

## Prévalence et caractérisation moléculaire de *Microsporidia* et *Cryptosporidium* chez les équidés en Algérie : diversité génétique et risque zoonotique

**Laatamna Abdelkarim<sup>a, c</sup>., PavlaWagnerová<sup>b</sup>., BohumilSak<sup>b</sup>., Dana Květoňová<sup>b</sup>., LihuaXiao<sup>c</sup>., Michael Rost<sup>b</sup>., John McEvoy<sup>d</sup>., MeriemAissi<sup>e</sup>., MartinKvác<sup>b</sup>.**

**a:** Faculté des sciences de la nature et de vie, Université de Djelfa, Moudjbara BP 3117, Djelfa, Algerie;

**b:** Biology Centre of the Academy of Sciences of the Czech Republic, Institute of Parasitology, Branišovská 31, 370 05 ČeskéBudějovice, Czech Republic;

**c:** Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, Georgia, USA;

**d:** Department of Veterinary and Microbiological Sciences, North Dakota State University, Fargo, ND, USA;

**e:** Ecole Nationale Supérieure Vétérinaire, BP 161 Hacène Badi, EL Harrach, Alger, Algerie;

### Résumé

*Cryptosporidium* et *Microsporidia* représentent deux protozoaires qui infectent principalement le tube digestif de plusieurs espèces animales. L'épidémiologie de ces infestations parasitaires a été bien documentée surtout chez les ruminants et l'homme. Par contre chez les chevaux, peu de données sont actuellement disponibles. A cet effet, notre étude a pour objectifs, l'estimation de la prévalence de *Cryptosporidium* et *Microsporidia* chez les équidés et l'étude des variations du taux d'infestation en fonction de certains facteurs de risque. Ainsi, l'identification des espèces et génotypes parasitaires infectants par l'utilisation des techniques de la biologie moléculaire et l'évaluation du rôle zoonotique des équidés dans la dissémination de ces parasites.

Notre étude a été réalisée dans la jumentrie de Tiaret, trois centres hippiques situés dans la Wilaya d'Alger et 20 régions rurales localisées dans deux Wilaya (Sétif et B.B.A). Au total, 481 échantillons de fèces (chevaux et ânes) ont été prélevés au niveau de ces différents élevages. La recherche des cryptosporidies et *Microsporidia* a été performée par l'utilisation des techniques moléculaires, incluant l'extraction de l'ADN, nested PCR, électrophorèse, séquençage et l'analyse des séquences nucléotidiques.

*Microsporidia* a été isolé chez 19 chevaux (8.7%) et 4 ânes (3.22 %). 10 génotypes ont été identifiés, dont 8 chez les chevaux et deux chez l'espèce asine à partir de 17 prélèvements positifs d'*Enterocytozoon bieneusi*. *Encephalitozoon cuniculi* a été révélée chez 4 chevaux (génotype I, II, III) et deux ânes (génotype II). 2,52 % des chevaux (9/357) et 3,22 % des ânes (4/124) ont été infestés par *Cryptosporidium spp.* L'analyse moléculaire a révélé la présence de quatre espèces infectantes; *C. parvum* (subtype IIaA16G1R1), *C. erinacei* (XIIIaA22R9), *C. hominis* (IkA15G1) et *C. muris*.

Les équidés peuvent être infectés par différentes espèces et génotypes de *Cryptosporidium* et *Microsporidia* dont certains eux ont un rôle zoonotique important. Des futures études associées à l'utilisation des méthodes moléculaires sont nécessaires pour bien comprendre l'épidémiologie de ces deux parasites chez l'espèce équine.

**Mots clés:** Equidés, *Cryptosporidium*, *Microsporidia*, prévalence, PCR, séquençage.