**Inventaire morphomoléculaire des poux hématophages (Phthiraptera : Anoplura) des ruminants et détection moléculaire des agents pathogènes bactériens*.***

**Mana Nassima1,** [**Berenger Jean-Michel**](https://www.researchgate.net/profile/Berenger_Jean-michel2?_iepl%5BgeneralViewId%5D=4oCJh23wE9NKb1yteLOksllmRskJzPoIHQIn&_iepl%5Bcontexts%5D%5B0%5D=searchReact&_iepl%5BviewId%5D=XggfA8YO3MwNSPn0n4NuVw5whFWocDVlD0Ud&_iepl%5BsearchType%5D=researcher&_iepl%5Bdata%5D%5BcountMoreThan20%5D=1&_iepl%5Bdata%5D%5BinteractedWithPosition1%5D=1&_iepl%5Bdata%5D%5BwithEnrichment%5D=1&_iepl%5Bposition%5D=1&_iepl%5BrgKey%5D=AC%3A3675909&_iepl%5BinteractionType%5D=profileView)**2,3*,* Parola Philipe2,3 & Bitam Idir1,2,3,4**

*1Laboratoire Biodiversité et Environnement : Interactions, Génomes, Faculté des Sciences Biologiques, Université des Sciences et Technologies Houari Boumediene, Bab Ezzouar, Algérie.*

*2Institut Hospitalo-Universitaire Méditerranée Infection, Marseille, France.*

*3Aix Marseille Univ, IRD, AP-HM, SSA, VITROME, Marseille, France.*

*4École Supérieure des Sciences de l’Aliment et des Industries Agro-Alimentaires, Algérie*

*Corresponding author email:* nassima.mana90@gmail.com

**Résumé**

Les poux (Phthiraptera : Anoplura) sont des ectoparasites hématophages des mammifères et des oiseaux. Premièrement, une étude morpho-moléculaire des poux d’intérêt vétérinaire a été menée dans 5 wilayas au nord de l’Algérie (11 stations) dans le but d’une part d’inventorier les anoploures parasitant des bétails (caprin et bovin) et d’autre part de contribuer à la création d’une data base moléculaire qui sera utilisée comme source d’information dans un contexte taxonomique, phylogénétique ou encore épidémiologique. Deuxièmement, nous avons évalué le portage d’ADN de différentes bactéries suspectées transmises par des poux.

Le déparasitage de 258 bétails infestés (240 caprins et 18 bovins) nous a permis de collecter environ 465 poux, rattachés à la famille Linognathidae. Les caprins sont infestés par trois espèces du genre Linognathus : *L. stenopsis (14,8 %), L. africanus (44,6 %) et L. ovillus (35 %)*. Parmi ces trois espèces seule *L. ovillus* est signalé pour la première fois chez les caprins. Une seule espèce a été identifiée chez les bovins ; *S. capillatus (100%) ;* appartenant au genre *Solenopotes*. L’identification des anoploures est conditionnée par des caractères morphologiques du stade adulte. Dans ce contexte nous avons étudié l’étendue des variations interspécifiques moléculaires de ces espèces basant sur l’analyse du gène *18S* *ARNr*. Les distances interspécifiques déterminées ; *L. ovillus - L. stenopsis* : 11.61 % ; *L. ovillus -* *L. africanus* : 11.3 et *L. africanus* – *L. stenopsis* : 11.88 % ; ont montré la capacité discriminante de ce marqueur nucléaire. D’autre part, nous avons obtenus des séquencés discriminantes pour la première fois de *L. stenopsis* collectée sur des caprins dans différentes régions au Nord de l’Algérie.

Nous avons mis en œuvre plusieurs techniques moléculaires depuis l’extraction de l’ADN jusqu’à l’analyse des séquences en passant par la PCR en temps réel, puis PCR standard afin de passer au séquençage. Ces dernières ont permis de mettre en évidence la présence d’*Acinetobacter* spp. (20%) chez les poux de bovins et pour la première fois d’*Acinetobacter* spp 8.6% (6/41 *L. africanus* ; 2/34 *L. ovillus ;* 5/70 *L. stenopsis*), de *Rickettsia* spp. 9 % (1 /11 *L. africanus*) et l’espèce *Coxiella burnetii* 10 % (2/20 *L. africanus*) chez les poux de caprin.

