**Thèse de Doctorat en Sciences Vétérinaire de Mr Laatamna Abdelkarim**

**Caractérisation moléculaire de cryptospridium SPP. et microsporidia chez**

**les équidés en Algérie**

**Alger, École Nationale Supérieure Vétérinaire : 2014**

**Résumé** :

Suite à une étude épidémiologique portant sur la cryptosporidiose équine, 481 échantillons de matières fécales (357 chevaux et 124 ânes) ont été récoltés au niveau de la jumentrie de Tiaret, certains centres hippiques situés dans la Wilaya d'Alger et plusieurs régions rurales localisées dans la Wilaya de Sétif et Bordj Bou Arreridj. La mise en évidence des cryptosporidies a été réalisée par l'utilisation combinée des méthodes usuelles de coloration (Ritchie simplifiée par Allen et Redly associée à la coloration de Ziehl Neelsen modifiée) et des techniques de la biologie moléculaire (nested PCR et séquençage). Chez la population équine, l'étude a montré une prévalence de 6,02 % par l'examen microscopique et 2,70 % par la réaction PCR. Chez les chevaux, Cryptosporidium spp a été isolé avec un taux d'infestation de 7,28 % par coloration et 2,52 % par nested PCR. Respectivement, les deux techniques ont révélé une prévalence de 2,41 % et 3,22 % chez les ânes. Les poulains âgés moins de deux ans ont été infectés avec un taux de 9,6% par microscopie et 2,4 % par l'amplification PCR. Les chevaux adultes ont présenté une prévalence de 6,03% et 2,58% par les deux techniques utilisées. Un jeune âne âgé moins de deux ans a été détecté positif par nested PCR et les ânes adultes ont montré un taux d'infestation de 2,63% par les deux méthodes de diagnostic. Dans les élevages collectifs prélevés au niveau de la Wilaya de Tiaret et d'Alger, tous les chevaux positifs au Cryptosporidium spp ont été isolés dans la jumentrie de Tiaret. L'infestation des chevaux et les ânes n'a été pas associée avec des diarrhées. Quatre espèces, C. parvum, C. muris, C. hominis et C. erinacei ont été identifiées chez les chevaux et chez les ânes pour les deux premières espèces par l'amplification et le séquençage du gène SSU rDNA. L'étude des variations génétiques au sein de ces espèces de Cryptosporidium par l'amplification et le séquençage du gène Gp60 a montré la présence du subtype IIaA16G1R1 de C. parvum, un nouveau subtype (IkA15G1) de C. hominis et XIIIa A22R9 de C. erinacei (préalablement connu comme hedgehog genotype). Cette étude rapporte pour la première fois, la prévalence de Cryptosporidium spp chez les chevaux et les ânes en Algérie et la première occurrence de C. erinacei, C. hominis et C. muris chez les équidés.   
  
  
**Abstract:**

Following an epidemiological study on equine cryptosporidiosis, 481 fecal samples (357 horses and 124 donkeys) were harvested at the stud of Tiaret, some equestrian centers situated in the capital Algiers and several rural areas located in the province of Setif and Bordj Bou Arreridj. Cryptosporidium research has been achieved using the conventional staining methods (Ritchie simplified by Allen and Redly, associated with modified Ziehl Neelsen staining) and molecular tools (nested PCR and sequencing). At the equine population, the study showed a prevalence of 6.02 % by microscopic examination and 2.70 % by PCR reaction. At horses, Cryptosporidium spp was isolated with an infestation rate of 7.28 % by Ziehl Neelsen staining and 2.52 % by nested PCR. Respectively, both techniques revealed a prevalence of 2.41 % and 3.22 % in donkeys. Foals less than two years of age were infected with a rate of 9.6 % by microscopic observation and 2.4% by PCR amplification. Adult's horses showed a prevalence of 6.03 % and 2.58 % by both techniques. One young donkey aged less than two years was found to be positive by nested PCR and adults donkeys showed an infection rate of 2.63 % by both used methods. In collective farms sampled at the province of Tiaret and capital Algiers, all positive horses were found in the stud of Tiaret. The infections were not associated with diarrhoea. Four species, C. parvum, C. muris, C. hominis and C. erinacei have been identified in horses and in donkeys for the first two species by amplification and sequencing of the SSU rDNA gene. The study of genetic variation within the identified species of Cryptosporidium by amplification and sequencing of the Gp60 gene showed the presence of IIaA16G1R1 C. parvum subtype, a new subtype (IkA15G1) of C. hominis and XIIIa A22R9 of C. erinacei (previously known as hedgehog genotype).This study reports, for the first time, the prevalence of Cryptosporidium spp in horses and donkeys from Algeria and the first occurrence of C. erinacei, C. hominis and C. muris in equids