

Offre de thèse en Microbiologie Environnementale au LCPME (UMR 7564 CNRS-Université de Lorraine, Nancy, France)

SUJET : APPORT DE LA METAGENOMIQUE DES EAUX USEES POUR ANTICIPER LA CIRCULATION DE VIRUS EMERGENTS : APPLICATION AUX VIRUS GRIPPaux

Le Laboratoire de Chimie Physique et Microbiologie pour les Matériaux et l'Environnement (LCPME, UMR 7564 CNRS Université de Lorraine) propose une offre de thèse (3 ans) axé sur la détection et la caractérisation des génomes des virus de la grippe dans les eaux usées. Ce projet s'inscrit dans une approche de santé unique, à l'interface de la virologie humaine et environnementale. Il combinera le développement d'analyses moléculaires et d'analyses bio-informatiques. La thèse débutera en Septembre 2026.

MOTS CLES : épidémiologie des eaux usées, métagénomique, virus de la grippe

CONTEXTE :

L'épidémiologie basée sur les eaux usées s'est imposée ces dernières années comme un outil innovant pour la surveillance de la circulation des agents infectieux à l'échelle des populations. Son essor a été particulièrement marqué lors de la pandémie de COVID-19, démontrant sa capacité à fournir des indicateurs précoces de circulation virale. Cette stratégie ouvre des perspectives majeures pour l'identification précoce de virus émergents, en particulier les virus à ARN caractérisés par une forte variabilité génétique et un potentiel élevé de franchissement de la barrière d'espèce.

Les approches actuelles reposent cependant majoritairement sur des méthodes ciblées (RT-qPCR), nécessitant une connaissance préalable des génomes recherchés. Elles sont donc inadaptées à la détection de nouveaux pathogènes. La métagénomique non ciblée représente une alternative prometteuse, permettant une analyse exhaustive du virome. Néanmoins, son application aux eaux usées est encore limitée par plusieurs verrous : faible abondance des virus d'intérêt, dominance des génomes bactériens et viraux non pertinents, ainsi que des défis bio-informatiques.

L'objectif général de cette thèse est de **développer et valider une approche métagénomique non ciblée optimisée par séquençage Nanopore pour la détection des virus à ARN dans les eaux usées**, et d'en évaluer le potentiel pour la surveillance épidémiologique. Une application directe sera mise en œuvre en utilisant le virus de la grippe comme modèle d'émergence.

Le projet s'articule autour de 3 volets complémentaires. Le premier concerne l'amélioration de la détection des virus à ARN dans les eaux usées. Le second volet concerne le développement et l'optimisation de pipeline bio-informatique afin d'améliorer l'identification des virus au sein des données obtenues par métagénomique. Le 3^{ème} volet correspond à la validation de cette approche dans un contexte épidémiologique réel, en suivant la diversité génétique des virus grippaux dans les eaux usées et en la comparant aux souches cliniques isolées chez des patients hospitalisés.

PROFIL RECHERCHE : Le/la candidat(e) devra être titulaire d'un Master 2 avec une solide formation en virologie et en biologie moléculaire, de préférence avec une expérience en séquençage haut débit. Une appétence pour la bio-informatique sera un atout précieux. Un fort intérêt scientifique, de l'autonomie, de la rigueur et des capacités rédactionnelles en français et en anglais sont attendus.

CONTACT : Pour plus d'informations, contactez Christophe Gantzer (christophe.gantzer@univ-lorraine.fr) et Cédric Hartard (cedric.hartard@univ-lorraine.fr). Pour candidater, merci d'envoyer CV, lettre de motivation et relevés de notes. Les candidats retenus seront ensuite auditionnés ultérieurement par l'Ecole Doctorale BioSE pour une décision finale.