

L'herpèsvirus équin 4 dans les infections respiratoires : une meilleure caractérisation pour une prophylaxie optimale

Camille Normand

Sous la direction de Stéphane Pronost et l'encadrement d'Erika Hue
LABÉO, 1 route de Rosel, 14280 Saint-Contest
EA7450 BIOTARGEN-UNICAEN, Université de Caen Normandie, 14000 Caen



L'herpèsvirus équin 4 (HVE-4), aussi connu sous le nom de virus de la rhinopneumonie, est capable d'induire chez les jeunes chevaux des formes respiratoires qui se caractérisent par un jetage nasal, une toux et de l'hyperthermie. L'HVE-4 est aussi, dans de rares cas, à l'origine de formes secondaires plus graves telles que des avortements. De plus, contrairement à l'HVE-1, son implication dans les formes nerveuses n'est pas décrite à ce jour mais ce point est fortement suspecté par la communauté scientifique. Aussi, l'HVE-4 a la capacité, comme de nombreux autres herpèsvirus, d'entrer en latence chez les chevaux et pourra donc être réactivé lors d'un stress. Actuellement, les vaccins disponibles pour lutter contre la rhinopneumonie (HVE-4 et HVE-1) protègent contre la forme respiratoire et ils permettent de réduire l'incidence des avortements. Cependant, ces vaccins ont une efficacité non démontrée à ce jour contre les formes nerveuses. De plus, l'HVE-4 est responsable de nombreuses épizooties chaque année qui entraînent des pertes économiques importantes pour la filière équine. Ce virus est donc particulièrement redouté par les éleveurs et les entraîneurs. Ce virus est beaucoup moins étudié que l'HVE-1 qui est à l'origine d'un nombre de cas plus importants de formes secondaires graves. Cependant, l'HVE-4 est responsable de 6 fois plus d'épizooties associées à des formes respiratoires que l'HVE-1 et ce virus reste peu étudié par la communauté scientifique qui l'a certainement considéré comme proche de l'HVE-1. Malgré leur forte homologie au niveau génomique, ces virus présentent des spécificités et une meilleure caractérisation de l'HVE-4 permettrait à la fois d'identifier de nouvelles propriétés communes avec l'HVE-1 mais aussi des spécificités à l'HVE-4 pouvant conduire à des moyens de luttés plus efficaces.

L'objectif de mon projet de thèse vise donc à caractériser les épizooties liées à l'HVE-4. La première étape consistera à caractériser les infections à HVE-4 en mettant en place une étude sur le terrain avec l'aide de propriétaires et de vétérinaires volontaires. Cette étude permettra d'obtenir des informations sur la durée d'excrétion du virus, les signes cliniques ainsi que la réponse immunitaire. Parallèlement le risque lié à la survie de l'HVE-4 dans l'environnement d'un cheval contaminé sera évalué dans les conditions terrain mais également dans des conditions de laboratoire. A notre connaissance, aucune donnée n'est disponible sur la persistance de l'HVE-4 dans l'environnement. L'étude de la capacité de survie du virus pourrait permettre d'identifier de potentielles causes de contamination (eau, litière, matériel, etc) mais aussi de revoir les protocoles de confinement et de prophylaxie pour les chevaux infectés et la population au contact. Cette première partie permettra aussi d'isoler des souches d'HVE-4 qui circulent en France. Dans un second temps, ces souches seront caractérisées au niveau moléculaire et cellulaire. Suite à plusieurs épizooties précédentes, de nouvelles souches d'HVE-4 vont pouvoir être isolées. Nous développerons un outil moléculaire capable de différencier la variabilité des souches d'HVE-4 et ainsi permettre un suivi épidémiologique lors des prochaines épizooties. Enfin, suite à des travaux précédents réalisés au laboratoire, ayant permis d'identifier 9 molécules antivirales efficaces *in vitro* contre l'HVE-1, nous réaliserons une étude pour évaluer leur efficacité contre l'HVE-4.

Ce projet est co-financé par l'IFCE (Institut Français du Cheval et de l'Équitation), les Fonds Eperon, le LABÉO, la Région Normandie (CPER R25 P3) et le GIS CENTAURE co-financé par la Région Normandie et l'Union Européenne dans le cadre du programme opérationnel ERDF-ESF 2014-2020.