



Projektbericht PR 2024-02

EHV-1 Ausbruch im Pferdestall: Transkriptomanalyse von equinen und viralen Genen im Blut von akut und latent mit EHV-1 infizierten Pferden

Projektleitung

Dr. med. vet. Julia Lechmann
Virologisches Institut, Vetsuisse Fakultät Zürich

Hintergrund/Ausgangslage

Eine Infektion mit dem equinen Alphaherpesvirus 1 (EHV-1) kann sich in milder respiratorischer, zentralnervöser Erkrankung (equine Herpesvirus Myeloenzephalopathie, EHM) oder Aborten bzw. der Geburt lebensschwacher Fohlen manifestieren. Obwohl Ausbrüche regelmässig vorkommen, ist unklar, welche viralen und Wirtsfaktoren zu den unterschiedlichen Verläufen beitragen. Die Erforschung der Infektion auf viraler und Wirtsebene ist deshalb ein wichtiger Baustein zur Entwicklung effektiver Therapie- und Prophylaxemöglichkeiten.

Ziel der Studie

Die vorliegende Studie untersucht einen EHV-1 Ausbruch in einem Pferdestall, nachdem eines der Pferde mit neurologischen Symptomen am Tierspital Zürich vorgestellt und positiv auf EHV-1 getestet wurde. Dieser Indexfall und die 34 Kontaktpferde wurden anschliessend unter Besitzereinverständnis über sechs Monate in Nasentupfer und allenfalls Blut beprobt. Um das Infektionsgeschehen besser zu verstehen, wurde der Verlauf der EHV-1 Infektion in den einzelnen Pferden mittels verschiedener Labormethoden genauer beleuchtet.

Klinische Relevanz

In Anlehnung an ein vorheriges Projekt (PR 2020-09), wurde das Analysespektrum um die RNA-Sequenzierung zur Analyse des Transkriptoms in Blutzellen erweitert.

Material	Methode	Zweck/Ziel
eNAT-Nasentupfer	EHV-1/4 multiplex rtPCR EHV-1 NNP/NP PCR NGS	Nachweis viraler DNA im Nasensekret (Ausscheidung) Unterscheidung NNP und NP Bestimmung EHV-1 Genomsequenz
EDTA-Blut	EHV-1/4 multiplex rtPCR	Nachweis viraler DNA im Blut (Virämie)
UTM-Nasentupfer	Zellkultur NGS	Virusisolation (Nachweis Infektiosität) Bestimmung EHV-1 Genomsequenz
Vollblut/Serum	EHV-1/4 Antikörper ELISA	Nachweis von Serumantikörpern
Tempus-Blut	RNA bulk sequencing	mRNA (Genexpression Virus & Wirt)

Tabelle 1: Übersicht zu angewandten Methoden, Material und Ziel der Untersuchungen. ELISA = Enzyme-linked immunosorbent assay; NGS = Next generation sequencing; NNP = non-neuropathogen; NP = neuropathogen; rtPCR = Real-time polymerase chain reaction.

Die Resultate zur Virusausscheidung, Virämie, Antikörpernachweis sowie die Bestimmung des Subtyps (NP/NNP) sind im Zwischenbericht 2025 ersichtlich.

Die Virusisolation war bei vier Pferden erfolgreich. Die NGS-Sequenzen aus diesen vier Virusisolaten sowie zehn weiteren EHV-1 positiven Nasentupferproben zeigen, dass teilweise bis zu 100% des EHV-1 Genoms sequenziert wurde und – soweit eine Aussage machbar ist – die Stämme sehr ähnlich zu sein scheinen.

Die Transkriptomanalyse dient dazu, die Genexpression in Immunzellen einzelner Pferde zu vergleichen, und mit der klinischen Symptomatik in

Kontext zu setzen. Dazu wurden von zwei gesunden Pferden und dem Indexfall Blutproben zum Zeitpunkt der Virämie sowie ca. 2 Wochen nach Virämie analysiert und die Sequenzdaten miteinander verglichen. isherige Ergebnisse

