

## Loïc Emboulé

Née le 01-06-1982 à Petit-Bourg

Nationalité : Française

---

### DIPLOMES UNIVERSITAIRES

---

**Janvier 2007-2010: Thèse de doctorat** sciences de la vie, école doctorale sciences exactes et naturelles, Université des Antilles et de la Guyane. Mention Très Honorable avec les félicitations du jury

**2004-2006: Master Recherche BIMP** (Biodiversité Interactions Microbiennes et Parasitaires), Université Montpellier II, spécialité SMGE (Systèmes Microbiens : du Gène aux Ecosystèmes) Mention Assez Bien

**2003-2004: Licence LBO** (Licence Biologie des Organismes), Université Montpellier II  
Mention Assez Bien

**2000-2003: DEUG SV** (Sciences de la Vie), spécialité (Sciences Biologique Naturelles), Université Montpellier II.

---

### ACTIVITES DE RECHERCHE

---

**2010-2011 : ATER** « Quantification par PCR en temps réelle de la population bactérienne symbiotique de *Codakia orbicularis* et *Codakia orbiculata* lors de la stabulation en carence nutritive ». UAG, UMR CNRS 7138 Systématique Adaptation Evolution, équipe symbiose

**2007-2010 : Thèse de Doctorat** « Analyse du transcriptome de souches virulentes et atténuées d'*Ehrlichia ruminantium* et application au développement de vaccin de deuxième génération ». UMR 15 INRA /CIRAD Contrôle des maladies animales exotiques et émergentes, Co-direction : DrThierry Lefrançois, Pr Olivier Gros. Jury : Pr. Philippe Brouqui, Dr Eric Duchaud, Pr. Charles Dozois, Pr. Abel Hiol, Pr. France Daigle, Dr Thierry Lefrançois, Pr Olivier Gros, Dr Nathalie Vachery.

**Financements** : Région Guadeloupe, CIRAD, programme Epigenvac (EU), Fonds France - Canada pour la recherche.

### Formations – Collaborations doctorales

Janvier 2009, Analyse transcriptomique au CNRS-IPMC à Sophia Antipolis: Formation aux puces à ADN (microarrays). Première analyse du transcriptome de la bactérie *Ehrlichia ruminantium*.

Aout-Novembre 2007, Adaptation de la méthode SCOTS (Selective Capture Of Transcribed Sequences) à l'Université de Montréal au Canada.

**2005-2006 : Stage de Master 2 recherche** « Typage génomique des souches du genre *Ochrobactrum* isolées du nématode *Heterorhabditis indica* en association avec *Photorhabdus luminescens* », direction du Pr Estelle Jumas Bilak et du Dr Corinne Teyssier, Laboratoire de bactériologie-virologie et contrôle microbiologique EA 3755, UMI, Faculté de Pharmacie

**2004-2005 : Stage de Master 1 recherche** « Analyse des souches d'origine humaine de la famille *Syntrophomonadaceae* par séquençage du gène *dnaK* et par l'étude de leur organisation globale en champ pulsé », direction Pr Estelle Jumas Bilak et Pr Hélène Marchandin\*, UMI Faculté de pharmacie & \*CHU ADV Montpellier.

---

## ACTIVITES D'ENSEIGNEMENT

---

Dans la licence Biologie Biochimie depuis 2008 à l'Université des Antilles et de la Guyane

**Année 2010-2011** : ATER UAG

**Année 2009-2010** : ATER- DOCTORANT UAG

**Année 2008-2009** : VACATAIRE UAG

---

## COMPETENCES

---

**Biologie moléculaire:** qrt-PCR, PCR, RFLP, Electrophorèse en champs pulsé (ECP), Clonage, Southern-Blot, TTGE

**Techniques de biologie moléculaire et cellulaire:** SCOTS (Selective capture of transcribed sequences), **Culture cellulaire** (cellule endothéliale), cellules saines & cellules infectées (bactérie), **Clonage**, Microscopie électronique à Balayage, Cytométrie en flux, Puce à ADN (Microarrays).

**Bio-informatique:** GelcomparII software, Blast, Lalign, Clustalw, Phyml, Mr bayes. GenAnova

**Informatique** : bonne maîtrise des logiciels Word, Excel, Power Point et Photo Shop.

**Langues** : Français et créole (maternelle), Anglais (orale et écrit), Espagnole (orale)

## II. Productions scientifiques

### 2.1 Publications internationales à comité de lecture

Raliniaina, M., Meyer, D.F., Pinarello, V., Sheikboudou, C., **Emboule, L.**, Kandassamy, Y., Adakal, H., Stachurski, F., Martinez, D., Lefrancois, T., Vachiery, N., 2010, Mining the genetic diversity of *Ehrlichia ruminantium* using map genes family. *Veterinary parasitology* 167, 187-195. (Impact factor: 2, 28)

