

Discipline : Aspect moléculaire et cellulaire de la biologie

Sujet : Approche multi-omique de la sensibilité et de la résistance des poulains à l'expression clinique de la rhodococcose

Acronyme : GETRho

Mots clés : DNA and RNA biology, Genetics, Genomics, Epigenetics, Transcriptomics

Direction de thèse : RICHARD Eric

Unité de recherche : UR7450 BIOTARGEN « biologie, génétique et thérapies ostéoarticulaires et respiratoire »

Etablissement : Université de Caen Normandie

Type de financement : Contrat doctoral établissement

Contact : eric.richard@unicaen.fr

La rhodococcose est une infection respiratoire grave qui touche les poulains âgés de quelques semaines à quelques mois. Provoquée par une bactérie présente dans l'environnement des élevages, elle peut entraîner une forte fièvre, des difficultés respiratoires et parfois la mort de certains poulains. Malgré l'administration de traitements antibiotiques, jusqu'à 40 % des poulains malades ne survivent pas, et il n'existe aujourd'hui ni vaccin ni stratégie de prévention réellement efficace.

Un fait intrigue pourtant les vétérinaires : si presque tous les poulains sont exposés à la bactérie dès la naissance, seule une minorité développe la maladie, tandis que d'autres restent asymptomatiques. Cela suggère que certains poulains seraient naturellement plus résistants.

Ce projet de thèse vise à comprendre ce phénomène, en étudiant le rôle de la génétique et de l'épigénétique. Pour cela, des poulains malades et des poulains « contrôles » issus des mêmes élevages seront comparés. En effet, leur ADN sera analysé afin de repérer des variations génétiques associées à la sensibilité des poulains à l'expression clinique de la rhodococcose, mais aussi des marques épigénétiques capables de modifier l'activité des gènes sans modifier la séquence de l'ADN.

En combinant ces trois approches (génomique, épigénétique et transcriptomique), l'objectif est d'identifier des biomarqueurs permettant de prédire précocement quels poulains risquent de tomber malades. À terme, ces résultats pourraient aider à mieux cibler les traitements antibiotiques, à réduire leur usage inutile et à améliorer le bien-être des animaux, tout en apportant des bénéfices concrets à la filière équine.

Rhodococcosis is a severe respiratory infection that affects foals from a few weeks to a few months of age. Caused by a bacterium naturally present in the farm environment, it can lead to high fever, breathing difficulties and, in some cases, death. Despite antibiotic treatment, up to 40% of affected foals do not survive, and there is currently neither a vaccine nor a truly effective preventive strategy.

One observation nevertheless puzzles veterinarians: although almost all foals are exposed to the bacterium from birth, only a minority develop the disease, while others remain asymptomatic. This suggests that some foals may be naturally more resistant than others.

This PhD project aims to understand this phenomenon by investigating the role of genetics and epigenetics. To this end, affected foals and "control" foals from the same farms will be compared. Their DNA will be analysed to identify genetic variations associated with susceptibility to the clinical expression of rhodococcosis, as well as epigenetic marks capable of modulating gene activity without altering the DNA sequence.

By combining these three approaches (genomics, epigenetics and transcriptomics), the goal is to identify biomarkers that could allow early prediction of which foals are at risk of developing the disease. In the long term, these results could help to better target antibiotic treatments, reduce unnecessary antibiotic use, improve animal welfare, and provide tangible benefits for the equine industry.