presence and absence of OMW and soil microfloras, in microcosms. TG-DTA and FTIR analyses of soil humic acids were performed after 24 months of incubation of microcosms of 1l to which OMW was added as 400 ml/kg of soil. Results show that OMW microflora was more performing than soil microflora at biodegrading OMW phenolic compounds. Humic acids obtained in presence of OMW microflora were rich of proteins and carbonated compounds and poor of phenolic compounds and aliphatics with long chain, compared to those obtained in presence of soil microflora. A detection of OMW recalcitrant phenolic compounds in soil humus was registered after 24 months from OMW application when OMW organic matter biodegradation was performed only by soil microflora.

Keywords: Olive mill wastewater, Humification, Soil

CO11: Interaction hôte-Bifidobacterium et son rôle protecteur anti-infectieux Host-Bifidobacterium interaction and its protective role against infection

M. Sobh¹, B. Chadli¹, S. M. Raoui², F. Errachidi³, N. Chadli¹

1. Microbiologie, Pharmacologie, Biotechnologie et Environnement. FSAC. Univ. Hassan II. Casablanca.

2. Institut Supérieur des Professions Infirmières et Techniques de Santé (ISPTS). Meknès. Maroc.

3. Laboratoire d'Écologie Fonctionnelle et Environnement, F.S.T.USMB. Fès. Maroc.

Correspondance: chadlinour2012@hotmail.com

Résumé:

L'étude de l'écosystème microbien digestif passe obligatoirement par l'étude de la flore microbienne dans son contexte anatomophysiologique (environnement). Cette étude est complexe et nécessite des analyses bactériologiques qualitatives et quantitatives aux différents niveaux du tractus digestif.

La population globale estimée à 10^{14} bactéries est constituée plus de 99% par des bactéries anaérobies strictes dont la majorité sont non cultivable et inconnue pour les microbiologistes. La présence d'une telle quantité de germe n'est explicable que par la colonisation des différents sites du tractus intestinal par les bactéries de la flore normale. Cette colonisation est liée à l'adhésion des germes soit au mucus, soit à la surface cellulaire.

L'étude de l'adhésion, première étape de la colonisation d'un site, permet de mieux comprendre ce qui peut se passer dans cet écosystème complexe et notamment les effets de la flore sur l'hôte.

Le mucus intestinal est constitué approximativement de 1% de son poids par des sels et autres composés dialysables, 0,5-1% de protéines libres. Une proportion similaire en glycoprotéines connu sous le nom des mucines ou mucoprotéines et de 95% ou plus de l'eau.

Les mucines sont produites et secrétées par les cellules à mucus. Elles sont en 20% de protéines et 80% d'hydrate de carbone(monosaccharides), dont le galactose, le fucose, l'acide sialique, la N-acetylgalactosamine et la N-acetylglucosamine.

Le but de ce travail est d'étudier in vivo le mécanisme de colonisation de *Bifidobacterium breve* (*B. breve*) de l'intestin des souris axéniques C3H (gnotobiotique) et son impact sur la composition des mucines intestinales, comparée à des souris C3H conventionnelles.

En analyses bactériologique, il s'est avéré que la souche *B. breve* s'implante rapidement chez les souris axéniques et atteint un taux très satisfaisant, 24 heures après son administration (10^{10} UFC/g de selles).

Par comparaison aux souris axéniques, cette implantation de *B. breve* s'explique par une utilisation faible des composants de la mucine, notamment la N- acetylglucosamine et la N-acetylgalactosamine, comparée aux souris conventionnelles, montrant une dégradation massive de la mucine.

Mots clés: Bifidobacterium breve, Mucines, Souris axéniques C3H, Bifidobacterium breve, Mucins, C3H germ-free life.

CO12: Isolement et identification des bactéries lactiques isolées à partir du lait cru de la ville d'Oujda.

Bennani.S, Mchiouer.K , Meziane.M

Laboratoire des sciences de l'eau de l'environnement et développement durable, Faculté des Sciences, Université Mohammed Premier, Oujda, Maroc.

Correspondance: soukaina-bennani01@hotmail.fr.

Résumé:

Le lait et les produits laitiers sont des aliments nutritifs contenant de nombreux nutriments essentiels et caractérisés par une riche biodiversité en bactéries lactiques. Le lait cru est le produit le plus utilisé pour obtenir des cultures utiles pour l'industrie alimentaire essentiellement de les bactéries lactiques qui participent de façon importante à l'élaboration des caractéristiques organoleptiques (saveurs et qualités nutritionnelles). Les microorganismes du lait sont répartis en deux grandes classes : Microflore indigène ou originelle et la microflore de contamination.

En effet, Parmi les bactéries lactiques ayant comme habitat le lait, nous avons le genre *Streptococcus*, *Lactococcus*, *Lactobacillus*, *Enterococcus*, *Leuconostoc* et *Aerococcus*, ces derniers sont généralement reconnus comme non toxiques et bénéfiques

Dans notre travail, nous nous sommes intéressés à l'isolement et l'identification des bactéries lactiques à partir du lait cru dans la ville d'Oujda. En effet, sur 280 isolats que nous avons collectés à partir de 20 échantillons de laits prévenants des Mahlabas de la ville d'Oujda.

Selon les tests morphologiques, physiologiques et biochimiques, 12 isolats des bactéries lactiques se présentent, dans le milieu M17 sous forme de colonies arrondies de pourtour régulier, leurs cellules sont des cocci en chaîne plus ou moins longues, à Gram+ et catalase négatif. Nous avons aussi montré à l'aide d'une clé d'identification des souches hémolytiques, et non hémolytiques leur capacité à grandir à différentes températures et à une concentration de 6.5% de NaCl . Par ailleurs. Une identification à partir des galeries api nous a permis de sectionner différents bactéries lactique au niveau de l'espèce: *Streptococcus salivarius subsp. Thermophilus*; *Streptococcus equinus*, *Lactococcus lactis subsp. cremoris* ; *Leuconostoc mesenteroides subsp. cremoris*; *Pediococcus damnosus*: *Lactobacillus delbrueckii subsp. Bulgaricus*; *Lactobacillus plantarum*; *Lactobacillus delbrueckii subsp. Lactis*, *Lactobacillus brevis*; *Lactobacillus delbrueckii subsp. delbrueckii*.

A partir des résultats générés, les espèces bactériennes isolées sont très recherchées dans les industries échelle pour ses capacités acidifiantes et aromatisantes, comme *Streptococcus salivarius subsp. Thermophilus*, qui serait intéressant comme culture starter pour la fabrication de produits laitiers.

Mots clés : Lait cru ; Isolement ; Bactéries lactiques ; Identification; Galeries api.

CO13: Production and Characterization of Cellulases from Halophilic Bacteria Isolated From Hypersaline Biotopes in Morocco

Drissi Kaitouni. L¹, Anissi. J¹, Massaoudi. Y¹, Sendide. K², El Hassouni. M¹

1. Université Sidi Mohamed Ben Abdellah, Faculté des Sciences Dhar el Mahraz, Laboratoire de Biotechnologie, Unité de Génétique Moléculaire des Microorganismes, Fés-Morocco.

2. Al Akhawayn University in Ifrane, School of Science and Engineering, Laboratory of Biotechnology, Ifrane-Morocco

Correspondence: mohammed.elhassouni@usmba.ac.ma

Abstract:

Hypersaline biotopes are presumed interesting sources for microorganisms producing specialized enzymes such as cellulases, which are increasingly demanding. In this context, the objective of this study is to investigate the frequency and performances of hydrolase-producing halophilic bacteria from a collection of 234 isolates obtained from different natural and artificial hypersaline biotopes in Morocco.

Microbiology and biochemical assays allowed us to characterize the members of the collection as well as to assess the qualitative and quantitative production of cellulases by this collection of microorganisms. Results showed a large distribution of cellulase-producing bacteria (81/234) with dominance of species belonging to the genera *Brevibacterium spp*, *Halolactobacillus spp*, *Ureibacillus spp*, *Gemella spp*, *Lentibacillus spp*, *Ulvibacillus spp*, *Salinibacterium spp*, *Pedobacter spp*, *Oceanobacillus spp*, *Puniceicoccus spp*, *Pelagicoccus spp*, *Thalassobacillus spp*, *Salinicoccus spp*, *Halobacillus spp*, *Cerasicoccus spp*, *Marinilabilia spp* and *Bacillus spp*. Furthermore, high cellulase activities in the range of 1223.88 U/mg to 10.04 U/mg for halotolerant and slightly halophiles, and a range of 186.31 U/mg to 0.889 U/mg for moderate halophiles, and a range of 44.29 U/mg to 11.21 U/mg for the extreme halophiles were calculated.

