**Résumé du Master : sous titre : Prévalence et caractérisation moléculaire des infections à cryptosporidium spp. chez les poissons d’élevage dans le centre et l’est de l’Algérie**

**Résumé:**

La présente étude visait à estimer la prévalence et la caractérisation moléculaire de Cryptosporidium spp. chez six différentes espèces de poissons des milieux marins et d'eau douce. Au cours d'une période qui s’étale sur deux ans (2018-2020), un total de 415 échantillons fécaux et 565 raclages intestinaux ont été effectués, dans sept wilayatess du centre et de l'est de l'Algérie. Parmi ceux-ci, 860 poissons appartenaient à six espèces de poissons différentes, dont deux sont des poissons marins d'élevage et quatre sont des poissons d'eau douce sauvages. Tous les échantillons ont été testés pour la presence du Cryptosporidium spp. Pour cela, une approche de PCR-nichée a été réalisée pour amplifier des séquences partielles des gènes de la petite sous-unité de l'ARN ribosomique (ARNr 18S) et le géne de la glycoprotéine de 60 kDa (gp60) pour le génotypage et le sous-typage de Cryptosporidium. En effet, l’amplification du géne 18s a été effectuée suite à l’utilisation de deux types des amorces spécifiques au Cryptosporidium spp. Une analyse statistique détaillée a été effectuée pour évaluer la variation de la prévalence de l'infection à Cryptosporidium en fonction de différents facteurs de risque. L'analyse par PCR-nichée du gène 18S a révélé 173 poissons positifs au Cryptosporidium, ce qui donne une prévalence globale de 20,11 % (17,5-23,0). Cryptosporidium spp. a été détecté chez 8,93 % (42/470) des poissons marins d'élevage et 33,58% (131/390) des poissons sauvages d'eau douce. Dans l'ensemble, la prévalence était affectée par tous les facteurs de risque étudiés, à l'exception du sexe. La caractérisation moléculaire et le sous-typage des isolats de Cryptosporidium ont montré la présence des sous-types zoonotiques IIaA16G2R1 et IIaA17G2R1 de C. parvum chez l'espèce de poisson Sparus aurata et le sous-type IIaA13G2R1 de C. parvum chez l’espece Carassius carassius. La présente étude fournit les premières données sur la prévalence et les facteurs de risque associés de Cryptosporidium chez les poissons marins et sauvages d'eau douce d'élevage en Algérie (Afrique du Nord). . Les données moléculaires révèlent la présence de soustypes zoonotiques de C. parvum chez ces poissons.

**Abstract** :

The present study aimed to estimate the prevalence and molecular characterisation of Cryptosporidium spp. in six different fish species both from marine and freshwater environments. During a period of two years (2018-2020), a total of 415 fecal samples and 565 intestinal scrapings were collected in seven provinces from the central and eastern Algeria. From those, 860 fish belonged to six different fish species, two of which are cultured marine and four are wild freshwater fish. All samples were screened for Cryptosporidium spp. presence using molecular techniques. Nested PCR approach was performed to amplify partial sequences of the small subunit ribosomal RNA (SSU rRNA) and 60-kDa glycoprotein (gp60) genes for Cryptosporidium genotyping and subtyping. Indeed, the amplification of the gene SSU was carried out by the use of two types of primers, which are specific to Cryptosporidium sp. Detailed statistical analysis was performed to assess the prevalence variation of Cryptosporidium infection according to different risk factors. Nested PCR analysis of SSU gene revealed 173 Cryptosporidium positive fish, giving an overall prevalence of 20.11% (17.5-23.0). Cryptosporidium spp. was detected in 8.93% (42/470) of cultured fish and 33.58% (131/390) in wild freshwater fish. Overall, the prevalence was affected by all studied risk factors, except the gender. Molecular Characterisation and subtyping of Cryptosporidium isolates showed occurrence of IIaA16G2R1 and IIaA17G2R1 subtypes of C. parvum in the fish species Sparus aurata, and the IIaA13G2R1 subtype of C. parvum in the fish species Carassius carassius. The present study provides the first epidemiological data on the prevalence and associated risk factors of Cryptosporidium spp. in farmed marine and wild freshwater fish and the first molecular data on the occurrence of zoonotic C. parvum in fish from North Africa (Algeria)