

Fiche de présentation

UMR CNRS 6023 Laboratoire Microorganismes : Génome et Environnement, Université Clermont Auvergne (D Debroas)

Directrice de thèse : Henquell Cecile (Pr-HDR), co-encadrant Bisseux Maxime (Ingénieur, PhD)
chenquell@uca.fr

Analyse du virome ARN humain des eaux usées dans une perspective de surveillance épidémiologique

L'analyse virologique des eaux usées est utilisée depuis longtemps pour surveiller la circulation des poliovirus, responsables d'épidémies de poliomyélite dans une population. De nombreux laboratoires à travers le monde ont recours à cette approche pour suivre l'évolution de la pandémie de SARS-CoV-2.

Les méthodes utilisées jusqu'à maintenant ciblent un virus d'intérêt mais ne permettent pas de réaliser une surveillance globale des principaux virus humains, en particulier les virus ARN responsables de pathologies émergentes. Dans le laboratoire, plusieurs approches sont en développement pour caractériser le virome ARN dans les eaux usées domestiques afin de mettre en place une surveillance plus large de la circulation virale dans la population.

Le but du projet proposé est de construire un pipeline bio-informatique pour analyser les données de métagénomique non ciblée, les comparer à une base de données virales, et identifier les pathogènes viraux humains présents dans les eaux usées. Le pipeline d'analyse permettra d'évaluer l'efficacité de différentes approches d'enrichissement en virus ARN pour valider l'ensemble des étapes techniques, depuis le traitement initial des eaux jusqu'à l'analyse de la diversité virale dans les échantillons après séquençage haut débit.

Ce travail est soutenu par un programme FEDER et le réseau OBEPINE de surveillance du SARS-CoV-2 dans les eaux usées.

Bisseux et al. *Monitoring of enterovirus diversity in wastewater by ultra-deep sequencing: An effective complementary tool for clinical enterovirus surveillance. Water Res. 2020 Feb 1;169:115246.*