

Soutenance de thèse

Mercredi 25 janvier
10h00 - Amphithéâtre

Plateforme microfluidique de lyse, tri et détection : vers un diagnostic rapide de la septicémie

Choayb OMAR

Jury members :

Benoit Charlot, Directeur de Recherche, IES (UMR5214), Montpellier, Rapporteur
Yong Chen, Directeur de Recherche, ENS (UMR8640), Paris, Rapporteur
Gaelle Lissorgues, Professeur, ESIEE, Examinatrice
Bruno Le Pioufle, Professeur, Université Paris Saclay ENS, Palaiseau, Examineur
Isabelle Le Potier, Maître de conférences, Université Paris-Saclay (C2N), Palaiseau, Directrice de thèse
Anne-Marie Haghiri Gosnet, Directrice de Recherche, CNRS (C2N), Co-encadrante
Jean Gamby, Chargé de Recherche, CNRS(C2N), Co-encadrant, Invité
Hervé Jacquier, Praticien Hospitalier, Hôpital Henri Mondor, Créteil, Invité

Abstract :

L'incidence de la septicémie est en augmentation et la mortalité des cas sévères est toujours majeure. L'antibiothérapie ne peut être adaptée qu'après 2 à 3 jours après le début du sepsis, car les résultats complets d'hémocultures positives comprenant la primo-culture, l'identification et l'antibiogramme nécessitent en général de 24h à 72h après le début de la septicémie. Être capable de détecter et caractériser l'agent pathogène directement dans l'échantillon de sang pour pouvoir administrer un traitement antibiotique adapté dans les heures qui suivent le début du sepsis est donc un enjeu très actuel. Le but de mon doctorat était de développer une plateforme microfluidique multiplexe permettant d'effectuer la détection d'agents pathogènes responsables d'infections sévères et d'étudier leur résistance aux antibiotiques.

Dans ce contexte, afin de faciliter l'extraction des agents pathogènes, nous avons développé un module de lyse qui permet de détruire spécifiquement les cellules sanguines alors que les bactéries restent viables. Nous avons également développé un module de tri pour trier les bactéries parmi les débris sanguins. Avec ce dispositif, nous avons réussi à trier non seulement des particules synthétiques choisies comme modèles (pureté ~ 99%) mais aussi des bactéries (pureté ~ 65%) avec un débit de 600 $\mu\text{L}/\text{min}$. Un troisième module pour la détection électrochimique multiplexée de plusieurs gènes de résistance a été développé dans cette thèse. Nous avons réussi à détecter un gène de résistance CTXM GP8, d'une vingtaine de paires de bases, en 30 minutes avec une limite de détection de 10^{-16} M, sans amplification préalable.

