



UNIL | Université de Lausanne

Faculté de biologie
et de médecine

Soutenance de thèse

Yangji Choi

Master Computer science for biology
Université Paris Saclay, France

Soutiendra en vue de l'obtention du grade de
Doctorat ès sciences de la vie (PhD)
de l'Université de Lausanne

sa thèse intitulée :

Multi-scale genomic investigations of SARS-CoV-2: from epidemiology to microbiota profiling

Directeur·trice de thèse

Prof. Gilbert Greub

Codirecteur·trice de thèse

Dre Claire Bertelli

Cette soutenance aura lieu

**Mercredi 8 janvier 2025
à 16h30**

Auditoire Charlotte Olivier, CHUV (BH08), rue du Bugnon 46, 1011 Lausanne

L'entrée est publique

Prof. Niko GELDNER
Directeur de l'École Doctorale

19.12.24

Résumé pour un grand public

Titre: Investigations génomiques multi-échelles du SARS-CoV-2 : de l'épidémiologie au profilage du microbiote

Yangji CHOI (Institut de Microbiologie, CHUV)

Face à une pandémie critique, la compréhension du SARS-CoV-2 a progressé rapidement dans de nombreux domaines scientifiques, mais ces connaissances sont souvent disjointes en termes d'échelle spatiale. La thèse visait à combler cette discontinuité en étudiant le SARS-CoV-2 à la fois à grande et à petite échelle, en utilisant des méthodes génomiques avancées pour explorer la façon dont le virus se propage entre les personnes et comment il affecte la santé de chacune.

À plus grande échelle, nous avons étudié la propagation du SARS-CoV-2 dans le canton de Vaud, en Suisse. Nous avons combiné des techniques génomiques et spatiales, qui sont rarement conjuguées. Dans un premier temps, nous avons examiné les génomes viraux des cas COVID-19 dans des groupes spatio-temporels sélectionnés pour voir comment le virus s'est propagé au cours de la première vague épidémique. Nous avons constaté que la similarité génétique au sein des groupes spatio-temporels était plus élevée dans les zones rurales et pendant les périodes d'apparition ou de confinement. L'analyse a également mis en évidence deux événements de super-propagation provenant de France et d'Italie, sur la base de mutations spécifiques. Dans la deuxième phase, nous avons examiné comment des variantes clés comme Alpha, Delta et Omicron se sont propagées différemment. La variante Omicron s'est propagée plus largement que les autres, ce qui suggère sa grande transmissibilité. Nous avons également observé une augmentation significative de la diversité génétique parmi les personnes vivant dans les mêmes quartiers et les mêmes foyers pendant l'invasion. Cette étude a permis de mieux comprendre le mode de propagation du virus et de fournir des informations utiles pour les stratégies de santé publique.

À plus petite échelle, nous avons étudié le microbiote des patients atteints de COVID-19 afin de mieux comprendre pourquoi la maladie affecte les gens différemment. Nous nous sommes plus particulièrement intéressés à l'intestin, dont on sait qu'il interagit avec les poumons par l'intermédiaire de l'« axe intestin-poumon ». Les gènes ARNr 16S bactériens ont été utilisés comme codes-barres pour établir le profil de la communauté bactérienne. En examinant les changements dans le microbiote intestinal des patients atteints de COVID-19 au fil du temps, nous avons constaté que le microbiote intestinal était significativement modifié par rapport aux patients non atteints de COVID-19. En outre, les bactéries bénéfiques qui produisent du butyrate étaient réduites dans les cas graves. Ces résultats montrent le lien entre l'intestin et les poumons, ce qui pourrait nous aider à comprendre la maladie et, éventuellement, à trouver des approches thérapeutiques.

En résumé, l'étude à plusieurs niveaux du SARS-CoV-2, de l'épidémiologie du virus au microbiote intestinal, a permis d'avoir une vue d'ensemble de la pandémie et des connaissances interdisciplinaires qui nous aideront à mieux gérer les futures épidémies.