Yet, crude/dialyzed enzyme preparations from cell-free supernatants were quantified and characterized using basic molecular tools. Data from inhibition and stability tests showed interesting properties concluding their potential use in different industrial processes.

Keywords : Halophilic bacteria, Cellulases production, Inhibition assays, Kinetic analysis.

SESSION 3 :
MICROBIOLOGIE MEDICALE

CO14: Maladies hydriques. analyses de 301 cas déclarés sur l'axe Meknès- Khémisset durant les années 2015 2016 et 2017.

Najib Dahbi, Lahcen Messaoudi

Université Moulay Ismail, Faculté des Sciences de Meknès

Correspondance : goldenboy82@hotmail.fr

Résumé :

Etant donné que l'approvisionnement en eau pour l'agriculture est parfois insuffisant dans plusieurs régions du Maroc, la réutilisation des eaux usées non traitées dans l'irrigation pose de graves risques pour la santé de la population avec la propagation des maladies hydriques; À ce niveau, la présente étude a pour objectif initial de décrire le profil épidémiologique de ces cas (caractéristiques du patient), puis de déterminer les liens de causalité entre l'émergence de maladies hydriques et les caractéristiques de la population. L'enquête a ciblé 301 malades déclarés durant les années 2015, 2016 et 2017 dans l'axe Meknès Khemisset (l'un des plus grands périmètres de réutilisation des eaux usées brutes au Maroc); La méthodologie adoptée consiste à exploiter les données socio-économiques enregistrées sur les feuilles de "déclaration obligatoire" pour chaque patient ayant contracté une maladie hydriques à l'aide du logiciel SPSS. L'étude du profil des patients ayant contracté une maladie liée à l'eau au niveau de la zone d'étude a révélé: (a) des caractéristiques en faveur d'une vulnérabilité socio-économique, cette vulnérabilité se traduit par un approvisionnement en fruits / légumes lors des souks hebdomadaires et des marchés urbains informels; b) une perception négative de la population à l'égard des eaux usées et de leurs risques pour la santé des personnes ; (c) une association hautement significative a été trouvée entre l'apparition des maladies hydriques et la proximité de secteurs agricoles irrigués par des eaux usée où régnent une forte vulnérabilité socioéconomique, avec des conditions de salubrité et d'hygiène faibles.

CO15: Screening for natural compounds, with antioxidant activity, from halophilic bacteria isolated from the Dead Sea

Yousra Massaoudi¹, Jaouad Anissi¹, Leila Drissi Kaitouni¹, Khalid Sendide², Mohammed El Hassouni¹

1. Université Sidi Mohamed Ben Abdellah, Faculté des Sciences Dhar el Mahraz, Laboratoire de Biotechnologie, Unité de Génétique Moléculaire des Microorganismes, Fez-Morocco.

2. Al Akhawayn University in Ifrane, School of Science and Engineering, Laboratory of Biotechnology, Ifrane-Morocco

Correspondence : mohammed.elhassouni@usmba.ac.ma

Abstract:

Recently, the search for new natural molecules from microorganisms has appealed a lot of attention in several domains.

The present study aims to assess the potential of halophilic bacteria from the Dead Sea (Jordan) to produce natural compounds with antioxidant activity when cultivated in the studied culture medium with different salt concentrations.

By using a set of microbiology methods, the supernatants prepared from a set of 124 bacteria isolated from the Dead Sea were tested for their DPPH[•] Scavenging activity. Out of the 124 tested isolates, ten were selected to be further investigated.

Extracts prepared from fermented culture media showed interesting contents of total phenolics and flavonoid compounds. In addition, they manifested high total antioxidant capacity and DPPH[•] Free radical scavenging activity.

The effect of different parameters on antioxidant activity released in the medium mainly, the concentration of salts in the medium are assessed. Results showed that depending on the salts tolerance by the studied bacterium, the profile of the released compounds changes significantly.

These findings promote a search for new antioxidant compounds from halophilic marine bacteria for use as future alternative in several domains especially, in medicine as antioxidants.

Keywords: Antioxidant activity, Halophilic bacteria, Natural compound.

CO16: Evaluation des activités biologiques de *Capparis spinosa*.1

Ahmed Zeroual, Mehdi Chaouch, Nouredine Eloutassi, Abdellah Chaqroune

Laboratoire de Génie des Matériaux et de l'Environnement(LGME). FSDM. Fez, Morocco.

Correspondance: ahmed.zeroual@usmba.ac.ma

Résumé:

Le terme de « Plantes Aromatiques et Médicinales » (PAM) correspond à une catégorie relativement large qui regroupe à la fois les plantes à usage strictement médicinale, mais aussi celles dont les usages peuvent être voisins et se chevaucher, comme par exemple les aliments, les condiments et les cosmétiques. L'utilisation des plantes aromatiques par l'homme est une pratique antique. De nos jours la majorité des habitants du globe terrestre utilisent de très nombreuses plantes, compte tenu de leurs propriétés aromatiques, comme source d'assaisonnement ou comme remède en médecine traditionnelle. Cependant, cette utilisation ne se base sur aucun critère scientifique, elle tient compte simplement des observations au cours des siècles. L'étude de la chimie des plantes est toujours d'actualité vu que le règne végétal représente une source importante d'une immense variété de molécules bioactives. Parmi ces composés on retrouve, les coumarines, les alcaloïdes, les acides phénoliques, les tanins, les terpènes et les flavonoïdes.

Dans le cadre de la valorisation des plantes médicinales et aromatiques de la région de Taounate, on s'intéressé à l'étude d'une espèce endémique, *Capparis spinosa* L.

L'objectif de ce travail est d'évaluer l'activité antioxydant par le test au DPPH et antimicrobienne par la méthode de diffusion en milieu gélosé des extraits bruts préparés à partir d'un ensemble des parties de la fleur du *Capparis spinosa* (des bourgeons à fleurs, les feuilles et les fruits immatures).

Le matériel végétal, constitué d'un mélange de bourgeons à fleur, feuilles, fleurs et fruits immatures de l'espèce *Capparis spinosa* récolté des régions de Taounate (Bouarous) entre juin et juillet, est séché à l'ombre, et broyé, puis l'extraction a été effectuée. A la fin de chaque extraction, les quatre extraits : méthanol (MeOH), éther de pétrole (Ep), dichlorométhane (DCM) et l'hexane (Hex), ont été concentrés sous vide à l'évaporateur rotatif. Le rendement de l'extraction dépend de plusieurs facteurs à savoir la méthode d'extraction, le temps, la température, le solvant utilisé et la nature chimique de l'échantillon.

Dans la présente étude, l'extraction aqueuse des feuilles et des bourgeons floraux a donné un rendement plus élevé (29,10 %) que celui obtenu par l'extraction méthanolique (20,11%) et aussi par l'hexane (19,75%), bien que le temps est plus long, aussi le rendement dans la cas de l'éther et dichlorométhane est faible. Cette différence est due probablement à la température, car les parties utilisées sont les mêmes dans les deux types d'extractions.

Les résultats de l'évaluation des effets antioxydants a montré de grandes différences entre les extraits des différentes parties, d'une part, et entre l'extrait méthanolique et aqueux d'autre part. Cette activité est due au fait que *Capparis spinosa* possède un potentiel antioxydant et une capacité de capter les radicaux libres, en raison de sa teneur en polyphénols et en flavonoïdes. L'évaluation de l'activité antioxydant par le test de DPPH, a révélé un grand pouvoir antioxydant surtout pour l'extrait méthanolique. Les extraits polaires se sont révélés moindre. Les extraits méthanoliques des feuilles et des fruits possèdent une forte activité antioxydant prouvée au DPPH et au bêta carotène /acide linoléique. Les extraits aqueux renferment moins de polyphénols et de flavonoïdes et présentent des activités antioxydants moins prononcées. La forte activité antibactérienne et antifongique de *capparis spinosa* est due à la présence des molécules hautement active, c'est le cas de thymol et le carvacrol appartenant aux terpènes phénoliques.

Mots clés : *Capparis spinosa*, Activité Antimicrobienne, Activité Antioxydant.

CO17: Effect of melanin produced by Black Yeasts on antibacterial activity against different human pathogens

Safaa Benmessaoud & Jamila Bahhou

Laboratoire de Biotechnologie et Préservation des Ressources Naturelles (BPRN),
Département de Biologie, Faculté des Sciences Dhar El Mahraz, BP : 1796, Fès, Université
Sidi Mohamed Ben Abdellah, Fès, Maroc.

