

FACULTE DES SCIENCES
DEPARTEMENT DE BIOLOGIE
LABORATOIRE D'ÉCOLOGIE DES SYSTEMES TERRESTRES ET AQUATIQUES

Thèse en vue de l'obtention d'un diplôme de doctorat en science
Filière : Sciences Biologiques
Spécialité : Biologie animale

Intitulé

**Maladies vectorielles à tiques : maladies transmises par les tiques dans
le Nord-Est algérien**

Présentée par : BENNIA Sohaib El Ghazali

Membre du jury :

Président :

BOUKHEROUFA - SAKRAOUI Feriel Professeur Université Badji Mokhtar, Annaba

Directeur de thèse :

LAMARA Ali Professeur École Nationale Supérieure Vétérinaire, Alger

Co-directrice de thèse

BOUSLAMA-MAAMCHA Zihad Professeur Centre de Recherche en Environnement, Annaba

Examineurs :

SOUALAH-ALILA Hana Professeur Université Mohamed Chérif Messaadia, Souk Ahras

ZEGHDOUDI Mourad Professeur Université Chadli Bendjedid, El Tarf

DJEMADI Imed MCA Centre de Recherche en Environnement, Annaba

Invité :

TIAR Ghoulem Professeur Centre de Recherche en Environnement, Annaba

Remerciement

Je tiens à exprimer mes plus sincères remerciements à toutes les personnes qui ont contribué, de près ou de loin, à l'aboutissement de cette thèse.

Tout d'abord, j'adresse mes remerciements les plus chaleureux à mon directeur de thèse, Pr LAMARA Ali, pour son encadrement, ses précieux conseils et sa disponibilité tout au long de ce travail. Son expertise et son soutien ont été une source constante de motivation et d'inspiration.

J'exprime également ma profonde gratitude à ma co-directrice de thèse, Pr BOUSLAMA Zihad, pour son aide précieuse, son investissement constant et ses orientations judicieuses, qui ont joué un rôle déterminant dans la réalisation de cette étude.

J'adresse mes sincères remerciements au Pr BOUKHEROUFA-SAKRAOUI Feriel, pour l'honneur qu'elle me fait en présidant cette soutenance et pour l'intérêt qu'elle a bien voulu porter à mon travail.

Je remercie très sincèrement Pr SOUALAH-ALILA Hana, Pr ZEGHDOUDI Mourad et Dr DJEMADI Imed, d'avoir accepté d'examiner ce travail et pour l'intérêt qu'ils ont porté à cette thèse.

J'exprime toute ma reconnaissance à Pr TIAR Ghoulem, Directeur de la division "Environnement et biodiversité" au Centre de Recherche en environnement (CRE – Annaba) et invité du jury, pour ses précieux conseils, ses orientations qui ont permis d'enrichir ma thèse.

Je remercie également la Conservation des Forêts de la wilaya de Bordj Bou Arreridj, en particulier Mr BENDJEDOU, pour leur aide et leur collaboration, ainsi que la Réserve de chasse de la wilaya de Bouira pour son accueil et son appui.

Je remercie tout particulièrement Dr LOGZIT, Dr DJEMI, Dr LAOUBI et Dr FRISSOU pour leur disponibilité, leurs conseils et leur accompagnement bienveillant, qui ont grandement contribué à l'aboutissement de ce travail.

Mes remerciements s'adressent également à toutes les personnes qui m'ont apporté leur aide, leurs conseils et leur soutien moral tout au long de ce travail, ainsi qu'à mes collègues pour leurs échanges constructifs et leur bienveillance.

Enfin, j'exprime toute ma reconnaissance à ma famille et à mes proches pour leur patience, leurs encouragements et leur soutien inconditionnel tout au long de cette aventure doctorale.

Je souhaite également témoigner ma profonde gratitude à mon épouse, dont la compréhension, le soutien discret et la constance ont joué un rôle déterminant dans l'accomplissement de cette thèse.

Résumé

Les maladies vectorielles constituent un enjeu majeur de santé publique et animale. Les tiques, de par la diversité de leurs hôtes et leur comportement strictement hématophage, sont des vecteurs majeurs de maladies bactériennes, virales et parasitaires à travers le monde. L'incidence croissante des maladies à tiques, associée à l'émergence de nouvelles infections et à la réémergence d'autres, soulève plusieurs préoccupations en Algérie.

