

Avis de Soutenance

Monsieur Slim HMIDI

RECHERCHES BIOMEDICALES Maladies infectieuses et microbiote

Soutiendra publiquement ses travaux de thèse intitulés

Nouvelles méthodes en surveillance épidémiologique : intégration des biomarqueurs MALDI-TOF MS et de l'analyse des réseaux pour une détection ciblée des pathogènes

dirigés par Monsieur Hervé CHAUDET

Soutenance prévue le **vendredi 21 novembre 2025** à 10h00

Lieu : IHU - 19-21 boulevard Jean Moulin, 13005 Marseille,

Salle : Amphithéâtre

Composition du jury proposé

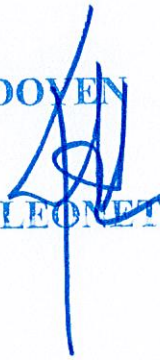
M. Hervé CHAUDET	Aix Marseille université	Directeur de thèse
M. Max MAURIN	Université de Grenoble	Rapporteur
M. Gâetan TEXIER	Ecole du Val-de-Grâce	Rapporteur
Mme Florence FENOLLAR	Aix Marseille université	Président
M. Raymond RUIMY	Université Côte d'Azur	Invité

Mots-clés : surveillance épidémiologique, Spectrométrie de masse MALDI-TOF, COVID-19, Co-détection, Clostridium difficile,

Résumé :

La surveillance épidémiologique est indispensable pour détecter les épidémies, suivre l'évolution des pathogènes et orienter les interventions de santé publique. La pandémie de COVID-19 a profondément modifié l'épidémiologie des bactéries pathogènes, mettant en évidence la nécessité d'outils de suivi en temps réel et à haute résolution. Bien que le séquençage complet du génome offre un pouvoir discriminant inégalé, son déploiement à grande échelle reste limité par son coût et sa complexité technique. La spectrométrie de masse MALDI-TOF, initialement conçue pour l'identification rapide des espèces microbiennes, s'impose comme une alternative prometteuse pour la différenciation clonale, la détection de résistances aux antimicrobiens et le profilage de virulence. Cette thèse explore le potentiel de la MALDI-TOF MS en surveillance épidémiologique à travers quatre études complémentaires : (i) évaluation des modifications liées à la pandémie dans l'incidence et la diversité clonale de Haemophilus influenzae et Staphylococcus aureus ; (ii) caractérisation des réseaux d'interactions microbiennes ; (iii) prédiction de phénotypes cliniquement pertinents, dont les souches toxigènes de Clostridium difficile, par apprentissage automatique et profond ; et (iv) développement de PeakBase, une base de données ouverte de pics biomarqueurs MALDI-TOF reproductibles liés à la résistance et à la virulence. Les résultats montrent que la MALDI-TOF MS, combinée à l'analyse computationnelle et à des ressources collaboratives, peut constituer une plateforme évolutive et polyvalente pour le typage bactérien et l'analyse épidémiologique en temps réel. Ce travail positionne la MALDI-TOF MS comme un lien entre microbiologie diagnostique

et santé publique de précision, offrant des informations exploitables sur la diversité, la résistance et la virulence des pathogènes.

LE DOYEN

Georges LEONETTI