MAMADOU LAMINE TALL

Data Scientist & IA appliquée à la santé — Docteur en Bioinformatique

Né le 03/01/1989 à Thiès, Sénégal · 28 Rue Nicolas Copernic, 34170 Castelnau-le-Lez, France

07 81 19 85 42 · mamadoulaminetallgithub@gmail.com · github.com/mamadoulaminetall

PROFIL

Docteur en génomique et bioinformatique (Aix-Marseille Université, IHU Méditerranée Infection), spécialisé dans l'analyse de données de santé et l'intelligence artificielle appliquée. 7 ans d'expérience en recherche académique (France, Canada), complétés par la fondation de MedFlow AI, plateforme d'intelligence artificielle d'aide à la décision clinique. Auteur de 28 publications indexées, dont 7 en premier auteur, sur la génomique microbienne et la description de nouvelles espèces bactériennes.

COMPÉTENCES

Langages : Python, R, Perl, Bash, SQL, PHP, JavaScript

Bioinformatique : GATK, Samtools, Bowtie2, Prokka, BLAST, Roary, Artemis, MEGA, FastTree, Galaxy, Qiime

Pipelines : Snakemake, Nextflow, Git/GitLab

ML / Stats : Modélisation prédictive

Systèmes : Unix/Linux, MySQL, PostgreSQL

LANGUES

Français — langue maternelle · Anglais — professionnel

FORMATION

Doctorat, Biologie Santé, spécialité Génomique et Bioinformatique — Aix-Marseille Université — *Soutenue 27/11/2020*

Thèse : « Étude bioinformatique et biostatistique des structures mosaïques des génomes microbiens »

École doctorale Sciences de la Vie et de la Santé (ED 62), IHU Méditerranée Infection — direction Pr Anthony Levasseur

Jury : Pr Florence Fenollar (présidente), Dr Nathalie Casse (MCF-HDR), Pr Anthony Levasseur, Pr Raymond Ruimy

Certificat d'Études Supérieures Universitaires (CESU) — Biostatistique et méthodologies de base pour la recherche en biologie et en médecine — *2018-2019*

Faculté de Médecine, Aix-Marseille Université — délivré le 28/06/2019

Master, Bioinformatique - Biomathématiques — Université Cheikh Anta Diop, Dakar — *2017*

Licence, Biologie, Chimie et Géosciences — Université Cheikh Anta Diop, Dakar — *2014*

Baccalauréat scientifique, série S2 — Lycée Moderne de Rufisque, Sénégal — *2010*

EXPÉRIENCE PROFESSIONNELLE

Fondateur — MedFlow AI — *Depuis 2026*

- Conception et développement d'une plateforme d'intelligence artificielle d'aide à la décision clinique, à partir de l'analyse de données de santé (oncologie et microbiote, résistance aux antimicrobiens)
- Direction de produit et R&D : valorisation de la recherche académique vers des outils cliniques déployés

Enseignant en Sciences Numériques et Technologie / Informatique — École internationale Eridan, Montpellier — *Depuis 09/2024*

- SNT (2nde) : programmation, culture numérique, sécurité et éthique des données
- SNI (1ère) : Python, algorithmique, réseaux, cybersécurité, Machine Learning
- Technologie (6e-3e) : robotique, Arduino/Scratch, systèmes automatisés, modélisation 3D

Bioinformaticien de recherche Niveau 4 / Data Manager — CHU Sainte-Justine, Université de Montréal (Canada) · 08/2023 - 08/2024 (Postdoctoral)

- Détection, filtrage et annotation de CNV (génotypage ~800 000 individus, séquençage ~150 000 individus)
- Évaluation de modèles de Machine Learning (protocole DigCNV)
- Encadrement de bioinformaticiens et d'étudiants du laboratoire (Dr Sébastien Jacquemont)

Ingénieur en bioinformatique / Chef de projet biostatistique — Université Côte d'Azur, UFR Médecine (DERMG), Nice · 01/2021 - 06/2022 (Postdoctoral)

- Modèle ML (TADA) d'aide à la décision ; base PRIMEGE PACA (600k+ consultations)
- Calcul de nombre de sujets, contrôle qualité, conception de plans d'analyse

Doctorant contractuel — IHU Méditerranée Infection, Aix-Marseille Université — *10/2017 - 12/2020*