C'est dans ce contexte que s'inscrit la présente thèse, structurée en trois volets complémentaires. Le premier volet est consacré à une synthèse bibliographique des maladies et des agents pathogènes transmis par les tiques en Algérie. Le second volet met en évidence de la diversité et l'importance de la faune sauvage et des espèces de tiques associées dans l'épidémiologie des maladies à transmission vectorielle. Enfin, le troisième volet repose sur notre contribution à l'étude de la circulation du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo au sein de la population ovine dans certaines régions du Nord-Est algérien, particulièrement la région de Bordj Bou Arreridj, Mila, Constantine, Annaba et El Tarf.

Notre étude a permis de mettre en évidence l'importance des maladies et des agents pathogènes transmis par les tiques en Algérie, ainsi que le rôle de la faune sauvage dans leur épidémiologie. Elle a également permis de signaler, pour la première fois, les tiques infestant le renard roux en Algérie, ainsi que de mettre en évidence la présence d'*Ixodes hexagonus* dans de nouvelles régions du Nord-Est algérien.

Enfin, notre étude montre, pour la première fois, l'infection des ovins par le virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo avec une séroprévalence de 39,13 %. La région, l'âge et le type d'élevage ont été identifiés comme facteurs de risque associés à cette infection.

Bien que les données disponibles restent limitées face aux changements environnementaux et climatiques, nos travaux fournissent des éléments essentiels pour les études futures et la mise en place de stratégies de surveillance et de lutte contre les vecteurs.

Mots clés : Algérie, Émergence, Fièvre hémorragique de Crimée-Congo, Maladies transmises par les tiques, Tiques, ovins, Renard roux, séroprévalence.

Abstract

Vector-borne diseases constitute a major concern for human and animal health. Ticks, due to the diversity of their hosts and their strictly blood-feeding behaviour, are recognized as major vectors of viral, parasitic and bacterial diseases worldwide. The rising incidence of tick-borne diseases, in addition to the emergence of new infections and the reappearance of others, has raised a number of concerns in Algeria.

This study was conducted within this context, and it is structured into three complementary parts. The first part is devoted to a bibliographic review of tick-borne diseases and pathogens transmitted in Algeria, while the second one highlights the diversity and importance of wild fauna and of certain associated tick species in the epidemiology of vector-borne diseases. The third part, which constitutes the main contribution of our study, focuses on the circulation of the Crimean-Congo haemorrhagic fever virus among the sheep population of certain north-eastern Algerian regions, namely Bordj Bou Arreridj, Mila, Constantine, Annaba and El Taref.

The study highlights the importance of tick-borne diseases and pathogens in Algeria, and the role of wild fauna in their epidemiology. It also reports, for the first time, the presence of ticks that infest the red fox in Algeria, and confirms the presence of the *Ixodes Hexagonus* in new regions of north-eastern Algeria.

Finally, our study demonstrates, for the first time, the exposure of the sheep population to the Crimean-Congo haemorrhagic fever virus, with a seroprevalence of 39.13 %. Region, age and livestock farming type were determined as risk factors associated with this infection.

While the available data remain limited in view of the environmental and climatic changes, our work provides valuable foundation for future research, and for the implementation of monitoring and vector-control strategies.

Keywords : Algeria, Emergence, Crimean-Congo Haemorrhagic fever, Tick-borne diseases, Ticks, Sheep, Red Fox, Seroprevalence.

ملخص

تشكل الأمراض المنقولة بالنواقل تحديًا كبيرًا في مجال الصحة العامة وصحة الحيوان. وتعد القراد، نظراً لتنوع مضيفاتها وسلوكها القائم حصراً على امتصاص الدم، ناقلات رئيسية للأمراض البكتيرية والفيروسية والطفيلية في جميع أنحاء العالم. ويثير تزايد معدل الإصابة بالأمراض التي تنقلها القراد، إلى جانب ظهور عدوى جديدة وعودة ظهور أخرى، العديد من المخاوف في الجزائر.

