

Discipline :

Sujet : Développement de méthodes innovantes pour l'étude génomique et épidémiologique du protozoaire intestinal *Cyclospora cayetanensis*

Acronyme : CYCLOMICS

Mots clés :

Direction de thèse : Favennec Loïc

Unité de recherche : UR 7510 ESCAPE (EpidémioSurveillance et circulation des parasites dans les environnements)

Etablissement : Université de Rouen Normandie

Type de financement : Contrat doctoral Normandie Recherche 50% (sous condition suspensive d'obtention du financement)

Contact : loic.favennec@univ-rouen.fr

*Cyclospora cayetanensis* est un parasite responsable de la cyclospore, une maladie intestinale provoquant des diarrhées sévères. Présent dans les régions tropicales, il atteint désormais les pays développés par le biais d'aliments importés comme des fruits et légumes frais. En France, où les importations alimentaires ont fortement augmenté ces dernières années, notamment en Normandie, ce parasite représente une menace croissante pour la santé publique. Pourtant, ce parasite reste mal connu : isoler et analyser son ADN est un défi, car il est présent en très faible quantité dans les échantillons cliniques. À ce jour, seule une quarantaine de génomes du parasite, principalement issus d'Amérique du Nord, sont disponibles, limitant notre compréhension de sa diversité génétique et de son impact sanitaire.

Ce projet vise à combler ce manque en étudiant une collection unique de 200 échantillons positifs à *C. cayetanensis* provenant de plus de 15 pays, en collaboration avec le CDC aux États-Unis et le Centre National de Référence Cryptosporidioses, microsporidies et autres protozooses digestives à Rouen (France).

Le projet s'articulera en trois grandes étapes. La première consistera à développer des méthodes pour purifier et séquencer l'ADN du parasite. La seconde aura pour objectif d'analyser les génomes obtenus pour comprendre comment les différentes souches de *C. cayetanensis* s'organisent à travers le monde, identifier des marqueurs génétiques pour distinguer les cas isolés des épidémies, et repérer des mutations liées à la symptomatologie. Une base de données mondiale des génomes sera créée pour aider les scientifiques et les autorités de santé à mieux surveiller et gérer les épidémies.

Ce projet, en s'attaquant à un parasite encore peu compris mais de plus en plus prévalent, contribuera directement à renforcer la sécurité alimentaire et à limiter les risques sanitaires, en particulier dans des régions comme la Normandie où les échanges internationaux favorisent sa propagation.