



AVIS DE SOUTENANCE

Mme MUDRA KHARE présente ses travaux en soutenance le :

Judi 01 juillet 2021 de 18h00 à 19h30

AMPHI

IHU – Méditerranée Infection

19-21 boulevard Jean Moulin

13385 MARSEILLE Cedex 05

en vue de l'obtention du diplôme : **Doctorat en Biologie santé- Génomique et Bioinformatique**

Titre des travaux : CLASSIFICATION TAXONOMIQUE DES BACTERIES ESPECES PAR GENOMIQUE COMPARATIVE

Ecole doctorale : Sciences de la vie et de la santé (62)

Unité de recherche : Vecteurs Infections Tropicales et Méditerranéennes

Directeur : M. PIERRE-EDOUARD FOURNIER, PROFESSEUR DES UNIVERSITES

Membres du jury

Nom	Qualité	Etablissement	Rôle
M. MAX MAURIN	PROFESSEUR DES UNIVERSITES	UNIVERSITE GRENOBLE ALPES	Rapporteur du jury
Mme PATRICIA RENESTO	DIRECTEUR DE RECHERCHE	UNIVERSITE GRENOBLE ALPES	Rapporteur du jury
Mme FLORENCE FENOLLAR	PROFESSEUR DES UNIVERSITES	UNIVERSITE D'AIX-MARSEILLE	Membre du jury
M. PIERRE-EDOUARD FOURNIER	PROFESSEUR DES UNIVERSITES	UNIVERSITE D'AIX-MARSEILLE	Directeur

Le Doyen

Georges LEONETTI



Résumé

Les progrès des technologies de séquençage de nouvelle génération ont non seulement révolutionné le domaine de la génomique microbienne, mais ont également permis de mieux comprendre la plasticité génomique, l'évolution moléculaire et la diversité d'espèces et de souches étroitement apparentées. Ces avancées technologiques ont également dévoilé un microbiote associé à l'homme beaucoup plus diversifié qu'initialement imaginé. Actuellement, un très grand nombre de séquences génomiques (> 300 000) sont disponibles dans les bases de données publiques, ce qui peut aider à affiner la classification des procaryotes, qui reposait auparavant sur l'utilisation de critères génétiques et phénotypiques qui manquaient de reproductibilité. Au cours de notre thèse, nous avons mis en évidence, dans un article de revue, l'utilisation de séquences génomiques pour caractériser le virulome des bactéries. De plus, en utilisant la stratégie taxonogénomique combinant des caractéristiques génomiques et phénotypiques, nous avons décrit deux nouveaux genres, *Nigeribacterium massiliensis* et *Neobittarella massiliensis*, ainsi que la nouvelle espèce *Corynebacterium sanguisativum*. Nos résultats confirment l'utilité de la génomique pour la description taxonomique et la prédiction de la pathogenèse des bactéries.

Abstract

Advances in next generation sequencing technologies not only revolutionized the field of microbial genomics but also enabled a deeper understanding of genome plasticity, molecular evolution and diversity of closely related species and strains. These technological advances have also unveiled a much larger human-associated microbiota than was expected. Currently, large datasets (> 300 000) of genomic sequences are available in public database, which may help in refining the classification of prokaryotes, which previously relied upon the use of genetic and phenotypic criteria that lacked reproducibility. During our thesis, we have highlighted, in a review article, the use of genomic sequences to characterize the virulome of bacteria. In addition, using the taxonogenomics strategy combining genomic and phenotypic characteristics, we have described two new genera, *Nigeribacterium massiliensis* and *Neobittarella massiliensis*, as well as the new species *Corynebacterium sanguisativum*. Our results confirm the usefulness of genomics for the taxonomic description and prediction of pathogenesis of bacteria.