En conclusion, Il s'agit du premier rapport confirmé par des tests moléculaires la présence des bactéries dans plusieurs espèces de poux hématophage infectants des animaux d’élevage. Les résultats actuels suggèrent que ces ectoparasites méritent plus d'attention, et qu’ils devraient être évalués parmi la vaste gamme de vecteurs d'agents pathogènes transmis par les arthropodes.

**Mots-clés** : *Acinetobacter* spp., *Coxielle burnetii*, *Rickettsia* spp., ruminants, Anoploures.

**Morphomolecular inventory of ruminant haematophagous lice (Phthiraptera: Anoplura) and molecular detection of bacterial pathogens.**

**Mana Nassima1,** [**Berenger Jean-Michel**](https://www.researchgate.net/profile/Berenger_Jean-michel2?_iepl%5BgeneralViewId%5D=4oCJh23wE9NKb1yteLOksllmRskJzPoIHQIn&_iepl%5Bcontexts%5D%5B0%5D=searchReact&_iepl%5BviewId%5D=XggfA8YO3MwNSPn0n4NuVw5whFWocDVlD0Ud&_iepl%5BsearchType%5D=researcher&_iepl%5Bdata%5D%5BcountMoreThan20%5D=1&_iepl%5Bdata%5D%5BinteractedWithPosition1%5D=1&_iepl%5Bdata%5D%5BwithEnrichment%5D=1&_iepl%5Bposition%5D=1&_iepl%5BrgKey%5D=AC%3A3675909&_iepl%5BinteractionType%5D=profileView)**2,3*,* Parola Philipe2,3 & Bitam Idir1,2,3,4**

*1Laboratoire Biodiversité et Environnement : Interactions, Génomes, Faculté des Sciences Biologiques, Université des Sciences et Technologies Houari Boumediene, Bab Ezzouar, Algérie.*

*2Institut Hospitalo-Universitaire Méditerranée Infection, Marseille, France.*

*3Aix Marseille Univ, IRD, AP-HM, SSA, VITROME, Marseille, France.*

*4École Supérieure des Sciences de l’Aliment et des Industries Agro-Alimentaires, Algérie*

*Corresponding author email:* nassima.mana90@gmail.com

Lices (Phthiraptera: Anoplura) are haematophagous ectoparasites of mammals and birds. Firstly, a morpho-molecular study of lice of veterinary interest was carried out in 5 wilayas in the north of Algeria (11 stations) with the aim of inventorying the anoplura parasitizing livestock (goats and cattle) and contributing to the creation of a molecular database that will be used as a source of information in a taxonomic, phylogenetic or epidemiological context. Secondly, we evaluated the DNA carriage of different suspected lice-borne bacteria. The deworming of 258 infested cattle (240 goats and 18 cattle) allowed us to collect about 465 lice, belonging to the family Linognathidae. The goats were infested by three species of the Linognathus genus: L. stenopsis (14.8%), L. africanus (44.6%), and L. ovillus (35%). Of these three species, only L. ovillus is reported for the first time in goats. Only one species was identified in cattle; S. capillatus (100%), belonging to the genus Solenopotes. The identification of anoplurans is conditioned by the morphological characteristics of the adult stage. In this context, we studied the extent of molecular interspecific variation in these species based on the analysis of the 18S rRNA gene. The interspecific distances determined, L. ovillus-L. stenopsis: 11.61%; L. ovillus-L. africanus: 11.3; and L. africanus-L. stenopsis: 11.88%, showed the discriminating capacity of this nuclear marker. On the other hand, we obtained discriminative sequencing for the first time of L. stenopsis collected from goats in different regions in Northern Algeria. We implemented several molecular techniques, from DNA extraction to sequence analysis through real-time PCR, then standard PCR to sequencing. The latter techniques revealed the presence of Acinetobacter spp. (20%) in cattle lice and, for the first time, Acinetobacter spp. 8.6% (6/41 L. africanus; 2/34 L. ovillus; 5/70 L. stenopsis), Rickettsia spp. 9% (1/11 L. africanus) and Coxiella burnetii species 10% (2/20 L. africanus) in goat lice.

In conclusion, this is the first report confirming by molecular tests the presence of bacteria in several species of haematophagous lice infecting farm animals. The present results suggest that these ectoparasites deserve more attention and that they should be evaluated among the wide range of arthropod-borne pathogen vectors.

**Keywords:** Acinetobacter spp., Coxiella burnetii, Rickettsia spp., ruminants, Anoplura.