وفي هذا السياق تأتي هذه الأطروحة، التي تنقسم إلى ثلاثة أجزاء متكاملة. يكرس الجزء الأول لتلخيص مراجع حول الأمراض والعوامل الممرضة التي تنقلها القراد في الجزائر. أما الجزء الثاني فيسلط الضوء على تنوع وأهمية الحيوانات البرية وأنواع القراد المرتبطة بها في وبائيات الأمراض المنقولة بالنواقل. وأخيراً، يستند الجزء الثالث إلى مساهمتنا في دراسة انتشار فيروس حمى القرم-الكونغو النزفية بين قطعان الأغنام في بعض مناطق شمال شرق الجزائر، ولا سيما مناطق برج بوعريريج وميلا وقسنطينة وعنابة والطارف.

أبرزت دراستنا أهمية الأمراض والعوامل الممرضة التي تنقلها القراد في الجزائر، فضلاً عن دور الحيوانات البرية في انتشارها. كما سمحت الدراسة بالإبلاغ، لأول مرة، عن القراد الذي يصيب الثعلب الأحمر في الجزائر، فضلاً عن إثبات وجود *Ixodes hexagonus* في مناطق جديدة في شمال شرق الجزائر.

وأخيراً، تُظهر دراستنا، لأول مرة، إصابة الأغنام بفيروس حمى القرم-الكونغو النزفية بمعدل انتشار مصلي يبلغ 39,13%. وقد تم تحديد المنطقة والعمر ونوع التربية كعوامل خطر مرتبطة بهذه الإصابة.

وعلى الرغم من أن البيانات المتاحة لا تزال محدودة في ظل التغيرات البيئية والمناخية، فإن أعمالنا توفر عناصر أساسية للدراسات المستقبلية ووضع استراتيجيات للمراقبة ومكافحة ناقلات الأمراض.

الكلمات المفتاحية: الجزائر، ظهور، حمى القرم-الكونغو النزفية، الأمراض التي تنقلها القراد، القراد، الأغنام، الثعلب الأحمر، معدل الانتشار المصلي.

Table des matières

Introduction générale.....	1
-----------------------------------	----------

Contexte général et revue de littérature

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

1. Introduction	5
2. Les maladies transmises par les tiques en Algérie	5
3. Check liste et description des maladies à tiques en Algérie	10
3.1 La Borréliose de Lyme.....	38
3.2 La fièvre Q	39
3.3 Les Rickettsioses du groupe boutonneux.....	40
3.4 La Fièvre récurrente à tiques.....	41
3.5 L'Ehrlichiose et l'Anaplasmose.....	42
3.6 La Piroplasmose.....	43
3.7 La Tularémie	44
3.8 La Bartonellose	45
3.9 La Fièvre hémorragique de Crimée-Congo	46
3.10 Autres maladies transmises par les tiques en Algérie	47
4. Conclusion	48

Chapitre II : Importance de la faune sauvage dans l'épidémiologie des maladies à tique

1. Introduction	49
2. Maladies transmises par les tiques hébergés par la faune sauvage en Algérie.....	49
3. Tiques associées à la faune sauvage identifiées en Algérie.....	50
4. Conclusion	56

Chapitre III : La Fièvre hémorragique de Crimée-Congo

1. Introduction	57
2. Distribution géographique	57
3. Agent pathogène	59
4. Modes de transmission du CCHFV	61

5. Rôle des tiques et des animaux dans l'épidémiologie de la FHCC	62
6. Pathogénie	62
7. La maladie humaine.....	64
8. La maladie animale.....	67
9. Diagnostic	67
9.1 Diagnostic direct	68
9.1.1 Isolement viral	68
9.1.2 Tests moléculaires.....	69
9.2 Diagnostic indirect	70
9.2.1 Tests ELISA (dosage d'immunoabsorption enzymatique).....	70
9.2.2 L'immunofluorescence indirecte (IFI).....	70
9.3 Détection du CCHFV chez les tiques	71
9.4 Détection du CCHFV chez les animaux domestiques et sauvages.....	71
10. Traitement et prévention.....	72
10.1 Traitement	72
10.2 Prophylaxie	72
10.2.1 Vaccination	72
10.2.2 Mesures de prévention et de contrôle de la FHCC	73

Chapitre V : État des lieux de la Crimée Congo en Afrique du Nord

1. Introduction	75
2. La fièvre hémorragique de Crimée-Congo en Afrique du Nord	76
2.1 Égypte	76
2.2 Tunisie.....	76
2.3 Soudan.....	77
2.4 Maroc	77
2.5 Algérie.....	77
3. Souches de CCHFV circulantes en Afrique du Nord	78
4. Conclusion	79

