



Thèse

2022 – 2025



## Doctorante

Ouleya SIDIBE

## Encadrants

Sébastien LECLERCQ

(ISP, Département MICA)

[sebastien.leclercq@inrae.fr](mailto:sebastien.leclercq@inrae.fr)

Benoît DOUBLET

(ISP, Département MICA)

[benoit.doublet@inrae.fr](mailto:benoit.doublet@inrae.fr)

## Financement

50% INRAE

50% Région Centre - Val de Loire

## Étude des variants de gènes de résistance aux antibiotiques dans les microbiotes intestinaux animaux et humains

L'émergence de bactéries pathogènes résistantes à de multiples antibiotiques est une menace réelle pour notre système de santé, et est principalement causée par le transfert de gènes de résistances mobiles entre bactéries.

Il est communément admis que les microbiotes humains et d'animaux de rente seraient des réservoirs de résistances mobiles pour les pathogènes. L'étude des microbiotes par des approches métagénomiques ont fait ressortir qu'un certain nombre de gènes de résistance considérés comme mobiles sont fortement partagés entre individus humains ou animaux, et même entre les différentes espèces, suggérant des flux inter-population et inter-espèce importants.

Toutefois, ces observations ne prennent pas en compte la diversité nucléotidique de ces gènes (les variants) qui donne une information plus précise sur leurs inter-relations.

Le projet de thèse visera à réanalyser les métagénomomes existants de microbiotes humains et animaux à l'échelle des variants de gènes de résistance, pour réaliser une cartographie de ces variants dans les différentes populations/espèces.

Les résultats obtenus permettront de mieux définir les gènes réellement partagés entre microbiotes intestinaux animaux et humains, et de questionner le caractère mobile de certains de ces gènes.