

## **Typage moléculaire du virus de la fièvre catarrhale ovine (action A1)**

S. Zientara (Afssa LERPAZ)

Dans le cadre de cette action, la détermination des séquences nucléotidique des segments variables (segment 2 qui code la protéine de surface externe VP2 et segment 10 qui code la protéine non structurale NS3) ou des segments plus conservés (segment 7 qui code la protéine de capsid interne VP7 et le segment 6 qui code la protéine VP6 à activité hélicase) a été effectuée. Ces segments ont été analysés pour les virus de la fièvre catarrhale ovine de sérotypes 1, 8 (totalement) et 6 (partiellement). La comparaison des séquences génétiques et l'étude de leur variabilité a permis de conclure par exemple que la souche du virus de la FCO de sérotype 1 isolée dans le Finistère est la même que celle qui circule dans le sud Ouest de la France en 2008.

Pour ce qui concerne le sérotype 8, les travaux de phylogénie moléculaire menés en collaboration avec les équipes anglaise, belge, allemande et hollandaise ont montré qu'il était différent de tous les sérotypes 8 isolés jusqu'alors. L'étude de toutes ces séquences a permis d'identifier des régions génomiques permettant de sélectionner des amorces de PCR. En collaboration avec des sociétés privées (AES et LSI), des trousse de RT-PCR en temps réel pour détection du génome des virus de la FCO et/ou de l'EHD (maladie épizootique hémorragique des cervidés) et des RT-PCR en temps réel de typage 1, 6 et 8 ont été développées.

Ces trousse de typage sont actuellement utilisées par un réseau de 61 laboratoires vétérinaires départementaux (après mise en œuvre d'un essai inter-laboratoire d'aptitude organisé par le laboratoire national de référence de l'AFSSA en 2008).