

## Avis de Soutenance

Madame Elissa MAALOUF

### RECHERCHES BIOMEDICALES Maladies infectieuses et microbiote

Soutiendra publiquement ses travaux de thèse intitulés

*Analyse comparative de stratégies de prévention pour le contrôle des infections nosocomiales et développement de techniques moléculaires universelles de traçabilité en temps réel: application au aux clusters d'infections hospitalières.*

dirigés par Monsieur Rémi CHARREL

Soutenance prévue le **mercredi 10 décembre 2025** à 14h00

Lieu : Faculté des Sciences Médicales et Paramédicales, secteur Timone. Aile Bleu, Étage 0, Salle de visioconférence (Salle 012) 27 Bd Jean Moulin, 13005 Marseille, France

Salle : 012 Salle de visioconférence

#### Composition du jury proposé


M. Rémi CHARREL	Aix Marseille Université - APMH	Directeur de thèse
Mme Sara ROMANO-BERTRAND	Université Montpellier - CHU Montpellier	Rapporteure
Mme Solen KERNEIS	Université Paris Cité, AP-HP Hôpital Bichat Claude Bernard	Rapporteure
Mme Laurence ARMAND	Université Paris Cité, AP-HP Nord Bichat-Beaujon-Louis Mourier, INSERM	Examinatrice

**Mots-clés :** Stratégies de prévention et de mitigation, Infections nosocomiales, Traçabilité en temps réel, Typage Moléculaire, Infections bactériennes et fongiques,

#### Résumé :

Cette thèse s'est concentrée sur deux projets principaux: Le premier avait pour objectif le développement d'une preuve de concept pour une méthode de typage des souches bactériennes basée sur le Typage par Clivage d'Hétéroduplex d'ADN par l'enzyme Endonucléase (ENUHCT). Cette méthode a été testée sur *Bacillus cereus* et *Staphylococcus haemolyticus* et a permis une discrimination rapide entre les isolats de chaque espèce. En clivant les hétéroduplexes d'ADN formés à partir d'amplicons dérivés du MLST, cette méthode pouvait identifier des souches apparentées et distinctes sans nécessiter de séquençage préalable de l'ADN ni de données de référence. Le deuxième projet, appelé NOSOTYPING, visait à établir un pipeline de typage rapide pour le dépistage de première ligne des isolats bactériens et fongiques lors d'épidémies d'infections nosocomiales. Nous avons analysé rétrospectivement des cas impliquant *B. cereus* et des *Staphylocoques* à Coagulase Négative dans les unités de réanimation néonatale sur différents sites hospitaliers à Marseille, ainsi que des infections du site opératoire liées à *Staphylococcus aureus* sensible à la méthicilline (MSSA) en chirurgie orthopédique. Le pipeline reposait sur le typage des

isolats cliniques et environnementaux en utilisant le typage multilocus conventionnel (MLST), le typage du génome central (cgMLST), le séquençage du génome complet et l'analyse des polymorphismes nucléotidiques simples afin d'identifier les sources potentielles de contamination (cliniques et environnementales). Cette approche de dépistage a été développée pour être utilisée par l'équipe d'hygiène hospitalière, dans le but de soutenir à la fois la traçabilité à court terme des épidémies et la surveillance à long terme des infections nosocomiales. Mots-clés : Infections nosocomiales, Néonatalogie, Bacillus cereus, Typage moléculaire de première ligne, Staphylocoques, Investigation d'épidémie.

LE DOYEN  
  
Georges LEONETTI