Correspondence: Safaa.benmessaoud@usmba.ac.ma

Abstract:

Occurrence of black yeasts in the slope sediments of Region Fés- Meknes has been investigated at different studies. The black yeast population was found to be very scanty in the area and the isolates could be obtained from 30cm to 1m depth regions in the slope sediments. The isolates were identified as *Hortaea* by identification classic . The biodegradation potential of these strains was found to be very high with all the strains exhibiting protease, lipase and amylase production. The optimum growth conditions were pH 8, salinity 30 ppt and temperature 30oC. The pigment melanin, in these organisms was identified to be of dihydroxynaphthalene type by NMR. The melanin was found to exhibit inhibitory activity against different human pathogens. Melanin degrading enzyme could also be extracted from these organisms.

Keywords: Antibacterial, Black yeasts, Dihydroxynaphthalene, *Hortaea*, Sol, Melanin

CO18: Evaluation de l'activité protéolytique, anti-radicalaire, antibactérienne et acidifiante des bactéries lactiques isolées du lait camelin

Moussaid. S^{1,2}, Ounine. K.²; Benali. A¹, Kabour M.R¹, Maadoudi E.H¹

1. Laboratoire de Technologie et Qualité Alimentaire, CRRRA, INRA, Avenue Ennasr, BP 415 RP, Rabat, Maroc.

2. Laboratoire Nutrition, Santé et Environnement, Faculté des Sciences, Université Ibn Tofail, B.P. 133 Kenitra. Maroc.

Correspondance: sihamfstg@gmail.com

Résumé :

Les bactéries lactiques (BAL) font parties des microorganismes utilisés dans la transformation et la conservation des aliments. Elles ont une activité antibactérienne, anti-tumorale et une capacité de moduler la réponse immunitaire. Il a été montré que certaines BAL possèdent une activité anti-radicalaire et sont capable de diminuer les risques d'accumulation des dérivés réactifs de l'oxygène lors de l'ingestion des aliments. L'objectif de cette étude est d'isoler des BAL d'activité protéolytique, antioxydante et antibactérienne importante. Un total de 48 bactéries ont été isolées à partir du lait camelin. La méthode OPA a révélé que 14% des isolats ont une activité protéolytique importante en libérant jusqu'à 10 mM eq glycine. L'inoculation du lait écrémé par ces isolats a donné une activité anti-radicalaire qui a pu atteindre une inhibition de l'ordre de 34 % mesurée par la méthode DPPH. 30% des isolats ont une activité antibactérienne contre *Staphylococcus aureus* ATTC 25923, *E. coli* ou *Salmonella enterica* CIP 8039 dont, le diamètre de la zone d'inhibition est compris entre 4 mm et 14 mm. L'évaluation de la capacité acidifiante a montré que pour certaines bactéries, le pH a diminué de 6,7 à 3,8 après 24 heures de fermentation. Les BAL isolées permettent donc d'améliorer la qualité nutritionnelle et la digestibilité des protéines du lait transformé. Elles limitent aussi le risque de développement de la flore pathogène dans le produit final.

Mots clés : Bactéries lactiques, Activité protéolytique, Anti-oxydante, Antibactérienne.

CO19: Effet de séchage sur la teneur et la composition chimique des huiles essentielles de *Brocchia cinerea* et l'évaluation de son pouvoir antioxydant et antibactérien

Chlif.N¹, Zekkori. B¹, Id-Dra. A², Bentayeb. A¹

1. Equipe Physico-chimique de la matière condensée, Faculté des Sciences Meknès, Université Moulay Ismail, Meknès, 50 000, Maroc.
2. Equipe de Microbiologie, Faculté des Sciences Meknès, Université Moulay Ismail, Meknès, 50 000, Maroc.

Correspondance: nisrin.chliff@gmail.com

Résumé:

Le présent travail constitue une contribution à l'élucidation de la composition chimique de deux huiles essentielles extraites à partir des parties aériennes de la plante fraîche (HE1) et sèche (HE2) et l'évaluation de l'activité antioxydante en utilisant des dosages in vitro tels que le test de piégeage du radical libre DPPH et la réduction de fer FRAP.

Le pouvoir antibactérien de ces huiles a été testé sur six souches bactériennes pathogènes, telles que : *Escherichia coli*, *Klebsiella Pneumoniae*, *Pseudomonas Aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, *Salmonelle Kentucky* et *Streprococcus Farealis*, selon deux méthodes différentes : l'une d'elles est effectuée par contact direct en milieu solide et l'autre technique réalisée en milieu liquide, afin d'avoir une idée sur l'étendue du champ d'action de ces essences.

L'analyse par CG-MS a permis l'identification de 33 constituants pour HE1 et 50 constituants pour HE2. Alors il semble que le séchage de la plante indique des modifications considérables, sur le plan quantitatif et qualitatif, au niveau des huiles essentielles.

D'après les résultats obtenus, HE1 et HE2 ont montré une faible inhibition des radicaux libres et un faible pouvoir réducteur de fer, par contre elles ont exercé une action biologique bactériostatique sur les bactéries testées.

Mots clés : Plante, *Brocchia cinerea*, Huile essentielle, Composition chimique, Activité antioxydante, Pouvoir antibactérien.

CO20: Profil épidémiologique et antibiorésistance des souches de *Pseudomonas aeruginosa* isolées dans les infections nosocomiales et communautaires au niveau de la région Tanger-Tétouan

Elmouaden. C^{a,b*}, Laglaoui. A^b, Ennaneï. L^a, Abid. M^a

^a Département de recherche, Institut Pasteur du Maroc, 90000, Tanger

^b Equipe de recherche biotechnologie et génie des biomolécules, FST, 90000, Tanger

Correspondance: etudiantedefst@gmail.com

Résumé:

Pseudomonas aeruginosa est une bactérie opportuniste qui infecte essentiellement des patients hospitalisés et immunodéprimé. Les informations sur l'épidémiologie des infections nosocomiales et communautaire causées par cette bactérie dans la région du Nord du Maroc sont limitées. L'objectif de cette étude est de déterminer le profil épidémiologique et la sensibilité aux antibiotiques des *Pseudomonas aeruginosa* isolées de la population hospitalière et non hospitalière de la région Tanger-Tétouan.

Il s'agit d'une étude rétrospective portant sur l'ensemble des souches de *Pseudomonas aeruginosa* nosocomiales et communautaires isolées au sein des hôpitaux publics et des laboratoires privés de la région Tanger-Tétouan, sur une période de deux ans allant de Janvier 2015 à Décembre 2016. Une fiche d'exploitation a été conçue pour relever les principales données (âge, sexe, la nature de prélèvement ...etc.). L'identification des isolats était basée sur l'étude de leurs caractères morphologiques, culturels et biochimiques et l'antibiogramme a été réalisé selon la méthode de diffusion sur gélose et l'interprétation selon les recommandations du CA-SFM.

Au cours de la période d'étude on a pu collecter 163 souches de *Pseudomonas aeruginosa*, les souches nosocomiales représentent 47% des isolats par contre les souches communautaires représentent 53%. On a également noté que le service de réanimation a été à l'origine de 52% des souches. Cette souche était plus fréquente chez les hommes (55,9%) que chez les femmes (44,1%) avec un sexe ration M / F = 1,26. Cette bactérie est plus fréquente dans les infections urinaires avec un taux de 56,1%. Notre étude a révélé qu'environ 27.1% de *Pseudomonas aeruginosa* isolées étaient résistantes à Aztreonam et 14.2% à la Meropénème. Notre étude a démontré qu'il y a une émergence de *Pseudomonas aeruginosa* pour faire face à ce défi, les établissements de santé doivent mettre en place des stratégies de surveillance et de contrôle.

Keywords: *Pseudomonas aeruginosa*, Infection nosocomiale, Infection communautaire.

CO21: Isolement de bactéries lactiques à fort pouvoir d'inhibition de la croissance fongique

Eloirdi. S, Elkhalifi. T, Belhaj. A

Université Moulay Ismail, Faculté des Sciences de Meknès, Equipe Ecologie et Biodiversité des Zones Humides, Département de Biologie, BP 11201, Meknès, Maroc,

Correspondance: samiaeloirdi@gmail.com

Résumé:

La contamination et l'altération des denrées alimentaires, notamment les fruits, par les moisissures engendrent de lourdes pertes économiques aux producteurs et représentent un danger pour la santé du consommateur à cause de la production des mycotoxines par certains champignons, tels que *Aspergillus*, *Fusarium* et *Penicillium*. La lutte chimique contre ces moisissures s'avère souvent efficace, mais elle présente de sérieux problèmes toxiques aussi bien pour la santé du consommateur que pour l'environnement. Ainsi, l'utilisation d'une voie de traitement biologique représenterait une voie alternative prometteuse, A ce propos, les bactéries lactiques (LAB) représentent un outil biologique très prometteur, certaines d'entre elles synthétisent des molécules à caractère hautement antifongique.