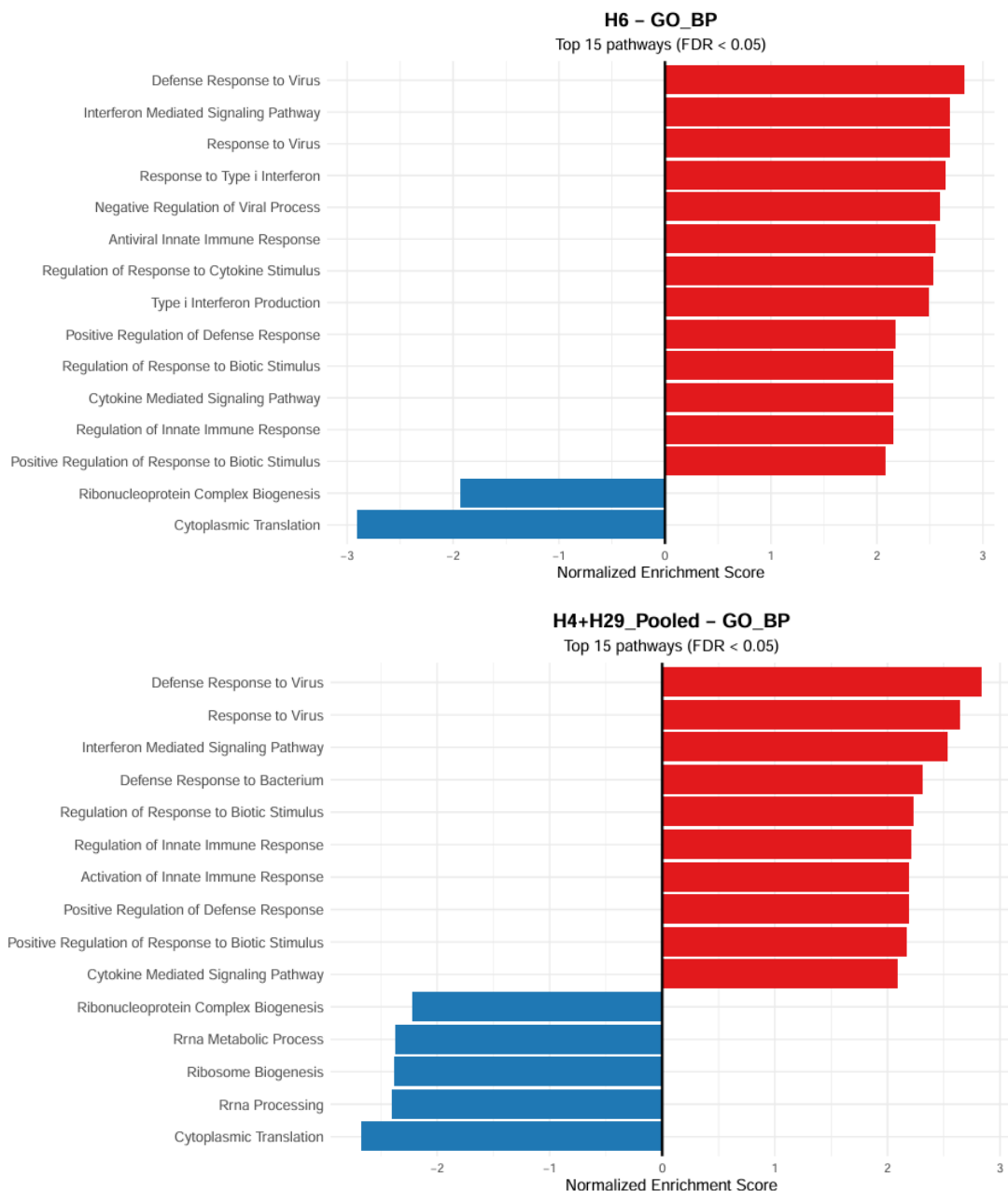


Abbildung 1: Darstellung der biologischen Prozesse, die in den drei Pferden während der Virämie im Vergleich zu ca. zwei Wochen nach der Virämie vermehrt aktiv sind. Ergebnisse für H6 (Indexfall; oben) sowie für H4 und H29 (gesunde Pferde; unten). FDR = False detection rate. Rote Balken = vermehrt aktiv während Virämie. Blaue Balken = vermehrt aktiv nach der Virämie.

Die während der Virämie aktiven biologischen Prozesse betrafen bei allen drei Pferden vor allem die Immunantwort zur Bekämpfung der Infektion. Nach der Virämie sind bei den zwei gesunden Pferden zusätzlich zu gemeinsamen Prozessen mit dem Indexfall auch ribosomale Prozesse besonders hochreguliert (Abbildung 1).

Ausblick

Sämtliche Laboranalysen sind abgeschlossen. Im Verlauf vom Februar 2026 werden NGS und Transkriptom noch eingehend analysiert und die Dissertation durch med. vet. Samira Bürstinghaus fertiggestellt.