- Transfert horizontal de gènes et mosaïcité des génomes microbiens ; culturomics et description de nouvelles espèces
- Développement d'outils bioinformatiques (Python, R, Perl) — assemblage, annotation, phylogénie

Intervenant ASTEP — École primaire, Marseille — *01-06/2019*

Projet pédagogique sur la biodiversité urbaine, classe de CM1

Enseignant de Mathématiques et SVT — Collège Machala, Dakar, Sénégal — *01-07/2016*

Stages — CHU Fann, Dakar : IRM ; gestion de bases de données médicales — *2015-2016*

ACTIVITÉS DE RECHERCHE

- Bioinformatique et biostatistique appliquées à la génomique microbienne ; transferts horizontaux de gènes ; culturomics et taxonomie bactérienne (IHU Méditerranée Infection) ; génomique des variants structuraux (CNV) en génétique humaine (CHU Sainte-Justine)
- Compétences méthodologiques : assemblage/annotation de génomes, phylogénie, biostatistique, Machine Learning appliqué à la génomique, pipelines reproductibles (Snakemake, Nextflow)
- Encadrement de bioinformaticiens et d'étudiants (CHU Sainte-Justine, Université Côte d'Azur)
- Valorisation de la recherche : fondation de MedFlow AI, plateforme d'IA transposant des résultats de recherche en outils d'aide à la décision clinique

PUBLICATIONS

28 publications indexées (PubMed / Web of Science), dont 7 en premier auteur.

ARTICLES EN PREMIER AUTEUR

1. Tall ML, Lo CI, Kuete Yimagou E, Fontanini A, Delerce J, Fournier PE, Raoult D, et al. Genome sequence and description of Urinicoccus timonensis gen. nov., sp. nov., a new bacterium isolated from a human stool sample. New Microbes New Infect. 2020;37:100720.

2. Tall ML, Lo CI, Kuete Yimagou E, Ndongo S, Pham TPT, Raoult D, Fournier PE, et al. Description of Clostridium cagae sp. nov., Clostridium rectalis sp. nov. and Hathewaya massiliensis sp. nov., new anaerobic bacteria isolated from human stool samples. New Microbes New Infect. 2020;37:100719.

3. Tall ML, Pham TPT, Bellali S, Ngom II, Delerce J, Lo CI, Raoult D, et al. Anaerococcus marasmi sp. nov., a new bacterium isolated from human gut microbiota. New Microbes New Infect. 2020;35:100655.

4. Tall ML, Ndongo S, Ngom II, Delerce J, Levasseur A, Raoult D, et al. Massilistercora timonensis gen. nov., sp. nov., a new bacterium isolated from the human microbiota. New Microbes New Infect. 2020;35:100664.

5. Tall ML, Ndongo S, Ngom II, Levasseur A, et al. Massilimicrobiota timonensis gen. nov., sp. nov., a new bacterium isolated from the human gut microbiota. New Microbes New Infect. 2019;31:100574.

6. Tall ML, Lacroix-Hugues V, Daeden J, Darmon D. Implementation of a new approach of decision-support tools for the hospitalization of patients to GPs. Rev Epidemiol Sante Publique. 2021. doi:10.1016/j.respe.2021.04.088.

7. Tall ML, Mbogning Fonkou MD, Kuete Yimagou E, Raoult D, Levasseur A. Detection of horizontal sequence transfer in microorganisms in the genomic era. bioRxiv 2022.12.21.521446 [preprint].

ARTICLES EN COAUTEUR (sélection)

8. Mangombi JB, N'Dilimabaka N, Medkour H, Banga OL, Tall ML, et al. Bartonella gabonensis sp. nov., a new bartonella species from savannah rodent Lophuromys sp. in Franceville, Gabon. New Microbes New Infect. 2020;38:100796.

9. Dao TL, Levasseur A, Tall ML, Hoang VT, Colson P, et al. Epidemiology and genomic characterisation of travel-associated and locally-acquired influenza, Marseille, France. Travel Med Infect Dis. 2022;45:102236.

10. Diallo MA, L'Ollivier C, Diongue K, Badiane AS, Kodio A, Tall ML, et al. Spatiotemporal Dynamic of the RTS,S/AS01 Malaria Vaccine Target Antigens in Senegal. Am J Trop Med Hyg. 2021;105(6):1738-1746.

11. Morand A, Tall ML, Kuete Yimagou E, Ngom II, Lo CI, et al. Anaerococcus urinimassiliensis sp. nov., a new bacterium isolated from human urine. Sci Rep. 2021;11(1):2684.