L'objectif du présent travail est d'isoler et d'identifier des bactéries lactiques ayant la capacité d'inhiber la croissance des moisissures, en vue de les utiliser comme alternative aux traitements conventionnels contre la pourriture des fruits et des agrumes.

Ainsi, 154 souches de LAB ont été isolées à partir de divers aliments tels que le miel, le lait fermenté, jus de la canne à sucre et l'orge, sur milieu MRS (Man, Rogosa et Sharpe) gélosé pour les lactobacillus et M17 pour les lactococcus. Le test de l'activité antifongique a été réalisé selon la méthode de double couche contre les champignons *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus niger*, et *Aspergillus clavatus*.

Les résultats obtenus ont montré que parmi les bactéries isolées 41(ie26, 62%) ont une activité antifongique, dont 12(7,79%) inhibent la plupart des moisissures testées, à savoir *Aspergillus fumigatus*, *Aspergillus clavatus*, et *Aspergillus Niger*. Le pouvoir antifongique des bactéries isolées lors de cette étude, pourrait être exploité comme substituant des produits chimiques pour assurer une conservation naturelle des fruits.

Mots clés: Bactéries lactiques, Activité antifongique, Bio-préservation.

COMMUNICATIONS AFFICHEES

CA1: Génomique et Bio-informatique de la surdité au Maroc

El Fizazi K^{1,2}, Bouguenouch L^{1,2}, Ouldim K^{1,2}

1. Laboratoire de Génétique Médicale et d'Oncogénétique, CHU Hassan II, Fès, Maroc

2. Laboratoire de recherche biomédicale et translationnelle, Faculté de Médecine et de Pharmacie de Fès, Université Sidi Mohammed Ben Abdellah, Fez, Morocco

Correspondance: Khawla.elfizazi@usmba.ac.ma

Résumé:

La surdité est un état pathologique caractérisé par une perte partielle ou totale uni ou bilatérale du sens de l'ouïe. Elle constitue le déficit sensoriel le plus fréquent. Elle affecte environ 1 enfant sur 1000 et sa prévalence augmente avec l'âge. Environ 130 000 cas de déficiences auditives et 630 cas de surdité congénitale sont détectés chaque année au Maroc.

Actuellement, l'origine génétique est incriminée dans 60-80 % des cas. Les surdités génétiques sont dans la grande majorité des cas, des maladies monogéniques et la déficience auditive est le plus souvent due à une atteinte cochléaire.

La recherche de ces mutations, chez un sujet atteint d'une surdité, sera un outil important pour la santé publique. Elle permettra d'améliorer considérablement la qualité du conseil génétique sollicité par les parents et de répondre avec précision à de nombreuses questions sur le caractère héréditaire de la surdité, les risques pour les enfants à venir et l'évolution de la surdité.

Actuellement, les méthodes de séquençage à haut débit sont porteuses de grands espoirs en terme d'innovations médicales notamment dans le diagnostic moléculaire des surdités d'origine génétique. Un panel de 100 gènes possiblement impliqués être testé.

Notre objectif principale est d'utiliser le séquençage de nouvelle génération pour identifier de manière plus optimale, par rapport au séquençage classique de type Sanger, des mutations dans des gènes impliqués dans la surdité chez la population marocaine. Par la suite on va illustrer l'intérêt des outils bio-informatiques pour l'analyse des données générées par le séquençage de nouvelle génération.

Mots clés: Génomique, Bioinformatique, Surdité génétique.

CA2: Recovery of microorganisms associated with decomposing green household waste in the natural environment

El Barnossi. A, Moussaid, F.Z, Iraqi Housseini.A

Laboratory of Biotechnology, Team of Microbial Biotechnology. Faculty of Sciences Dhar El Mahraz. Sidi Mohammed Ben Abdellah University, Fez B.P 1796 Fez-Atlas, 30003 Morocco

Correspondence: azeddino1994@gmail.com

Abstract:

Human activities create millions of tons of waste each year, and this waste is handled, stored, collected and disposed of which, can pose risks to the environment and public health. Worldwide, there are two main waste recovery mechanisms including composting (aerobic composting and vermi-composting), and energy (incineration, granulation, and biomethanization,etc.). For this reason, we have set ourselves the objective of recovering microorganisms associated with decomposing waste in the natural environment. During our research, microbial groups were isolated and purified on elective media at a temperature of 28 °C. Pure isolates have been taken into account more thoroughly, to select by selective screening, species that could enter pharmacological, phytopathological and industrial applications.

The selective screening carried out during our study has allowed us to select microorganisms that have antagonistic power against harmful fungi especially against *Byssochlamys nivea*, *Moniliella acetoabutens*, *Fusarium oxysporum*, *Fusarium moniliforme*, *Aspergillus sp* and other species.

Keywords: Green household waste, Decomposition, Recovery and Microorganism.

CA3: Antimicrobial resistance and biofilm formation of Salmonella serotypes isolated from food industry in Morocco

A. Ellassri, H. Koubali, A. Jaafari, K. Elfazazi, H. Zahir, H. Latrache, M. El Louali.

Laboratoire de bioprocédés et biointerfaces. Faculté des Sciences et Techniques, Université Sultan Moulay Slimane, BP 523, Béni Mellal, Maroc.

Correspondence :

Abstract:

Salmonella spp has the ability to produce biofilms on different surfaces used in food industry process, pharmaceutical..., and also causes a major problem of antibiotic resistance. The aim of our study is to determine the relationship between resistance to antibiotics and the ability to form biofilms. A total of 33 strains belong to 19 different serotypes was screened for: 1) the ability to form biofilms using the microtiter plate method (crystal violet assay) and 2) antimicrobial susceptibility by the disk diffusion method on Mueller-Hinton agar using 12 different antibiotics belonging to 8 different classes. A correlation between the 2 phenotypes were carried.

Our results show that biofilm formation ranged from $0,21 \pm 0,02$ (S.Hadar) to $0,87 \pm 0,13$ (S.Altona) ($p < 0,001$). The strains were classified as moderate (18 strains, 54,54%), weak (11 strains, 33,33%) or absent (4 strains, 12,12%) biofilm producers. For antimicrobial susceptibility, a total of 33 (100%) strains were resistant to Cefixime, Kanamycin and Ceftazidim; 32 (96,97%) Colistin, 31 (93,94%) Tobramycin, 17 (51,52%) Amoxicillin/Clavulanic ac, 16 (48,48%) Norfloxacin, 14 (42,42%) Amikacin, 12 (36,36%) Gentamicin, 9 (27,27%) Tetracyclin, 3 (9,09%) Ciprofloxacin and only one (3,03%) strain was resistant to Imipenem. There was a significant positive correlation between antimicrobial resistance and biofilm formation of strains: Pearson's coefficient = 0,87 ($p < 0,001$) and Spearman's coefficient = 0,84 ($p = 0,001$).

Keywords: Salmonella, Antibiotics, Resistance, Biofilm.

CA4: Production économique des enzymes ligninolytiques par fermentation microbienne à l'état solide des déchets agro-industriels (Résidus de Pommes et d'Oranges au Maroc)

O. El Hachimi, H. Bellaoui

Faculté des sciences de Rabat, Centre d'Etudes Doctorales Sciences et Technologies,
Laboratoire de Biologie des Pathologies Humaines,

Correspondance: oumaima.elhachimi18@gmail.com

Résumé:

Les champignons responsables de la pourriture blanche du bois sont capables de synthétiser des enzymes extracellulaires dégradant des produits chimiques insolubles, comme la lignine et plusieurs polluants toxiques très persistants dans l'environnement. Cependant, la production d'enzymes reste très coûteuse en raison du coût élevé de la matière première, qui représente entre 40% et 60% du coût de production.

Au Maroc, le secteur agro-industriel produit et rejette chaque année des millions de tonnes de déchets dans la nature. L'accumulation de ses déchets provoque des inquiétudes pour la santé et l'environnement. Par conséquent, la valorisation de ses résidus disponibles en grande quantité et la diminution de la pollution de l'environnement s'avèrent indispensables.