Étude expérimentale

Chapitre I : Tiques de la faune sauvage en Algérie

1. Objectif de l'étude	80
2. Matériels et méthodes	81
2.1 Région et période d'étude	81
2.2 Animaux, technique de prélèvement et identification des tiques	82
3. Résultats et discussions	83
3.1 Tiques identifiées sur certaines espèces d'animaux sauvages dans quelques localités Algérienne	83
3.1.1 Loup doré africain (<i>Canis lupaster</i>).....	84
3.1.2 Tortue grecque (<i>Testudo graeca</i>).....	84
3.1.3 Sanglier sauvage (<i>Sus scrofa</i>).....	84
3.1.4 Lièvre du Cap (<i>Lepus capensis</i>).....	85
3.1.5 Genettes commune (<i>Genetta genetta</i>), hyène rayée (<i>Hyaena hyaena</i>) et Porc-épic à crête (<i>Hystrix cristata</i>).....	85
3.1.6 Renard roux (<i>Vulpes vulpes</i>) et hérisson d'Algérie (<i>Atelerix algirus</i>).....	86
4. Conclusion	89

Chapitre II : Étude de la circulation du CCHFV dans le Nord-Est algérien

1. Objectif de l'étude	90
2. Matériel et méthodes	91
2.1 Période et région d'étude	91
2.2 Population d'étude et méthode d'échantillonnage	92
2.3 Prélèvement et récolte des données	93
2.4 Analyse de laboratoire	94
2.4.1 Test ELISA	94
2.4.2 Principe	94
2.4.3 Méthodologie	95
2.4.4 Validation.....	96
2.4.5 Interprétation.....	96
2.5 Analyses statistiques	97
3. Résultats & discussion.....	98
3.1 Résultats	98

3.2	Discussion	102
4.	Conclusion	106
	Conclusion générale et perspectives.....	107
	Références bibliographiques.....	109
	Annexe	156

Liste des abréviations

ARN : Acides Ribonucléiques

BSL : BioSafety Level

CCHFV : Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus

CIVD : Coagulation intravasculaire disséminée

ELISA : Enzyme-Linked Immuno Sorbent Assay

FBM : Fièvre boutonneuse méditerranéenne

FHCC : Fièvre hémorragique de Crimée-Congo

FRT : Fièvre récurrente à tiques

GP : Glycoprotéine

IC : Intervalles de confiance

NP : Nucléoprotéine

OR : Odds ratios

HRP : Horseradish peroxidase

RdRp : RNA dependent RNA Polymerase

SDMV : Syndrome de défaillance multiviscérale

SFG : Spotted fever group rickettsiae

TIBOLA : Tick-Borne LymphAdenitis

TMB : 3,3',5,5'-tetramethylbenzidine

Liste des tableaux

Tableau 1: Les agents pathogènes transmis par les tiques en Algérie	10
Tableau 2: Agents pathogènes associés aux tiques et présents chez d'autres espèces vectrices ou hôtes	33
Tableau 3 : Espèces du genre Bartonella mises en évidence chez différentes espèces de vecteurs et d'hôtes	34
Tableau 4: Espèces de tiques infestant la faune sauvage et les agents pathogènes associés en Algérie.....	50
Tableau 5: Espèces d'animaux sauvages et espèces de tiques associées.	83
Tableau 6: Les tiques Ixodes hexagonus prélevées sur le hérisson d'Algérie et le renard roux. 87	
Tableau 7: Analyse univarié des facteurs de risque potentiels.....	100
Tableau 8: Analyse multivarié de l'association entre les facteurs de risque et la séropositivité de l'infection par le CCHFV.....	101

