

Discipline : Virologie / santé respiratoire

Sujet : Épidémiologie moléculaire et réponses immunitaires de l'hôte au virus parainfluenza humain chez les populations pédiatriques et adultes (IVIPAR)

Acronyme : IVIPAR

Mots clés : Patients hospitalisés, virus parainfluenza, immunité innée, épidémiologie moléculaire, étude restrospective.

Direction de thèse : PLANTIER Jean-christophe

Unité de recherche : UMR 1311 DYNAMICURE

Etablissement : Université de Rouen Normandie

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

Contact : [Jc.Plantier@chu-rouen.fr](mailto:Jc.Plantier@chu-rouen.fr)

Les virus parainfluenza humains (HPIVs) sont des virus respiratoires ubiquitaires qui circulent dans les zones tempérées de l'hémisphère nord sur forme épidémique. La pandémie COVID-19 a perturbé la circulation de ce virus pendant la mise en place des mesures sanitaires. Les HPIVs sont responsables essentiellement d'infections respiratoires aiguës hautes bénignes, mais aussi d'atteintes plus sévères touchant l'arbre respiratoire bas (bronchiolite, la pneumonie, pneumopathie) nécessitant une prise en charge hospitalière. Les facteurs à risque de développer des formes sévères sont : prématurité, âge avancé, patients présentant des comorbidités respiratoires cardiaques ou rénales, patients immunodéprimés, etc. Actuellement aucune molécule antivirale, ni aucun vaccin ne sont disponibles. Les HPIVs sont des virus dont le génome est une molécule d'ARN de polarité négative. On distingue quatre types de HPIVs nommés de 1 à 4, dont la pathogénicité est variable. Les infections à HPIV génèrent chez les patients infectés une réponse immunitaire de type innée et adaptative, qui permet de contrôler la multiplication du virus au sein de l'organisme, une évolution favorable vers la guérison, et enfin qui permet la mise en place d'une protection contre les réinfections. Les données existantes sur les HPIVs sont hétérogènes et peu nombreuses. L'impact sanitaire de ces infections reste peu connu. Dans ce contexte, le projet IVIPAR a pour objectif d'améliorer les connaissances sur la génétique de ce virus, leur évolution et leur impact hospitalier. Il vise d'une part à identifier par séquençage de nouvelle génération les différents lignages viraux et leur évolution, et d'autre part à étudier la réponse immunitaire innée dans les populations adultes et pédiatriques hospitalisées. En combinant des données cliniques, virologiques et immunologiques, ce projet ambitionne d'améliorer la connaissance de ces virus et de contribuer à une meilleure prise en charge des populations vulnérables.

Human parainfluenza viruses (HPIVs) are ubiquitous respiratory viruses that circulate in temperate zones of the Northern Hemisphere in epidemic forms. The COVID-19 pandemic disrupted the circulation of this virus during the implementation of public health measures. HPIVs are primarily responsible for mild acute upper respiratory infections, but also for more severe infections affecting the lower respiratory tract (bronchiolitis, pneumonia, pneumonitis) requiring hospitalization. Risk factors for developing severe forms include prematurity, advanced age, patients with respiratory, cardiac, or renal comorbidities, immunocompromised patients, etc. Currently, no antiviral drugs or vaccines are available.

HPIVs are viruses whose genome is a negative-sense RNA molecule. There are four types of HPIV, designated 1 to 4, with varying degrees of pathogenicity. HPIV infections generate an innate and adaptive immune response in infected patients, which controls viral replication within the body, promotes recovery, and establishes protection against reinfection. Existing data on HPIVs are heterogeneous and limited. The health impact of these infections remains poorly understood. In this context, the IVIPAR project aims to improve our understanding of the genetics of this virus, its evolution,

and its impact on hospitals. It seeks, firstly, to identify the different viral lineages and their evolution using next-generation sequencing, and secondly, to study the innate immune response in hospitalized adult and pediatric populations. By combining clinical, virological, and immunological data, this project aims to improve our understanding of these viruses and contribute to better care for vulnerable populations.