En effet, les déchets de pommes et d'oranges produits par transformation pour l'obtention des jus peuvent représenter des excellentes matières premières pour la production des enzymes ligninolytiques. L'importance de ces sous-produits réside dans leur abondance, leur faible coût ainsi que dans le fait qu'ils représentent une source organique naturelle.

L'utilisation de ses déchets comme matière première permettra donc de résoudre les problèmes environnementaux causés par les industries agro-alimentaires d'une part, d'autre part, l'obtention des enzymes ligninolytiques à faible coût. Ces enzymes produites ont des applications potentielles dans un grand nombre de domaines, notamment dans les secteurs de la chimie, des carburants, de l'alimentation, de l'agriculture, du papier, du textile et de l'industrie cosmétique.

CA5: Antibacterial Activity and Gas chromatography/Mass Spectrometry analysis Of Leaf Essential Oil of *Laurus nobilis* from Morocco

E. Derwich, M. Allali, A Megzari

Faculty of Science, University of Sidi Mohamed Ben Abdellah-Fez

High Institute of Nursing and Health Techniques- Fez

Faculty of Science and Technical, University of Sidi Mohamed Ben Abdellah-Fez

Correspondence: elhoussinederwich@yahoo.fr

Abstract:

According to the World Health Organization (WHO), more than 80% of the world's population relies on traditional medicine for their primary healthcare needs. Laurel (*Laurus nobilis*) is an evergreen tree cultivated in many warm regions of the world, particularly in the Mediterranean countries.

The extraction of essential oils of leaves of *Laurus nobilis* is obtained by hydrodistillation and analyzed by gas chromatography coupled with mass spectrometry (GC/MS) and gas chromatography with flame ionization detection (GC-FID) for determining their chemical composition and identification of their chemotypes. Their antibacterial activity was studied in vitro on tree bacterial strains: *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus intermedius* and *Klebsiella pneumonia*. The essential oil yields of the studies were 1.01%. The major component was 1,8-cineole (45.12%), other predominant components were terpinyl acetate (6.14%), sabinene (5.01%), limonene (4.14%), pinene (2.45%), linalool (2.89%), terpinene-4-ol (1.77%), terpinene (1.68%) and myrcene (1.11%). The chemical compositions revealed that this leaves had compositions similar to those of other *Laurus nobilis* essential oils analyzed in other countries.

The bacterial strains tested were found to be sensitive to essential oils studied and showed a very effective bactericidal activity with minimum inhibitory concentration (MIC) ranging from 0.02 to 1.5 mg/ml.

CA6: Comparison of DNA extraction methods for human gut microbial

I. Douiyeh^{1*}, J. Khamlich^{1*}, A. Taoufik Akrim^{1*}, D. El Habchi¹, H. Elalami¹, R. Saile, M. Timinouni³, L. Wakrim⁴, M. Lkhider², H. Ghazal⁵, S. HAMDI¹

*Equal contribution

1. Laboratoire Santé & Environnement, Institut Pasteur du Maroc Casablanca, Morocco/
2. Laboratoire des Biosciences, Faculté des Sciences et Techniques de Mohammedia, Université Hassan II de Casablanca, Casablanca, Morocco.
3. Laboratoire de Bactériologie Moléculaire, Casablanca, Morocco.
4. Laboratoire d'Immunovirologie, Institut Pasteur du Maroc, Casablanca, Morocco.
CNRST Rabat Morocco
5. Laboratoire Biologie et Santé, Casablanca, Morocco

Correspondence: douiyeh.imane@gmail.com

Abstract:

In recent years, our conception of human physiology has been considerably revisited by the recognition of the role played by the billions of micro-organisms that colonize our organism. Indeed human gut microbiota have significant impact on health and disease. Therefore, gut microbiome profiling holds promise for use in early diagnosis and precision medicine development. To analyze the microbiota, the first and most important step is the extraction of DNA. The amount of DNA extracted and its integrity are largely affected by the extraction protocol and impact the composition of the sample. We tested the ability of three DNA extraction methods from human fecal sample; the conventional phenol-chloroform method, a variant of this technique that we developed, and the TRIzol® method. DNA yield and purity were quantified first by using the NanoVue absorbance ratios, then by the gel electrophoresis after a conventional PCR and finally by the qPCR. The phenol chloroform modified method is better than conventional phenol-chloroform method concerning to the purity and the quantity extracted DNA. The TRIzol® extraction method has given high DNA yield but low DNA purity compared to the other techniques.

Keywords: DNA, Phenol-chloroform, TRIzol

CA7: Metagenomic analysis applied to anaerobic ecosystems

F. Sounni, O. Ghomari, M. Merzouki, M. Benlemlih

Laboratory of Biotechnology, Faculty of Science Dhar El Mahraz, University Sidi Mohammed Ben Abdellah, Fez, Morocco.

Correspondence: fatiha.sounni@usmba.ac.ma

Abstract:

Among all micro-organisms in nature, only 1% can be identified by classic culture techniques. Metagenomic applies a suite of genomic technologies and bio informatic tools to directly access the genetic content of entire communities of organisms. Study of metagenome is conducted on genetic material recovered directly from complex or extreme environment such as deep sea, deserts...etc. In addition to defining the microbial community structure, metagenomic is also used for several purposes: understanding cell structure & function, genome engineering, discover DNA variation, understanding expression ((RNA/Protein)), understanding metabolism...etc. Anaerobic reactors represent a complex environment containing a large community of microorganism that are involved in different biochemical reactions (hydrolytic, acidogenic, acetogenic bacteria and methanogenic archaea). The majority of these species can't be cultured to be counted or identified, thus, metagenomic is the preferred way to characterize microbial community of anaerobic reactors.

In this study, we present the steps to follow for conducting a metagenomic analysis of anaerobic reactors. metagenomic approach will be also discussed.

Keywords: Metagenomic, Bacteria, Archaea, Anaerobic reactor.

CA8: Antibacterial Activity of Aqueous and Methanolic Extracts of Olive (*Olea europaea* L.) Leaves Collected from Different Regions in Morocco

H. Lahdibi Sahraoui ^{1,2}, H. El Berny¹, M El Karkour ³, H. Quasmaoui², R. Charof ², Z. Mennane²

1. Department of Biology, Laboratory of Biotechnology, Environment and Quality (LABEQ), University Ibn Tofail, Kenitra, Morocco

2. Department of Medical Bacteriology, National Institute of Hygiene, Rabat, Morocco

3. Department of Chemistry, Laboratory of Naturel Substances and Thermolyse-eclairé, University Mohamed V, Rabat, Morocco

Correspondence: Lahdibi.sahraoui.hajar@gmail.com

Abstract:

The aim of this work was to investigate the antibacterial activity of Aqueous and Methanolic Extracts of Olive (*Olea europaea* L.) Leaves Collected from Different Regions in Morocco against 31 bacteria strains: five represent ATCC strains and 26 strains are from nosocomial infections (*Escherichia coli*, *Klebsiella pneumonia*, *Enterobacter cloacae*, *Proteus mirabilis*, *Morganella morganii*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii* and *Staphylococcus aureus* from different origins and phenotypes. These strains were collected from the National Institute of Hygiene (NIH) Rabat-Morocco). The Powder of leaves *O. europaea* L., was extracted by Soxhlet extraction. The antibacterial activity was determined by agar diffusion method. The Minimum Inhibitory Concentration (MIC) and Minimum Bactericidal Concentration (MBC) have been determined. The extracts were found to be effective against all the bacterial strains, but they were effective against Gram-positive more than Gram-negative bacteria. The maximum inhibitory zone was noted against multiresistant *Staphylococcus aureus* (20 mm), imipenem resistant *A. baumannii* (18 mm), they were also active against Extended-Spectrum Beta-Lactamase-(ESBL): *E. coli* (1 and 3) and *Pseudomonas aeruginosa* (1) (16 mm and 14 mm respectively). The MIC observed from the aqueous and methanolic leaf extract is 12.5-50 µg/ml and 1.56-12.5 µg/ml respectively. For All the tested strains, bactericidal activity was observed neither for the aqueous extract nor for the methanolic extract. The results indicate that olive can be used for the treatment of various infections and for the development of new antibacterial agents.

Keywords: Antibacterial activity, Aqueous extracts, Methanolic extracts, *Olea europaea* L., Nosocomial infections

CA9: The role of the microbiome in Constructed wetland (CW) technique to resolve the sanitation problems in rural areas of Morocco

A. Taouraout^{1,2}, A. Chahlaoui², D. Belghyti¹, I.Taha², M.Najy¹

1. Laboratory of Agrophysiology, Biotechnology, Environment and Qualities, Faculty of Sciences, University IbnTofail of Kenitra, BP: 133, 14000 Kenitra Morocco.