Liste des figures

Figure 1: Revue de la répartition des études sur les agents pathogènes transmis par les tiques selon leur nature (Bactérie, parasites, virus)	6
Figure 2: Revue de la répartition des études sur les agents pathogènes transmis par les tiques sur les différentes espèces de hôtes	7
Figure 3: Revue de la répartition des agents pathogènes décrits en Algérie selon le genre	8
Figure 4: Revue de la répartition des espèces de pathogènes décrites en Algérie	9
Figure 5: Répartition mondiale du virus de la fièvre de Crimée-Congo	58
Figure 6: Structure du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo.	59
Figure 7: Lignées génétiques du CCHFV, basées sur le segment S du génome	60
Figure 8: Cycle et modes de transmission du CCHFV	61
Figure 9: Pathogénie de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo	64
Figure 10: Évolution clinique et biologique de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo	65
Figure 11: Grands hématomes chez un patient atteint de fièvre hémorragique de Crimée-Congo le 10ème jour de maladie	66
Figure 12: Tests diagnostiques adaptés à chaque stade d'infection par le CCHFV	68
Figure 13: Situation de la FHCC en Afrique	75
Figure 14: La région d'étude.....	81
Figure 15: Sites de prélèvement de l'espèce Ixodes Hexagonus.	88
Figure 16: Ixodes hexagonus femelle ; spécimen collecté en Algérie sur le hérisson d'Algérie.	88
Figure 17: La région d'étude.	91
Figure 18: Élevage ovin	93
Figure 19: Principe de la technique ELISA sandwich à double antigène	95
Figure 20: Lecture de la plaque avec un lecteur microplaques ELISA automatisé à 450nm	97
Figure 21: Répartition de la séroprévalence du CCHFV dans la région d'étude.	98
Figure 22 : Taux de séroprévalence du CCHFV par région d'étude.	99

Liste des photos

Photo 1 : Loup doré africain (<i>Canis lupaster</i>) victime de la voie publique.....	156
Photo 2 : Tortue grecque (<i>Testudo graeca</i>) infestée par des tiques <i>Hyalomma aegyptium</i>	157
Photo 3 : Sanglier (<i>Sus scrofa</i>)	157
Photo 4 : Lièvre (<i>Lepus capensis</i>)	158
Photo 5 : La genette commune (<i>Genetta genetta</i>)	158
Photo 6 : Prélèvement et inspection du pelage de la hyène rayée (<i>Hyaena hyaena</i>)	159
Photo 7 : Cadavre de porcs-épics à crête (<i>Hystrix cristata</i>) victime de la voie publique.....	159
Photo 8 : Renard roux (<i>Vulpes vulpes</i>)	160
Photo 9 : Hérissons d'Algérie (<i>Atelerix algirus</i>) infestés par des tiques.....	160

Introduction générale

Les maladies à transmission vectorielle constituent un groupe diversifié de maladies causées par une large gamme d'agents pathogènes transmis par des arthropodes vecteurs, tels que les moustiques, les phlébotomes, les tiques et les puces (Dantas-Torres & Otranto, 2016). Ces maladies représentent une menace sérieuse aussi bien pour la santé publique que la santé animale causant des pertes économiques estimées à des milliard de dollars et plus de 700 000 décès par an (Mueller et al, 2010 ; Narladkar, 2018 ; WHO, 2024)

Parmi ces arthropodes vecteurs, les tiques sont réputées pour être le deuxième vecteur au plan mondial de maladies après les moustiques (Defaye et al, 2022). En effet, ces acariens hématophages sont des parasites obligatoires de la quasi-totalité des vertébrés à travers le monde (Socolovschi et al, 2008). De par leur répartition géographique mondiale, la diversité de leurs espèces, la variabilité de leurs comportements, la spécificité de leurs relations avec leurs hôtes, les tiques sont capables de transmettre de nombreuses maladies bactériennes, virales et parasitaires (Moutailler et al., 2016) engendrant des pertes économiques importantes. En effet, chaque année, les tiques et les agents pathogènes qu'elles transmettent causent environ 13,9 à 19,7 milliards de dollars de pertes, dont environ trois (03) milliards liés aux infestations de tiques du bétail (Rehman et al., 2017).

Chez l'espèce humaine, ces maladies ne sont pas plus rares mais restent relativement peu connues (Socolovschi et al., 2008) malgré leur augmentation au cours du 20^{ème} siècle suscitant l'intérêt de nombreux chercheurs, notamment dans les région tempérée et la région tropicale suite à l'émergence et la réémergence de plusieurs infections (Pérez-Eid, 2004 ; Djiman et al, 2024). Malgré les progrès considérables réalisés en termes de recherche, la plupart de ces maladies subsistent encore et certaines se sont même étendues à l'échelle mondiale, sous l'influence de différents facteurs biotiques et abiotiques (Sonenshine & Mather, 1994 ; Boulanger & McCoy, 2017 ; Diarra et al, 2023).

