**Thèse de Doctorat en Sciences Vétérinaire de Mme Azzag Naouelle**

**Étude de l'infection par les principales bactéries hémotropes transmises par les arthropodes hématophages chez les carnivores domestiques dans la région d'Alger**

**Alger, École Nationale Supérieure Vétérinaire : 2012**

**Résumé** :

Les arthropodes hématophages sont impliqués dans la transmission de nombreuses bactéries dont les principales appartiennent aux genres Anaplasma, Bartonella, Borrelia, Coxiella, Ehrlichia, Mycoplasme et Rickettsia. La plupart des maladies induites sont potentiellement émergente en Algérie. Or, la première étape pour évaluer le risque de contracter ses maladies vectorielles est de connaitre les méthodes de diagnostic de l’infection ainsi que la prévalence de l’agent en cause chez l’hôte réservoir et son vecteur. L’objectif de cette étude est, d’une part, d’étudier la séroprévalence, par immunofluorescence indirecte, à Anaplasma phagocytophilum et à Borrelia burgdorferi dans une population de chiens de fourrière et de propriétaire, et d’autre part d’évaluer la prévalence de Bartonella sp. dans une population féline et canine. Parmi les 213 chiens étudiés, 47.42% se sont montrés positifs en IFI à Anaplasma phagocytophilum, 37.56% à Borrelia burgdorferi, 28.64% à Bartonella berkhoffii vinsonii et 35.68% à Bartonella henselae. L’origine des chiens est significativement associée à ces séroprévalences. Sur les 252 sérums de chats analysés, 57.90% sont positifs à Bartonella henselae et 75.80% à Bartonella clarridgeiae. Nous avons en particulier analysé par la technique MLVA la diversité des souches de Bartonella henselae. Certaines souches ont été comparées par la technique MLST. Les résultats obtenus nous indiquent la présence de deux populations de chats : la première correspond à des chats hébergeant des souches avec des profils MLVA identiques et la seconde à des chats porteurs de souches avec des profils MLVA différents. L'analyse par ré-échantillonnage, l'arbre NJ et l'analyse structure-neighbor vont dans le même sens et suggèrent une dérive des profils lors de l'infection d'un individu. Ces trois approches montrent également que des co-infections sont possibles, mais que la variété des profils observés chez un chat résulte plus d'une dérive que de co-infection.   
  
**Abstract:**

The bloodsucking arthropods are involved in the transmission of many bacteria whose main belong to the genera Anaplasma, Bartonella, Borrelia, Coxiella, Ehrlichia, Mycoplasma and Rickettsia. Most resulted diseases are potentially emerging in Algeria. However, the first step in assessing the risk of its vector-borne diseases is to know the methods of diagnosis of infection and the prevalence of the causative agent in the reservoir host and vector. The objective of this study is, firstly, to study the prevalence, by indirect immunofluorescence, to Anaplasma phagocytophilum and Borrelia burgdorferi in a population of dogs impounded and owner, and secondly to assess the prevalence of Bartonella spp. in feline and canine population. Of the 213 dogs studied, 47.42% were positive by IIF to Anaplasma phagocytophilum, Borrelia burgdorferi 37.56%, 28.64% and Bartonella vinsonii berkhoffii 35.68% to Bartonella henselae. The origin of the dogs was significantly associated with the seroprevalences. Of the 252 sera from cats analyzed, 57.90% were positive for Bartonella henselae and Bartonella clarridgeiae in 75.80%. In particular, we analyzed the strain diversity of Bartonella henselae by MLVA technique. Some strains were compared by MLST technique. The obtained results indicate the presence of two populations of cats: the first corresponds to cats harboring strains with identical MLVA profiles and the second to cats harboring strains with different MLVA profiles. Two-third of the cats harbored 2 to 6 MLVA profiles simultaneously. The similarity of MLVA profiles obtained from the same cat, neighbor-joining clustering and structureneighbor clustering indicate that such a diversity likely results from two different mechanisms occurring either independently or simultaneously: independent infections and genetic drift from a primary strain.