2. Laboratory of Natural Resources Management and Development Team, Health and Environment, Faculty of Science, Moulay Ismail University Meknes, Morocco.

Correspondence: aziz73.pam@gmail.com

Abstract:

In Morocco, many households in rural areas are not connected to sewer systems and have no type of domestic wastewater treatment. This directly threatens the quality of groundwater and water resources, leading to risks to human health and the environment. Constructed wetland (CW) technique can be an effective means of addressing these sanitation problems, especially for small and remote location.

In this study, the small scale pilot of Subsurface-vertical flow constructed wetland system, which was 40 cm deep, 60 cm wide, 78 cm high, was designed and his performance was investigated. This filter was planted by *Chrosopogon zizanioides* L. Several water quality parameters including Turbidity, BOD5, COD, TSS, NH₄⁺ and PO₄³⁻ were monitored. The average influent characteristics were as follows: Turbidity (90.7 ± 48), BOD5 (195.2 ± 41.8mg/L), COD (404.1± 81mg/L), TSS (376±112.2mg/L), NH₄⁺(19.5 ±5.8mg/L), PO₄³⁻(4.6 ± 1.6mg/L). The main treatment performance results showed the following average removal rates: Turbidity (75.8 %), BOD5 (80.7%), COD (81.8%), TSS (87%), NH₄⁺(67%), PO₄³⁻ (68%).

Biological wastewater treatment systems have been designed mostly from an engineering perspective, but in fact, many aspects of the ecology and dynamics of microbial communities should be taken into consideration.

Keywords: Subsurface vertical flow constructed wetlands, Wastewater, Treatment, Rural Areas, Morocco

CA10: Recherche des facteurs génétiques et environnementaux qui contribueraient au développement de l'obésité au Nord du Maroc

H. Tissoudal^{1,2}, K. Larini³, B. Rossi Hassani¹

1. Equipe de recherche sur la valorisation biotechnologique des micro-organismes, génomique et bio-informatique, FST, Université AS, Tanger
2. Service de diététique hôpital Duc de Tovar, Tanger

Correspondance: tissoudal145@hotmail.com

Résumé:

L'obésité est actuellement un problème de santé publique du fait de sa prévalence en augmentation préoccupante au cours des dix dernières années, L'obésité est devenue la première maladie « inflammatoire » non infectieuse de l'histoire de l'humanité. C'est une véritable épidémie, Bien que multifactorielle, les causes les plus souvent évoquées pour expliquer l'émergence de l'obésité sont une prédisposition génétique associée à un mode de vie inadapté, où les erreurs alimentaires occupent une place majeure, et où l'inactivité physique s'inscrit dans nos habitudes journalières, les travaux de l'équipe de Gordon ont suggéré que notre flore intestinale constituait un autre facteur contribuant aux différences pondérales entre les individus. Ces auteurs ont en particulier montré, en comparant les flores intestinales de souris obèses et de leurs congénères maigres, et celles de sujets obèses et minces, que les modifications pondérales étaient associées à des modifications quantitatives des deux groupes bactériens dominant notre flore intestinale : les Bactéroïdes et les Firmicutes Des travaux récents ont permis de mettre en évidence que la qualité de la flore intestinale peut être associée à une susceptibilité plus ou moins importante de développer des maladies métaboliques liées à l'obésité. Les études menées chez les souris axéniques dépourvues de flore intestinale ont clairement démontré le rôle important du microbiote intestinal dans l'homéostasie énergétique de l'hôte. De plus, les souris axéniques comparativement aux souris pourvues en flore intestinale sont protégées de l'obésité induite par un régime à haute teneur en graisses, mais également des désordres métaboliques associés comme l'intolérance au glucose et le diabète de type 2. Le transfert du microbiote de souris obèses induit une obésité chez les souris minces, alors que la prise alimentaire de ces dernières n'est pas modifiée. Chez l'homme, des données récentes suggèrent également un lien entre microbiote, homéostasie énergétique ; métabolisme glucido-lipidique et homéostasie inflammatoire. Le microbiome est devenu un sujet d'actualité dans la communauté scientifique. Le nombre de publications scientifiques a augmenté d'un facteur de trois sur les cinq dernières années, **Chez les patients obèses qu'on peut attendre sur le plan physiologique et thérapeutique ?**

CA11: Titre de communication affichée : Evaluation du risque de la transmission de l'infection nosocomiale manu portée

K. Elwardi, N. Mourabit, M. Bakkali, A. Laglaoui

Faculté des sciences et techniques de Tanger, B.P. : 416-Tanger-Maroc

Correspondance: khwardi17@gmail.com

Résumé:

Les infections associées aux soins (IAS) ont constitué ces vingt dernières années une véritable préoccupation pour assurer la sécurité des patients et la qualité des soins. La transmission de germes par les mains du personnel soignant est l'une des causes principales de la transmission croisée de ces infections. L'objectif de cette étude est d'évaluer le risque de la transmission manu portée et l'efficacité de l'utilisation de la Solution hydro-alcoolique. Ceci, à travers l'étude de l'écologie microbienne des surfaces des mains et de son profil de résistance *avant et après le lavage à la SHA*. Il s'agit d'une Enquête transversale, accidentelle menée le jour de la célébration de la journée mondiale de l'hygiène des mains (5 Mai de l'année 2017), auprès du personnel des différents services de l'hôpital Mohamed V de Tanger. Pour chaque participant, un recueil des empreintes des 5 doigts a été fait sur un milieu de culture gélosé avant et après le lavage par une SHA. Les boîtes de cultures ont été ensuite incubées pendant 48 heures. L'identification microbiologique des souches a été faite à l'aide des techniques conventionnelles. La détermination de la sensibilité aux antibiotiques a été faite par méthode de diffusion en gélose suivant les recommandations d'EUCAST. Parallèlement et, afin de mieux exploiter et analyser les résultats de cette étude bactériologique, une étude descriptive moyennant un questionnaire distribué au personnel qui renferme plusieurs items sur la pratique normalisée de l'hygiène des mains a été menée. Notre population d'étude était composée de 166 participants. 327 germes ont poussé sur les boîtes ensemencées. 253 (77,37%) appartiennent à la flore « résidente », les plus fréquents étaient *Staphylococcus coagulase-négatifs*, *Corynebacterium*, et levures. La flore « transitoire » est représentée par 74 souches avec 30 *Entérocooccus* ; 20 *Staphylococcus aureus* ; 12 *Pseudomonas* ; cinq Entérobactéries et sept Bacille Gram négatif oxydase négative. Bien que la majorité du personnel a bénéficié des séances de sensibilisation en matière d'hygiène des mains, la surcharge du travail et la dotation insuffisante des services en produits d'hygiène étaient les principales causes soulevées, par le questionnaire, derrière le non respect de ces pratiques.

Mots clés : Manu portage ; Empreinte, Hygiène, Résistance, Evaluation, Risque infectieux.

CA12: Microbiological study of the impacts of discharges of green household waste in spring water

A. El Barnossi, F. Z Moussaid, A. Iraqi Housseini

Laboratory of Biotechnology, Team of Microbial Biotechnology. Faculty of Sciences Dhar El Mahraz. Sidi Mohammed Ben Abdellah University, Fez B.P 1796 Fez-Atlas, 30003 Morocco

Correspondence: azeddin.elbarnossi@usmba.ac.ma

Abstract:

In Morocco landfilling remains for most of the time the only means of household waste management adopted by the country. Most of these landfills are uncontrolled dumps. The absence of an adequate household waste treatment system results in ground water pollution from leachate and contamination of the marine environment and surface water by direct discharge of waste. For this network, we have set ourselves as objectives, the microbiological study (Bacteria, yeasts and moulds) of the impact of green household waste (Pomegranate and Banana waste) on spring water. During our work, the microbial groups were isolated and purified on elective media at a temperature of 28 °C. Fungal microbial isolates were identified based on macro and microscopic characters.

Microbiological studies of spring water, after four months of decomposition of Banana and Pomegranate waste showed high microbial densities (B et G B L M) in the digestion water of both types of waste compared to the control spring water (B ET G B L M). In banana waste digestion water, microbial biodiversity has been shown to be more varied and diversified. Among the fungal species identified are *Aspergillus fumigatus*, *P. thomii*, *Moniliella suaveolens*, *Moniliella actetoabutens*, *P. cyclopium*, *P. glabrum* and *Aspergillus flavus* in Pomegranate waste digestion water. *P. cyclopium*, *P. simplicissimum*, *P. thomii*, *Aspergillus fumigates*, *Aspergillus flavus*, and *Moniliella actetoabutens*, in banana waste digestion water. *Aspergillus fumigatus*, *Moniliella suaveolens*, *P. cyclopium*, *P. glabrum*, *Fusarium sp* in control spring water.

