**Les mouches Hippoboscidae (Diptera) comme vecteurs de maladies infectieuses humaines et animales.**

**Azzouzi Chaimaa1, Boucheikhchoukh Mehdi1, Sedraoui Scherazed1, Benakhla Ahmed1, Didier Raoult2,3, Philippe Parola3,4**

*1 Department of Veterinary Sciences, Chadli Bendjedid University, Algeria.*

*2 Aix Marseille Univ., IRD, AP-HM, MEPHI, Marseille, France*

*3 IHU-Méditerranée Infection, Marseille, France*

*4 Aix Marseille Univ., IRD, AP-HM, SSA, VITROME, France Corresponding author email : m.boucheikhchoukh@univ-eltarf.dz*

**Résumé**

*Introduction*

Le faux pou, *Melophagus ovinus*, et la mouche des forêts, *Hippobosca equina*, sont des insectes diptères parasites d'importance vétérinaire. En tant qu'insectes hématophages, ils peuvent être considérés comme des vecteurs potentiels de maladies qui peuvent être transmissibles à l'homme et aux animaux. L'objectif de cette étude était de présenter les premières données primaires sur ces deux espèces de mouche en Algérie et d’évaluer leur rôle vecteur.

*Matériels et méthodes*

Pour cela, nous avons mené une enquête moléculaire pour détecter la présence d'ADN bactérien dans les mouches collectées en Algérie. Un total de 712 mouches, dont 683 *Melophagus ovinus* et 29 *Hippobosca equina*, ont été collectées dans deux régions du nord-est de l'Algérie.

*Résultats et discussion*

Le suivi de la cinétique mensuelle des infestations par *M. ovinus* a montré quelque chose ressemblant à une activité annuelle, avec une prévalence élevée en janvier (21,67 %) et en mai (20,94 %). Les tests de PCR quantitative en temps réel ont montré que sur 311 mouches testées, 126 étaient positives pour le gène espaceur intergénique de l'ARNr de *Bartonella* spp. et 77 étaient positives pour les Anaplasmataceae. Une sélection aléatoire d'échantillons positifs a été soumise à un séquençage. L'ADN de *Bartonella chomelii* et de *Bartonella melophagi* a été amplifié dans, respectivement, cinq et quatre *H. equina*. 25 échantillons positifs de *M. ovinus* étaient infectés par *Bartonella melophagi*. L'amplification et le séquençage du gène de l'ARNr 23S d'*Anaplasma* spp. a révélé que les deux espèces étaient infectées par *Wolbachia* sp. qui avait été précédemment détecté chez les punaises de lit *Cimex lectularius*. Dans l'ensemble, cette étude a élargi les connaissances sur les bactéries transmises par les mouches parasites des animaux domestiques en Algérie.

**Mots-clés :** Moutons, *Melophagus ovinus*, Chevaux, *Hippobosca equina*, maladies à transmission vectorielle.

**Hippoboscidae (Diptera) flies as vectors of human and animal infectious diseases.**

**Azzouzi Chaimaa1, Boucheikhchoukh Mehdi1, Sedraoui Scherazed1, Benakhla Ahmed1, Didier Raoult2,3, Philippe Parola3,4**

*1 Department of Veterinary Sciences, Chadli Bendjedid University, Algeria.*

*2 Aix Marseille Univ., IRD, AP-HM, MEPHI, Marseille, France*

*3 IHU-Méditerranée Infection, Marseille, France*

*4 Aix Marseille Univ., IRD, AP-HM, SSA, VITROME, France Corresponding author email : m.boucheikhchoukh@univ-eltarf.dz*

**Abstract**

*Introduction*

The sheep ked, *Melophagus ovinus*, and the forest fly, *Hippobosca equina*, are parasitic dipteran insects of veterinary importance. As hematophagous insects, they might be considered as potential vectors of diseases which may be transmissible to humans and animals. The purpose of this study was to present initial primary data about these two species in Algeria.

*Materials and methods*

To do so, we conducted a molecular survey to detect the presence of bacterial DNA in flies collected in Algeria. A total of 712 flies including, 683 *Melophagus ovinus* and 29 *Hippobosca equina* were collected from two regions in northeastern Algeria.

*Results and discussion*

Monitoring the monthly kinetics of *M. ovinus* infestations showed something resembling annual activity, with a high prevalence in January (21.67%) and May (20.94%).

Real-time quantitative PCR assays showed that for 311 tested flies, 126 were positive for the *Bartonella* spp. rRNA intergenic spacer gene and 77 were positive for Anaplasmataceae. A random selection of positive samples was submitted for sequencing. The DNA of *Bartonella chomelii* and *Bartonella melophagi* were amplified in, respectively, five and four *H. equina*. 25 *M. ovinus* positive samples were infected by *Bartonella melophagi*. Amplification and sequencing of the *Anaplasma* spp. 23S rRNA gene revealed that both species were infected by *Wolbachia* sp. which had previously been detected in *Cimex lectularius* bed bugs. Overall, this study expanded knowledge about bacteria present in parasitic ﬂies of domestic animals in Algeria.

**Keywords:** Sheep, *Melophagus ovinus*, Horses, *Hippobosca equina*, vector-borne diseases.