

Analyse phylogénétique des souches du virus respiratoire syncytial bovin (BRSV) présentes en Wallonie

Demil A.¹, Cassart D.², Gillet L.³, Evrard J.⁴, Gregoire F.⁴, Leonard M.⁴, Rollin F.⁵, Bayrou C.⁵, Garigliany M.M.², Dourcy M.¹

¹. Anatomie, Département de morphologie-pathologie, FARAHA, ULiège, Belgique

². Pathologie, Département de morphologie-pathologie, FARAHA, ULiège, Belgique

³. Laboratoire d'Immunologie-Vaccinologie, Département des maladies infectieuses et parasitaires, FARAHA, ULiège, Belgique

⁴. Association Régionale de Santé et d'Identification Animales (ARSIA), Ciney, Belgique

⁵. Service de médecine bovine, Département clinique des animaux de production, FARAHA, ULiège, Belgique

Auteur principal : a.demil@uliege.be

Le virus respiratoire syncytial bovin (BRSV) est un virus appartenant au genre *Orthopneumovirus* au sein de la famille des *Pneumoviridae* (ICTV 2020). Le BRSV est l'un des principaux agents pathogènes impliqués dans le complexe des maladies respiratoires bovines (BRD) et cause d'importantes pertes économiques dans l'industrie de l'élevage. Il code pour 11 protéines virales dont la glycoprotéine d'attachement (G) qui présente un taux de mutation élevé. Ce taux élevé permet de se baser sur cette protéine afin d'établir des classifications phylogénétiques du BRSV et de suivre son évolution. Jusqu'en 2018, le BRSV était classé en six sous-groupes (I à VI). De récentes études réalisées en Italie, Croatie, Brésil et Japon ont mis en évidence des mutations au sein de la région immunodominante de la glycoprotéine G, entraînant l'émergence de nouvelles souches de BRSV (sous-groupes VII à X). En Wallonie, il n'existe pas d'information sur l'évolution génétique du BRSV depuis la fin des années 1990. Notre étude décrit donc la diversité phylogénétique des souches de BRSV circulantes en Wallonie à partir de 53 échantillons récoltés entre 2015 et 2023 par le département « laboratoire et diagnostic » de l'ARSIA ainsi que le service d'autopsie de la Faculté de Médecine vétérinaire de l'Université de Liège. Les échantillons analysés proviennent d'animaux morts (échantillons pulmonaires, 50/53) ou malades (lavages broncho-alvéolaires, 3/53) et testés positifs pour le BRSV par analyse PCR. Tous les échantillons disponibles et exploitables ont été intégrés à l'analyse. Nous avons également inclus 4 souches vaccinales actuellement commercialisées en Belgique. L'analyse phylogénétique des séquences partielles du gène G a révélé que la majorité des souches circulant dans notre région appartiennent au sous-groupe émergent VIII ainsi qu'au sous-groupe II, plus ancien (répartition dans les sous-groupes : II = 41,5%; III = 1,9%; VIII = 56,6%). L'analyse épidémiologique des données recueillies pour les bovins atteints par des virus appartenant à ce nouveau sous-groupe ne suggère pas de comportement biologique différent des anciennes souches. La circulation de différentes souches de BRSV éloignées génétiquement souligne l'importance d'investiguer le fonctionnement des vaccins (basés sur des souches classées dans les sous-groupes II et III) vis-à-vis de ces nouveaux sous-groupes.