Keywords: Spring water , Green household waste, Decomposition, Microbiological study, Impact.

CA13: Activités analgésique et antipyrétique de l'extrait méthanolique et de différentes fractions de la partie aérienne de *Brocchia cinerea*. Vis

N. Chlif¹, A. Bentayeb¹, M.Diouri²

1. Equipe Physico-chimique de la matière condensée, Faculté des Sciences Meknès, Université Moulay Ismail, Meknès, 50 000, Maroc.
2. Equipe de Microbiologie, Faculté des Sciences Meknès, Université Moulay Ismail, Meknès, 50 000, Maroc.

Correspondance: nisrin.chliff@gmail.com

Résumé:

Les activités antalgique et antipyrétique de l'extrait méthanolique et de différentes fractions (n-butanol, acétate d'éthyle) des parties aériennes de la plante xérophytique *Brocchia cinerea* (Astéracée) ont été évaluées chez les rats Wistar. Il ressort de la présente étude que l'extrait d'acétate d'éthyle inhibe très significativement la douleur induite chez l'animal par voie intrapéritonéale à l'aide de l'acide acétique 0,6 %. L'extrait d'acétate d'éthyle s'oppose aussi à l'installation de la fièvre chez le rat après administration de la levure de bière 20% à la dose de 10ml/kg de poids corporel de l'animal. Ces résultats expliquent abondante utilisation de la plante *Brocchia cinerea* en médecine traditionnelle.

Mots clés: Plante, *Brocchia cinerea*. Vis, Extrait, Analgésique, Antipyrétique.

CA14: Comparative study of virulence factors genes among *Pseudomonas aeruginosa* isolated from nosocomial and community-acquired infections in the Northwestern of Morocco

C. Elmouaden^{a,b}, A. Laglaoui^b, L. Ennane^a, M. Abid^a

a. Department of Research, Institut Pasteur, 90000, Tanger, Morocco.

b. Biotechnology and Biomolecule engineering Team ,Department of Biology, Faculty of Science and Technology, Abdelmalek Essaadi University, 90000, Tangier, Morocco.

Correspondence: etudiantedefst@gmail.com

Abstract:

Pseudomonas aeruginosa is an opportunistic pathogen that causes various infections and can be difficult to treat due to the emergence of multidrug-resistant isolates. It uses a wide range of virulence factors during its pathogenesis. The aim of the present study was to investigate and compare the prevalence of several virulence factors genes among *Pseudomonas aeruginosa* strains isolated from nosocomial and community-acquired infections in Tangier-Tetouan region, Morocco. A total of 155 of *Pseudomonas aeruginosa* strains were collected, PCR assays were used for screening five virulence encoding genes that play an important role in the pathogenesis. The results highlighted that *lasB* (98.7%) and *exoS* (98.7%) were the most frequent virulence genes, the least commonly detected was *exoA* (74.2%). A total of 97 (62.6%) *Pseudomonas aeruginosa* were carried the five virulence genes. In conclusion, the selected strains appeared highly conserved. On the basis of this conservation, it is likely that alternative anti-virulence therapies can target all strains regardless of their origin.

Keywords: *Pseudomonas aeruginosa*, Nosocomial Infections, Community-acquired infections, Virulence factors

CA15: Influence of environmental factors on the antifungal assay of *Aspergillus nidulans* against the phytopathogenic fungus *Alternaria alternata*

F.Z. Moussaid, A. El Barnossi, A. Iraqi Housseini

Laboratory of Biotechnology. Team of Microbial Biotechnology. Faculty of Sciences Dhar El Mahraz. Sidi Mohammed Ben Abdellah University. Fez. Morocco.

Correspondence: mssdfati@gmail.com

Abstract :

Alternaria is one of the most common and widespread aerial diseases of *Solanaceae* in the world. The control of *Alternaria* ssp by chemical means has sometimes yielded satisfactory results. However, the excessive use of chemical fungicides has contributed to the development of resistant strains making the fight more difficult. While biological control is considered a very promising alternative, by integration of microbiological agents. While temperature change and PH, may be the main environmental factors that influence the antagonistic efficacy of microorganisms. The aim of our study was to evaluate the effect of different physicochemical factors (pH, culture media and at different temperature values) on the antagonistic efficacy of *Aspergillus nidulans* against *Alternaria alternata* *in vitro*.

The results obtained show a difference in *Alternaria alternata* inhibition on the media, pH and temperatures tested. *Aspergillus nidulans* showed an important antifungal potential (66.6%) obtained on the MEA medium after 10 days of incubation at 28 ° C. While a large zone of inhibition was observed with incubation at 28 ° C (63%). The optimal PH for antifungal activity of *Aspergillus nidulans* against *Alternaria alternata* was displayed at PH=5.

Keywords: *Alternaria alternata*, *Aspergillus nidulans*, Environmental factors, Antifungal assay

LISTE DES COMMUNICATIONS ORALES

SESSION 1: GENETIQUE MOLECULAIRE APPLIQUEE/GENOMIQUE

CO1: Génomique en temps réel et taxono-génomique pour la caractérisation d'isolats humains atypiques

Mossaab Maaloum^{1,2}, Diop Awa¹, Mamadou Beye¹, Afouda Pamela¹, Ndongo Sokhna¹, Dhamodharan Ramasamy¹, Ajay Kumar Mishra¹, Jean-Christophe Lagier¹, Roshan Padhmanabhan¹, Morgane Rossi¹, Erwin Sentausa¹, Rachid Saile², Didier Raoult^{1,3} and Pierre-Edouard Fournier¹

CO2: *Staphylococcus aureus* sensible a la Méricilline: un microorganisme majeur dans les infections ostéo-articulaires de l'enfant au CHU Hassan II de Fès

Moutaouakkil. K¹, Afifi m. A², Chater. L², Atarraf. K², El Fakir. S³, El Yahyaoui. G⁴, Mahmoud. M⁴, Oumokhtar. B¹.

CO3: Evaluation de 4 algorithmes de détection des CNV par séquençage d'exome : Comparaison de méthodes et validation technique

Qebibo. L, Olin. V, Clauin. S, Lejeune. E, Karagic. S, Estrade. C, Lafitte. A, Mach. C, Nava. C, Chantot-bastaraud. S, Keren. B, Buratti.J

CO4: Nasal carriage of Methicillin -resistant *Staphylococcus aureus* in animals farms in Tangier, Morocco

Mourabit.N^{a,b}, ArakraK.A^a, Bakkali. M^a, Laglaoui. A^a

CO5: Molecular identification of lactic acid bacteria showing strong antifungal activity against food spoilage fungi

Lakhlifi. T, Samia Eloirdi. S, Belhaj. A

CO6: Wide Spread of carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* coexpressing OXA-23 and GES carbapenemases in Morocco.

El Hafa. H

CO7: The association of human Type 2 diabetes with fecal Lactobacillus group composition in Morocco

Khamlich. J, Douiyeh. I, Akrim. A.T, El Habchi. D, Elalami. H, Saile. R, Timinouni. M, Wakrim. L, Lkhider. M, Ghazal. H, HAMDI. S

SESSION 2: MICROBIOLOGIE ET ENVIRONNEMENT

CO8: Thermostable cellulases from the yeast *Trichosporon sp*

Touijer. H^{1,3}, Bekkari. H^{1,3}, Ettayebi. M³, Janati Idrissi. A³, Benchemsi. N²

CO9: Caractérisation des bactéries acétiques thermotolérantes isolées du cactus pour la production du vinaigre au Maroc.

Es-sbata. I^a, Yatim. M^a, El Kahkahi. R^a, Sbiti. M^b, Zouhair. R^a

CO10: Olive mill wastewater (OMW) organic matter humification in soil

F. Z. El Hassani, M. Merzouki, M. Benlemlih

CO11: Interaction hôte-Bifidobacterium et son rôle protecteur anti-infectieux Host-Bifidobacterium interaction and its protective role against infection

M. Sobh¹, B. Chadli¹, S. M. Raoui², F. Errachidi³, N. Chadli¹.

CO12: Isolement et identification des bactéries lactiques isolées à partir du lait cru de la ville d'Oujda.

