

Evaluation génétique et épidémiologique des souches du virus respiratoire syncytial bovin (BRSV) présentes en Wallonie

Anneliese DEMIL¹, Hani BOSHRA², Dominique CASSART², Laurent GILLET³, Julien EVRARD⁴, Fabien GRÉGOIRE⁴, Frédéric ROLLIN⁵, Calixte BAYROU⁵, Mutien-Marie GARIGLIANY², Mickaël DOURCY¹

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

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

Auteur principal: mickael.dourcy@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 une cause majeure des pathologies respiratoires bovines (BRD) et est responsable d'épidémies de maladies respiratoires hivernales, entraînant d'importantes pertes économiques pour l'industrie agricole. Le BRSV code pour 11 protéines virales dont la glycoprotéine d'attachement (G). Cette dernière présente un taux de mutation élevé et est couramment utilisée lors d'analyses phylogénétiques du BRSV. A ce jour, le BRSV est classé, en dix sous-groupes (I à X). De récentes études réalisées dans différents pays (Italie, Croatie, Brésil et Japon) ont mis en évidence la circulation de nouvelles souches de BRSV (groupes VII à X) comprenant des mutations au sein de la région immunodominante. Dans ce travail, la diversité génétique des souches de BRSV circulant en Belgique, inconnue depuis la fin des années 1990, a été étudiée. Nos analyses phylogénétiques ont révélé l'émergence et la circulation de souches de BRSV appartenant au sous-groupe VIII, comme observé ailleurs en Europe. La corrélation entre les isolats de BRSV circulant en Belgique et les caractéristiques épidémiologiques telles que l'âge, la race, la saisonnalité et la répartition géographique a également été analysée. La distribution spatio-temporelle des isolats de BRSV a été étudiée dans différents pays et devrait se poursuivre. La mise en place d'une surveillance moléculaire du BRSV dans différentes régions pourrait améliorer l'identification de nouveaux foyers, entraînant la mise en œuvre de mesures préventives visant à contrôler la maladie.