**Emboule, L.**, Daigle, F., Meyer, D.F., Mari, B., Pinarello, V., Sheikboudou, C., Magnone, V., Frutos, R., Viari, A., Barbry, P., Martinez, D., Lefrancois, T., Vachiery, N., 2009, Innovative approach for transcriptomic analysis of obligate intracellular pathogen: selective capture of transcribed sequences of *Ehrlichia ruminantium*. *BMC Mol Biol* 10, 111. (Impact factor: 2, 85)

Estelle Jumas-Bilak, Sylvie Pagès, Fabien Aujoulat, Agnès Masnou, **Loïc Emboulé**, Rose-Aimée Dufour, Hélène Marchandin, Sophie Gaudriault, Alain Givaudan and Corinne Teyssier Restricted genomic diversity in the couple *Ochrobactrum / Photorhabdus* suggests constraints against microevolution in their common host, the nematode *Heterorhabditis indica*, (soumis EMV), 2011.

### 2.2 Communications avec actes dans un congrès international

**Loïc Emboulé**, France Daigle, Damien Meyer, Bernard Mari, Valérie Pinarello, Christian Sheikboudou, Virginie Magnone, Roger Frutos, Alain Viari, Pascal Barbry, Dominique Martinez, Thierry Lefrançois and Nathalie Vachiéry. "SCOTS method of *Ehrlichia ruminantium* for Transcriptomic study." Tenth Biennial Conference of the Society for Tropical Veterinary Medicine (STVM). June 29 – July 3, 2009. Lübeck, Germany

Meyer D, Lefrançois T, **Emboulé L**, Sheikboudou C, Pinarello V, Giraud-Girard K, Martinez D and Vachiéry N. MAP proteins of the Rickettsia *Ehrlichia ruminantium*: A key for efficient vaccine against heartwater? STVM Tenth Biennial Conference. One Health, One Medicine: Building Bridges to Face the Challenge of Emerging and Zoonotic Diseases. June 29 – July 3, 2009. Lübeck, Germany

Raliniaina M, Meyer D, Pinarello V, Sheikboudou C, Kandassamy Y, **Emboulé L**, Adakal H, Stachurski F, Martinez D, Lefrançois T and Vachiéry N. Mining the genetic diversity of *ehrlichia ruminantium* using map genes family: a key for efficient vaccine against heartwater. VI International Conference on Ticks and Tick-borne Pathogens (TTP6). Buenos Aires, Argentina, 21-26 September 2008

### 2.3 Communications par affiche dans un congrès international ou national (Poster)

**Emboulé L**, Daigle F, Frutos R, Meyer D, Viari A, Pinarello V, Christian S, Magnone V, Mari B, Barbry P, Martinez D, Lefrançois T and Vachiéry N. High throughput analysis of *Ehrlichia ruminantium* transcriptome: identification of genes involved in virulence. FEMS 2009 3rd congress of European Microbiologist, "Microbes and Man - interdependence and future challenges". Gothenburg, Sweden - June 28 - July 2, 2009

**Emboulé L**, Daigle F, Meyer D, Viari A, Frutos R, Kandassamy Y, Sheikboudou C, Lefrançois T, Martinez D, and Vachiéry N. Selective capture of transcribed sequences (scots) for transcriptomic analysis of virulent and attenuated strains of *Ehrlichia ruminantium*. VI

International Conference on Ticks and Tick-borne Pathogens (TTP6).Buenos Aires, Argentina, 21-26 September 2008

**Emboulé L**, Masnou A, Terendij C, Mauléon H, Gaudriault S, Jumas-Bilak, E Teyssier C, PFGE study of the genomic diversity of *Photorhabdus* sp. and *Ochrobactrum* sp. in dixenic association in the entomopathogenic nematode, *Heterorhabditis indica*: « Does stability the right way to live as a united couple? » **2<sup>nd</sup> FEMS Congress of European Microbiologists Integrating Microbial Knowledge into Human Life**, Madrid, Spain - July 4 – 8, 2006

## **2.4 Autres productions**

### ***Participation à des études scientifiques internationales effectuées en collaboration***

Projet européen EPIGENEVAC PCRD6, INCO-Dev (2005-2009) « Epidemiology and new generation vaccines for *Ehrlichia* and *Anaplasma* infections of ruminants »:

**L. Emboulé**, D. Meyer, C. Sheikboudou, V. Pinarello, T. Lefrançois, D. Martinez , Nathalie Vachiéry, Transcriptomic study of *Ehrlichia ruminantium*: Adaptation of SCOTS method to *Ehrlichia ruminantium* model, *EPIGENEVAC Meeting: 23-26 June 2008*.