

**Première caractérisation moléculaire du zoonotique pathogène
Cryptosporidium spp. chez les agneaux et les chevreaux en Algérie**
**Baroudi D^{1,2}., Khelef D¹., Dahmani H⁷., Hakem A³., Abdelkarim L³., Adamu H⁴., Amer
S⁵., Adjou K⁶., Chen X⁸., Roellig D²., Feng Y⁹., Xiao L⁹.**

¹*École Nationale Supérieure Vétérinaire, Rue Issaad Abbas, El Alia, Alger, Algérie*

²*Division of Foodborne, Waterborne and Environmental Diseases, Centers for Disease Control and Prevention, 1600 Clifton Road, Atlanta, GA 30329, USA*

³*Laboratoire exploration et valorisation des écosystèmes steppique, Université Ziane Achor, 17000, Djelfa, Algérie*

⁴*Department of Biology, Addis Ababa University, Addis Ababa, Ethiopia*

⁵*Department of Zoology, Faculty of Science, Kafr El Sheikh University, Kafr El Sheikh 33516, Egypt*

⁶*UMR-BIPAR, ANSES-Ecole Nationale Vétérinaire d'Alfort, Maisons-Alfort, Paris, France*

⁷*Université Saad Dahleb Blida, Algérie*

⁸*Beijing Tropical Medicine Research Institute, Beijing Friendship Hospital, Beijing 100050, China*

⁹*Key Laboratory of Zoonosis of Ministry of Agriculture, College of Veterinary Medicine, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China*

Correspondance : dbaroudi7@hotmail.com

Résumé

Peu est connu sur la présence et l'identité des espèces de *Cryptosporidium* chez les ovins et les caprins en Algérie. Cette étude visait à étudier l'identification des espèces de *Cryptosporidium* chez les agneaux et les chevreaux de moins de 4 semaines. Au total, 154 échantillons de matières fécales (62 agneaux et 92 chevreaux) issus de 13 troupeaux de moutons à Médéa, et de 18 troupeaux de chèvres à Alger et Boumerdès ont été prélevés. La détection de *Cryptosporidium* spp. a été réalisée par PCR-niché ciblant le gène (SSU ARNr), suivie par un polymorphisme de longueur des fragments de restriction et par des analyses des séquences afin de déterminer les espèces de *Cryptosporidium*. *C. parvum* et *C. ubiquitum* ont été en outre sous-typés par analyse des séquences ciblant le gène de la glycoprotéine de 60 kDa (gp60). A l'issue, *Cryptosporidium* spp. a été détecté dans 17 échantillons (11,0%) dont 9 agneaux (14,5%) et 8 chevreaux (8,7%). Les espèces identifiées sont : *C. parvum* chez 3 agneaux, *C. xiaoi* chez 6 agneaux et 6 chevreaux, et *C. ubiquitum* chez 2 chevreaux. L'infection cryptosporidienne a été majoritairement détectée chez les animaux au cours des deux premières semaines de vie (7/8 chez les chèvres et 7/9 chez les agneaux) et associée aux diarrhées (7/17 ou 41,2% des chèvres et 7/10 ou 70,0% d'agneaux diarrhéiques étaient positifs au *Cryptosporidium*). Le sous-typage des isolats de *C. parvum* et de *C. ubiquitum* a permis l'identification des zoonotiques IIaA13G2R1 sous type et XIIa la famille des sous types. Des différences mineures dans les séquences d'ARNr de SSU ont été observées entre *C. xiaoi* isolé des moutons et celui isolé des chèvres. Les résultats de cette étude montrent que les agneaux et les chevreaux en Algérie sont fréquemment infectés par les zoonotiques *Cryptosporidium* spp. et *C. ubiquitum* et *C. xiaoi* sont des causes potentielles des diarrhées néonatales chez ces animaux dans le pays.

Mots-clés: *Cryptosporidium parvum*, *Cryptosporidium ubiquitum*; *Cryptosporidium xiaoi*; Chèvre; Mouton; Algérie