Bennani.S, Mchiouer.K, Meziane.M

CO13: Production and Characterization of Cellulases from Halophilic Bacteria Isolated From Hypersaline Biotopes in Morocco

Drissi Kaitouni. L¹, Anissi. J¹, Massaoudi.Y¹, Sendide. K², El Hassouni.M¹

SESSION 3: MICROBIOLOGIE MEDICALE

CO15: Screening for natural compounds, with antioxidant activity, from halophilic bacteria isolated from the Dead Sea

Yousra Massaoudi¹, Jaouad Anissi¹, Leila Drissi Kaïtouni¹, Khalid Sendide², Mohammed El Hassouni¹

CO16: Evaluation des activités biologiques de *Capparis spinosa.l*

Ahmed Zeroual, Mehdi Chaouch, Nouredine Eloutassi, Abdellah Chaqroune

CO17: Effect of melanin produced by Black Yeasts on antibacterial activity against different human pathogens

Safaa Benmessaoud & Jamila Bahhou

CO18: Evaluation de l'activité protéolytique, anti-radicalaire, antibactérienne et acidifiante des bactéries lactiques isolées du lait camelin

Moussaid. S^{1,2}, Ounine. K.²; Benali. A¹, Kabour M.R¹, Maadoudi E.H¹

CO19: Effet de séchage sur la teneur et la composition chimique des huiles essentielles de *Brocchia cinerea* et l'évaluation de son pouvoir antioxydant et antibactérien

Chlif.N¹, Zekkori. B¹, Id-Dra. A², Bentayeb. A¹

CO20: Profil épidémiologique et antibiorésistance des souches de *Pseudomonas aeruginosa* isolées dans les infections nosocomiales et communautaires au niveau de la région Tanger-Tétouan

Elmouaden. C^{a,b*}, Laglaoui. A^b, Ennaneï. L^a, Abid. M^a

CO21: Isolement de bactéries lactiques à fort pouvoir d'inhibition de la croissance fongique

Eloirdi. S, Elkhalifi. T, Belhaj. A

LISTE DES COMMUNICATIONS AFFICHEES

CA1: Génomique et Bio-informatique de la surdité au Maroc

K. El Fizazi, L. Bouguenouch, K. Ouldim

CA2: Recovery of microorganisms associated with decomposing green household waste in the natural environment

A. El Barnossi, F.Z. Moussaid, A. Iraqi Housseini

CA3: La prévalence des infections de site opératoire (ISO) dans un Centre Hospitalier au Maroc. The prevalence of surgical site infections (SSI) in a Hospital Center in Morocco.

R. Flouchi, L. Zbadi, A. Lamniai, I. Touzani, K. Fikri Benbrahim

CA4: Production économique des enzymes ligninolytiques par fermentation microbienne à l'état solide des déchets agro-industriels (Résidus de Pommes et d'Oranges au Maroc)

O. El Hachimi, H. Bellaoui

CA5: Antibacterial Activity and Gas chromatography/Mass Spectrometry analysis Of Leaf Essential Oil of *Laurus nobilis* from Morocco

E. Derwich, M. Allali, A Megzari

CA6: Comparison of DNA extraction methods for human gut microbial

I. Douiyeh, J. Khamlich, A. Taoufik Akrim, D. El Habchi, H. Elalami, R. Saile, M. Timinouni, L. Wakrim, M. Lkhider, H. Ghazal, S. HAMDI

CA7: Metagenomic analysis applied to anaerobic ecosystems

F. Sounni, O. Ghomari, M. Merzouki, M. Benlemlih

CA8: Antibacterial Activity of Aqueous and Methanolic Extracts of Olive (*Olea europaea* L.) Leaves Collected from Different Regions in Morocco

H. Lahdibi Sahraoui , H. El Berny, M El Karkour, H. Quasmaoui, R. Charof , Z. Mennane

CA9: The role of the microbiome in Constructed wetland (CW) technique to resolve the sanitation problems in rural areas of Morocco

A. Taouraout, A. Chahlaoui, D. Belghyti, I.Taha, M.Najy

CA10: Recherche des facteurs génétiques et environnementaux qui contribueraient au développement de l'obésité au Nord du Maroc

H. Tissoudal, K. Larini, B. Rossi Hassani

CA11: Evaluation du risque de la transmission de l'infection nosocomiale manu portée

K. Elwardi, N. Mourabit, M. Bakkali, A. Laglaoui

CA12: Microbiological study of the impacts of discharges of green household waste in spring water

A. El Barnossi, F. Z Moussaid, A. Iraqi Housseini

CA13: Activités analgésique et antipyrétique de l'extrait méthanolique et de différentes fractions de la partie aérienne de *Brocchia cinerea*. Vis

N. Chlif, A. Bentayeb, M. Diouri

CA14: Comparative study of virulence factors genes among *Pseudomonas aeruginosa* isolated from nosocomial and community-acquired infections in the Northwestern of Morocco

C. Elmouaden, A. Laglaoui, L. Ennane, M. Abid

CA15: Influence of environmental factors on the antifungal assay of *Aspergillus nidulans* against the phytopathogenic fungus *Alternaria alternata*

F.Z. Moussaid, A. El Barnossi, A. Iraqi Housseini

LISTE DES PARTICIPANT(E)S AU COLLOQUE

Nom & Prénom	Etablissement	Email
Salsabil Hamdi	Institut Pasteur - Casablanca	hsalsabil@yahoo.fr
Yousra Massaoudi	FSDM-Fès	yousramassaoudi@gmail.com
Ahmed Zeroual	FSDM-Fès	ahmed.zeroual@usmba.ac.ma
Oumaima Ghomari	FSDM-Fès	ghomarioumaima@outlook.fr
Safaa Benmessaoud	FSDM-Fès	Safaa.benmessaoud@usmba.ac.ma
S. Moussaid	INRA-Rabat	sihamfstg@gmail.com
Nisrin Chliff	FS-Meknès	nisrin.chliff@gmail.com
Sidi Mhamed Hanane	ISPITS-Fès	mallali.ispits.fes@gmail.com
Samia Eloirdi	FS-Meknès	samiaeoiridi@gmail.com
Tarik Lakhlifi	FS-Meknès	lakhlifitarik@gmail.com
Hanane El Hafa	FS-Meknès	elhafa.hanane@gmail.com
Najib DAHBI	FS-Meknès	goldenboy82@hotmail.fr
S. Trhanint	CHU Hassan II-Fès	ouldim@yahoo.fr
Mossaab Maaloum	Aix-Marseille-France	momossaab@gmail.com
K. Moutaouakkil	FMP-Fès	kaoutar_60@hotmail.com
Jihane Khamlich	FST-Mohammedia	jihanekhamlichpro@gmail.com
L. Qebibo	CHU-Paris	leilaqebibo@gmail.com
N. Mourabit	FST-Tanger	nadirauniver@gmail.com
H. Touijer	FSDM-Fès	hananetou@gmail.com
K. El-Mouhdi	Institut Scientifique-Rabat	karimaelmouhdi@gmail.com
I. Es-sbata	FS-Meknès	ikram.essbata@usmba.ac.ma
F. Z. El Hassani	FSDM-Fès	elhassanifz@gmail.com
M. Sobh	Université Hassan II-Casablanca	chadlinour2012@hotmail.com
S. Bennani	FS-Oujda	soukaina-bennani01@hotmail.fr
L. Drissi Kaitouni	FSDM-Fès	leila.drissik@gmail.com
C. Elmouaden	institut Pasteur Maroc-Tanger	etudiantedefst@gmail.com
R. Flouchi	FST-Fès	racinf@gmail.com
K. El Fizazi	CHU Hassan II-Fès	Khawla.elfizazi@usmba.ac.ma
El Barnossi	FSDM-Fès	azeddino1994@gmail.com
O. El Hachimi	FS-Rabat	oumaima.elhachimi18@gmail.com

E. Derwich	FSDM-Fès	elhoussinederwich@yahoo.fr
Douiyeh	institut Pasteur -Casablanca	douiyeh.imane@gmail.com
Fatiha Sounni	FSDM-Fès	fatiha.sounni@usmba.ac.ma
H. Lahdibi Sahraoui	University Ibn Tofail-Kenitra	Lahdibi.sahraoui.hajar@gmail.com
A. Taouraout	University Ibn Tofail-Kenitra	aziz73.pam@gmail.com
H Tissoudal	FST-Tanger	tissoudal145@hotmail.com
K. Elwardi	FST-Tanger	khwardi17@gmail.com
A. El Barnossi	FSDM-Fès	azeddin.elbarnossi@usmba.ac.ma
N. CHLIF	FS-Meknès	nisrin.chliff@gmail.com
F.Z. Moussaid	FSDM-Fès	mssdfati@gmail.com