**Thèse de Doctorat en Sciences Vétérinaire de Mme Abed Mouna**

**Caractérisation génétique, antigénique et pathotypique du virus de la**

**bursite infectieuse aviaire en Algérie**

**Alger, École Nationale Supérieure Vétérinaire : 2018**

**Résumé** :

La bursite infectieuse aviaire (IBD) est une maladie virale, immunosuppressive et très contagieuse, présente dans le monde entier. Elle provoque de la mortalité et de l'immunosuppression chez les jeunes poulets. L'agent causal, l'IBDV est un Avibirnavirus. C’est un virus non enveloppé dont le génome est constitué de deux segments (A et B) d'ARN double brin. Différents pathotypes d'IBDV existent, allant des souches vaccinales atténuées à des souches très virulentes (vvIBDV). En Algérie, malgré les mesures de prophylaxie mises en place, les cas de l’IBD sont souvent diagnostiqués cliniquement et l'épidémiologie moléculaire de l'IBDV reste inconnue. La présence du virus et en particulier de souches génétiquement proches de vvIBDV a été confirmée en 2000 par un rapport non publié de l'OIE. Dans notre étude, dix-neuf isolats d'IBDV ont été collectés en Algérie entre septembre 2014 et septembre 2015 lors de suspicion de cas cliniques. Le profil génétique, antigénique et pathotypique de ces isolats a été analysé. Nos résultats révèlent une grande diversité génétique et phénotypique des souches d'IBDV pathogènes en Algérie, avec, i) la circulation continue des virus apparentés aux vvIBDV européens et asiatiques depuis au moins 1999 et qui présentent une pathogénicité similaire à celle de la souche vvIBDV de référence ii) la circulation actuelle de virus encore étroitement apparentés au vvIBDV européen avec une pathogénicité inférieure à celle de la souche vvIBDV de référence iii) la détection de virus réassortants avec un segment A apparenté aux vvIBDV européens et asiatiques et un segment B d’origine inconnue qui n’est lié à aucune séquence de référence. Il est intéressant de noter que la pathogénicité de ces souches potentiellement réassortantes est comparable à celle de la souche de référence vvIBDV. Toutes les souches caractérisées dans cette étude présentent un profil antigénique similaire aux souches IBDV de référence apparentées. Ces données révèlent évolution génétique continue des souches d'IBDV dans les élevages de volailles Algériens par le réassortiment et l’acquisition de matériel génétique d'origine non identifiée. Une surveillance continue de la situation ainsi que de bonnes pratiques de vaccination associées à des mesures de biosécurité appropriées sont nécessaires pour lutter contre la maladie.

**Abstract:**

Infectious bursal disease (IBD) is an immunosuppressive viral disease, present worldwide, which causes mortality and immunosuppression in young chickens. The causative agent, the Avibirnavirus IBDV, is a non-enveloped virus whose genome consists of two segments (A and B) of double-stranded RNA. Different pathotypes of IBDV exist, ranging from attenuated vaccine strains to very virulent viruses (vvIBDV). In Algeria, despite the prophylactic measures implemented, cases of IBD are still often diagnosed clinically and the current molecular epidemiology of IBDV remains unknown. The presence of the virus and especially of strains genetically close to vvIBDV was confirmed in 2000 by an unpublished OIE report. In this study, nineteen IBDV isolates were collected in Algeria between September 2014 and September 2015 during clinical outbreaks. These isolates were analyzed at the genetic, antigenic and pathogenic levels. Our results reveal a broad genetic and phenotypic diversity of pathogenic IBDV strains in Algeria, with, i) the circulation of viruses with both genome segments related to European vvIBDV, which proved as pathogenic for specific pathogen-free chickens as vvIBDV reference strain, ii) the circulation of viruses closely related - yet with a specific segment B - to European vvIBDV, their pathogenicity being lower than reference vvIBDV, iii) the detection of reassortant viruses whose segment A was related to vvIBDV whereas their segment B did not appear closely related to any reference sequence. Interestingly, the pathogenicity of these potentially reassortant strains was comparable to that of reference vvIBDV. All strains characterized in this study exhibited an antigenicity similar to the cognate reference IBDV strains. These data reveal the continuous genetic evolution of IBDV strains in Algerian poultry through reassortment and acquisition of genetic material of unidentified origin. Continous surveillance of the situation as well as good vaccination practice associated with appropriate biosecurity measures are necessary for disease control.