**Résumé de Thèse de Doctorat : sous titre : Étude de la coxiellose bovine dans la région de Sétif**

**Résumé :**

L’épidémiologie de l’infection par Coxiella burnetii chez les bovins demeure inconnue en Algérie. Dans ce contexte, nous avons réalisé dans un premier temps une étude transversale dans la wilaya de Sétif entre mars 2016 et avril 2018 pour déterminer la séroprévalence et les facteurs de risque associés à cette infection chez les bovins. Au total, 678 vaches appartenant à 90 troupeaux ont été sélectionnées de façon aléatoire, et leurs sérums ont été testés pour détecter les anticorps dirigés contre C. burnetii à l’aide de la technique ELISA indirect. Cette étude a montré une séroprévalence individuelle de 11.36 % (77/678) et au sein du troupeau de 45.56 % (41/90). L’analyse de régression logistique multivariable a identifié certains facteurs de risque tels le contact avec d'autres troupeaux (Odds ratio (OR): 1.95) et l’acquisition de nouvelles vaches (OR: 2.05). Cependant, l’utilisation de désinfectants a été identifiée comme facteur protecteur (OR: 0.32). Dans un deuxième temps, nous nous sommes intéressés à une étude de type cas-témoin pour vérifier si C. burnetii était impliquée dans la survenue d’avortements, d’infertilité et de mortalité néonatale chez les vaches. Pour cela, 186 échantillons de sang total issus de vaches ayant eu des troubles de la reproduction ont été testés par PCR conventionnelle pour détecter C. burnetii. Cette étude a mis en évidence an exposure rate de 6.98 % (13/186), avec une association significative entre l’infection des vaches par C. burnetii et la présence d’antécédent d’infertilité (p=0.006, OR=5.62). Par ailleurs, une enquête transversale basée sur l'analyse d'échantillons de lait de mélange de 200 troupeaux de vaches laitières a été effectuée par les techniques ELISA et PCR. Celle-ci a montré que 37 % (74/200) et 9 % (18/200) des échantillons de lait se sont montrés positifs respectivement. En se basant sur le coefficient kappa de Cohen, une très faible concordance a été observée entre les résultats de la technique ELISA et de la méthode PCR (k = 0.0849). L’enquête épidémiologique portant sur la diversité de tiques bovines et de leur infection par C. burnetii a permis de montrer un taux d’infestation par les tiques de 8.25 % (222/2508) au niveau individuel et de 22.80 % (52/228) au niveau du troupeau. Sur un effectif total de 712 tiques prélevées, 7 espèces ont été identifiées, avec une prédominance de Rh. bursa (37.92 %), Hy. marginatum (29.91 %) et Hy. detritum detritum (26.40 %), et une très faible fréquence de Hy. lusitanicum (3.93 %), Rh. Sanguineus s.l. (1.26 %), Rh. annulatus (0.28 %) et Hae. punctata (0.28 %). L'analyse moléculaire a montré que 14 des 159 pools de tiques étaient positifs par PCR amplifiant le gène IS1111 et SOD de C. burnetii (EMV=2.05 %), dont 7 pools de Rh. bursa (EMV=2.71 %), 4 de Hy. detritum detritum (EMV=2.23 %) et 3 Hy. marginatum (EMV=1.46 %). Enfin, une dernière étude sur la diversité génotypique de C. burnetti infectant les bovins de la région de Sétif a été réalisée. Tous les échantillons positifs par PCR conventionnelle ont été analysés par PCR quantitative en temps réel (qPCR). Tous les échantillons très concentrés en ADN de C. burnetii (Ct <35) ont été sélectionnés pour génotypage par la méthode de Multispacer Sequence Typing (MST). Le génotype MST32 et un nouveau génotype MST (profil partiel) ont été identifiés dans les échantillons de sang total et le génotype MST12 dans les échantillons de lait de tank. En conclusion, les résultats obtenus ont permis de mieux comprendre l’épidémiologie de la coxiellose bovine dans la région de Sétif et d’élaborer des programmes de surveillance et de prévention contre cette maladie

**Abstract**:

The Epidemiology of Coxiellosis in cattle remains unknown in Algeria. In this context, we first carried out a cross-sectional study in the state of Setif between March 2016 and April 2018 to determine the seroprevalence and risk factors associated with Coxiella burnetii infection in cattle. A total of 678 cows from 90 herds were randomly selected, and their sera were tested for antibodies against C. burnetii using the indirect ELISA technique. This study showed an individual seroprevalence of 11.36% (77/678) and herd seroprevalence of 45.56% (41/90). The multivariable logistic regression analysis was identified some risk factors such as contact with other herds (OR: 1.95) and acquisition of new cows (OR: 2.05). However, the use of disinfectants was identified as a protective factor (OR: 0.32). In a second time, we are interested in case-control study to check if C. burnetii was involved in the occurrence of abortions, infertility, and neonatal mortality in cows. To do this, 186 whole blood samples of cows from farms with these disorders were analyzed by molecular tools to detect C. burnetii. This study revealed an overall prevalence of 6.98% (13/186), with a significant association between cow infection with C. burnetii and the presence of a history of infertility (p = 0.006, OR = 5.62). In addition, a cross-sectional survey based on analysis of bulk milk tank samples from 200 dairy cattle herds was carried out using ELISA and PCR techniques. This showed that 37% (74/200) and 9% (18/200) of the milk samples were positive respectively. Based on Cohen's kappa coefficient, a very low agreement between the ELISA and PCR results was found (k = 0.0849). The epidemiological survey on the diversity of bovine ticks and their infection with C. burnetii showed a tick infestation rate of 8.25% (222/2508) at the individual level and 22.80% (52/228 ) at the herd level. Out of a total of 712 ticks collected, 7 species were identified with a predominance of Rh. Bursa (37.92%), Hy. marginatum (29.91%) and Hy. detritum detritum (26.40%), and a very low frequency of Hy. lusitanicum (3.93%), Rh Sanguineus s.l. (1.26%), Rh. annulatus (0.28%) and Hae. punctata (0.28%). Molecular analysis showed that 14 of the 159 tick pools were positive by PCR amplifying the IS1111 and SOD gene of C. burnetii (EMV = 2.05%), including 7 Rh. Bursa pools (EMV = 2.71%), 4 of Hy. detritum detritum (EMV = 2.23%) and 3 of Hy. marginatum (EMV = 1.46%). Finally, a last study on the genotypic diversity of C. burnetti infecting cattle from the Sétif region was carried out. All positive samples by conventional PCR were analyzed by real-time quantitative PCR (qPCR). All samples highly concentrated in C. burnetii DNA (Ct <35) were selected for genotyping by the Multispacer Sequence Typing (MST) method. The MST32 genotype and a new MST genotype (partial profile) were identified in whole blood samples and the MST12 genotype in tank milk samples. In conclusion, the results obtained have allowed to better understand the epidemiology of bovine coxiellosis in the region of Setif and to develop surveillance and prevention programs against this disease