

# Avis de Soutenance

Madame **Lorlane LE TARGA**

## Biologie-Santé - Spécialité Bioinformatique et Génomique

Soutiendra publiquement ses travaux de thèse intitulés

*Surveillance de l'évolution des variants du SARS-CoV-2 et des virus responsables d'épidémies saisonnières dans les eaux usées par RT-PCR ciblées et par séquençage génomique*

dirigés par Monsieur Bernard LA SCOLA

Soutenance prévue le **vendredi 24 janvier 2025** à 14h00

Lieu : 19-21 Bd Jean Moulin, 13005 Marseille

Salle : Amphithéâtre IHU

### Composition du jury proposé

M. Bernard LA SCOLA	Université d'Aix-Marseille - Institut Hospitalo-Universitaire Marseille	Directeur de thèse
Mme Ilka ENGELMANN	Centre Hospitalier Universitaire (CHU) de Montpellier	Rapporteuse
M. Patrice MORAND	Centre Hospitalier Universitaire (CHU) de Grenoble	Rapporteur
Mme Florence FENOLLAR	Université d'Aix-Marseille - Institut Hospitalo-Universitaire Marseille	Président
M. Philippe COLSON	Université d'Aix-Marseille - Institut Hospitalo-Universitaire Marseille	Invité
M. Jérôme VENTOSA	Biosellal	Invité

**Mots-clés :** Variants SARS-CoV-2, surveillance des eaux usées, séquençage génomique, surveillance épidémiologique, pathogènes, influenza

### Résumé :

Les virus respiratoires sont parmi les principaux agents responsables de maladies humaines, ils sont une cause majeure de morbidité et de mortalité, notamment chez les populations vulnérables. La pandémie de SARS-CoV-2 a révélé les limites des systèmes de surveillance actuels, notamment en ce qui concerne le suivi génomique et la circulation de ces virus. La détection des virus respiratoires uniquement chez les personnes symptomatiques ou cas contacts, s'est avérée insuffisante pour suivre efficacement les épidémies. Dans ce contexte, ce travail s'est intéressé à l'utilisation des eaux usées comme un moyen de surveillance des épidémies de virus respiratoires. Nous avons pu voir grâce à une revue bibliographique que les eaux usées, qu'elles proviennent des réseaux urbains ou des transports longues distance, permettent de savoir quels virus circulent, leurs concentrations et peuvent permettre d'obtenir les séquences de ces virus. Nous avons aussi pu montrer, par la détection de SARS-CoV-2 dans les eaux usées de deux avions en provenance d'Addis-Abeba et ayant atterri à Marseille en décembre 2021, qu'il était possible de détecter le SARS-CoV-2 par qPCR et de réaliser un séquençage avec la méthode de pré-amplification ARTIC. De plus cet article a montré que les mesures sanitaires mises en place pour les voyageurs n'empêche pas la circulation du virus

du SARS-CoV-2 entre les pays. En parallèle, une attention particulière a été accordée à la surveillance génomique des virus respiratoires chez les patients, en particulier le suivi du réassortiment des virus de la grippe A/H3N2 et A/H1N1 chez les patients de 2017 à 2022. Ce suivi génomique, a pu être réalisé à l'aide du séquençage de nouvelle génération et d'un système d'amplification du génome complet de la grippe A. Cette surveillance génomique a de plus permis de répondre directement à une alerte sur l'apparition de potentiels cas de grippe non détectés par des systèmes de détection commercialisés. Cette thèse montre l'importance de la surveillance des virus respiratoires à grande échelle à l'aide de nouvelles matrices de surveillance et du séquençage à grande échelle.

LE DOYEN  
  
Georges LEONETTI