12. Lo CI, Niang EHA, Sarr M, Durand G, Tall ML, et al. Fenollaria timonensis sp. nov., A New Bacterium Isolated from Healthy Human Fresh Stool. Curr Microbiol. 2020;77(11):3780-3786.

13. Diakite A, Dubourg G, Dione N, Afouda P, Bellali S, Ngom II, Valles C, Tall ML, et al. Optimization and standardization of the culturomics technique for human microbiome exploration. Sci Rep. 2020;10(1):9674.

14. Medkour H, Amona I, Akiana J, Davoust B, Bitam I, Levasseur A, Tall ML, et al. Adenovirus Infections in African Humans and Wild Non-Human Primates: Great Diversity and Cross-Species Transmission. Viruses. 2020;12(6):657.

15. Amona I, Medkour H, Akiana J, Davoust B, Tall ML, et al. Enteroviruses from Humans and Great Apes in the Republic of Congo: Recombination within Enterovirus C Serotypes. Microorganisms. 2020;8(11):1779.

16. Togo AH, Diop A, Tall ML, Million M, Khelaifia S, et al. Draft genome and description of Negativicoccus massiliensis strain Marseille-P2082, a new species isolated from the gut microbiota of an obese patient. Antonie Van Leeuwenhoek. 2020;113(7):997-1008.

17. Traore SI, Bilen M, Beye M, Diop A, Mbogning Fonkou MD, Tall ML, et al. Noncontiguous finished genome sequence and description of Raoultibacter massiliensis gen. nov., sp. nov. and Raoultibacter timonensis sp. nov. Microbiologyopen. 2019;8(6):e00758.

18. Yimagou EK, Mekhalif F, Tall ML, Baudoin JP, Raoult D, Khalil JYB. Prevotella marseillensis sp. nov., a new bacterium isolated from a patient with recurrent Clostridium difficile infection. New Microbes New Infect. 2019;32:100606.

19. Yimagou EK, Tall ML, Baudoin JP, Raoult D, Khalil JYB. Clostridium transplantifaecale sp. nov., a new bacterium isolated from patient with recurrent Clostridium difficile infection. New Microbes New Infect. 2019;32:100598.

20. Yimagou EK, Dione N, Ngom II, Tall ML, Baudoin JP, et al. Parabacteroides bouchesdurhonensis sp. nov., a new bacterium isolated from the stool of a healthy adult. New Microbes New Infect. 2020;34:100639.

21. Ndongo S, Tall ML, Ngom II, Delerce J, Levasseur A, Raoult D, et al. Olsenella timonensis sp. nov., a new bacteria species isolated from the human gut microbiota. New Microbes New Infect. 2019;32:100610.

22. Ndongo S, Tall ML, Ngom II, Khelaifia S. Massilicoli timonensis sp. nov., a new bacterium isolated from the human microbiota. New Microbes New Infect. 2019;32:100592.

23. Ndongo S, Tall ML, Ngom II, Khelaifia S. Genome sequence and description of Bacteroides bouchesdurhonensis sp. nov., a new anaerobic bacterium isolated from the human gut. New Microbes New Infect. 2019;31:100571.

24. Sarr M, Tall ML, Ben Khedher M, Pham TPT, Mbaye B, et al. Konateibacter massiliensis gen. nov. sp. nov. and Paenibacillus faecalis sp. nov., Two New Species Isolated from the Stool Samples of Infants Suffering from Marasmus.

25. Ouarti B, Righi S, Tall ML, Benakhla A. Survey of ruminant infestation by lice in north-east Algeria. 2020.

26. Kodio A, Coulibaly D, Doumbo S, Konate S, Kone AK, Tall ML, et al. Gut Microbiota Influences Plasmodium Falciparum Malaria Susceptibility. Preprints 2021, 2021050710.

27. Kodio A, Menu E, Doumbo S, Coulibaly D, Kone AK, Konate S, Tall ML, et al. Impact of Eukaryotic Enteric Pathogens on Malian Children's Gut Mycobiota. Preprints 2020, 2020090584.

28. Hasni I, Tall ML, Le Baillif M, et al., Drancourt M. Resuscitating Sleeping Beauties: reviving a six-hundred-year-old amoeba and endosymbiont. bioRxiv 2023.09.22.558946 [preprint].