Le rôle vecteur des tiques vis-à-vis des virus est connu depuis plus d'un siècle (Stockman, 1918) : environ 10 % des espèces sont vectrices d'une large gamme de virus hautement diversifiés, appartenant au groupe arbovirus (Bowman & Nuttall, 2008; Labuda & Nuttall, 2008 ; Kazimírová

et al., 2017). Grâce au progrès et à l'avènement de nouvelles techniques de biologie moléculaire, de nouveaux arbovirus sont régulièrement décrits (Shi et al, 2018).

Par ailleurs, divers caractères biologiques et écologiques font des tiques un bon vecteur potentiel, apte non seulement à véhiculer et à transmettre l'infection virale mais également à jouer le rôle de réservoir (Chastel & Camicas, 1984) entretenant efficacement l'infection dans la nature (Defaye et al., 2022).

En 2017, au moins 160 virus transmis par les tiques étaient recensés dans le monde, dont environ 25 % sont responsables de maladies humaines et animales (Bartíková et al., 2017), qualifiées d'émergentes et de sévérité très variable : certaines sont particulièrement graves, tandis que d'autres restent bénignes ou sous-diagnostiquées (Hubálek & Rudolf, 2012). Avec les progrès du séquençage à haut débit, le nombre de virus a fortement augmenté : à l'heure actuelle, 870 espèces virales sont documentées, bien que seules 105 soient associées à une exposition humaine ou animale, et 40 seulement identifiées comme pathogènes avérés (Moming et al., 2024).

Au-delà de cette diversité virale, l'impact sur la santé publique est déjà considérable : chaque année, plus de 15 000 cas de maladies humaines sont signalés suite aux infections virales transmises par les tiques (Grabowski et al, 2018), un chiffre qui ne cesse d'augmenter (Bartikova, 2017; Mansfield et al, 2017). Cette progression s'accompagne d'une expansion géographique de plusieurs de ces viroses vers de nouvelles régions (Mansfield et al., 2017 ; Grabowski, 2018), sous l'effet conjugué de facteurs socio-économiques, anthropogénique et climatiques (Kriz et al, 2004 ; Medlock & Leach, 2015).

Les virus transmis par les tiques forment un groupe très hétérogène et fortement diversifié (Shi et al., 2018), parmi lesquels le virus de la fièvre hémorragique de Crimée Congo (CCHFV) est considéré comme le plus répandu dans le monde et le plus important sur le plan médical (Freitas et al, 2022 ; Kuehnert et al, 2021). En effet, ce virus est responsable d'un syndrome hémorragique grave et mortel chez l'homme. Bien que la maladie soit endémique dans certains pays d'Europe, d'Asie et d'Afrique, elle continue d'émerger dans d'autres régions du monde engendrant un risque important pour la santé, particulièrement, chez les humains (Temur et al, 2021).

Actuellement, près de 900 espèces de tiques sont connues à travers le monde (Guglielmone et al., 2010). Avec leur comportement strictement hématophage, elles parasitent la quasi-totalité des

vertébrés terrestres et semi-aquatiques, dont environ 90 % appartiennent à la faune sauvage (Guglielmone et al., 2014; Liyanaarachchi et al., 2015). Cependant, leurs préférences trophiques restent relatives, car tributaires de l'espèce d'hôte et des exigences écologiques (PEREZ-EID, 2007). Cette dépendance fait de la biodiversité locale un facteur clé dans la distribution des populations de tiques. C'est le cas de l'Algérie, l'un des pays les plus étendus du continent africain, qui, de par la diversité de ses écosystèmes, abrite une biodiversité riche et importante, dont la faune sauvage est une partie intégrante, avec près de 109 espèces de mammifères, 466 espèces d'oiseaux et 80 espèces de reptiles réparties dans différents niches écologiques (MEER, 2016 ; Oiseaux.net, 2026). Une telle diversité favorise les interactions complexes « hôtes-tiques-agents pathogènes » qui facilitent l'entretien et la diversification d'une large gamme d'agents pathogènes (De Meneghi, 2006) en partie à l'origine de zoonoses responsables d'environ 60% des maladies infectieuses humaines, dont 72% sont associées aux animaux sauvages (Ostfeld, 2011).

Cette richesse en réservoirs potentiels, conjuguée à l'accroissement mondial des maladies à tiques observé ces dernières décennies - avec l'émergence de plusieurs affections y compris en zone tempérée - fait craindre une incidence élevée de ces maladies en Algérie. Cette crainte est d'autant plus fondée qu'elles y sont déjà présentes (Abdelbaset et al.,2023), et que leur prévalence est certainement sous-estimée en raison de l'existence d'une large gamme de réservoirs d'agents pathogènes dans le pays.

L'objectif de cette thèse est l'étude des maladies transmises par les tiques dans le Nord-Est algérien, principalement la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (CCHF).

Pour cela, nous avons, dans un premier temps, répertorié les différentes maladies transmises par les tiques en Algérie mentionnées dans la littérature. Dans un second temps, nous avons souligné l'importance de la faune sauvage dans l'épidémiologie de ces maladies. Enfin, nous avons mené une étude sérologique auprès de la population ovine du Nord-Est Algérien afin de déterminer l'éventuelle présence de l'infection par le CCHFV, tout en analysant certains facteurs de risques susceptibles d'influencer l'épidémiologie de cette maladie.

Le présent travail se divise ainsi en deux (02) parties principales :

- **L'introduction générale**, qui présente quelques notions utiles à la compréhension de la suite de la thèse, la problématique et l'objectif fixé.

- **La première partie** est consacrée à la synthèse bibliographique, répartie en quatre (04) chapitres :

- Le 1^{er} chapitre est dédié aux principales maladies vectorielles à tiques en Algérie.
- Le 2^{ème} chapitre fournit l'état des connaissances relatives aux tiques associées à la faune sauvage locale et aux agents pathogènes qu'elles transmettent.
- Le 3^{ème} chapitre présente l'état de l'art sur la maladie de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo.
- Le 4^{ème} chapitre décrit l'état des lieux relatif à la maladie de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo dans le Nord de l'Afrique.

- **La seconde partie** est consacrée à l'étude expérimentale, répartie en deux (02) chapitres :

- Le 1^{er} chapitre présente l'identification morphologique des espèces de tiques prélevées sur quelques animaux sauvages en Algérie.
- Le 2^{ème} chapitre est réservé à la mise en évidence de la circulation du CCHFV dans le Nord-Est algérien.

CONTEXTE GÉNÉRAL ET REVUE DE LITTÉRATURE

CHAPITRE I : MALADIES TRANSMISES PAR LES TIQUES EN ALGÉRIE

1. Introduction

les tiques sont des vecteurs de plusieurs maladies humaines et animales (Boulanger & Stachurski, 2016 ; Boulanger et al, 2019).

Ces dernières années, les maladies transmises par les tiques constituent un problème de santé de plus en plus important, en raison de l'incidence croissante et de la propagation géographique de ces dernières avec un impact socioéconomique considérable.

L'Algérie, avec sa grande variété écologique et bioclimatique, abrite près de 35 espèces de tiques, dont certaines jouent le rôle de vecteur d'agents pathogènes représentés aussi bien par des bactéries des virus et des parasites (Mechouk et al, 2022). Par ailleurs, la large distribution géographique et la présence d'une variété d'hôtes, comprenant les mammifères, les oiseaux et les reptiles, font d'elles un acarien redoutable.

L'objectif principal de notre travail dans cette partie est de présenter les agents pathogènes transmis par les tiques en Algérie.

2. Les maladies transmises par les tiques en Algérie

L'exploration des moteurs de recherche a permis de recenser un total de 92 publications scientifiques produites depuis 1989 jusqu'à l'année 2025, sur les agents pathogènes transmis par les tiques ainsi que maladies associées en Algérie.

Sur un total de 92 publications, 69 (75%) ont concerné les bactéries, six (7%) les parasites et 14 (15%) les bactéries et des parasites à la fois. Trois (3%) articles seulement ont traités l'infection virale (**Figure 1**), ce qui explique le manque de données relatives aux virus transmis par les tiques en Algérie, sous-estimant, par conséquent, la situation épidémiologique réelle localement.

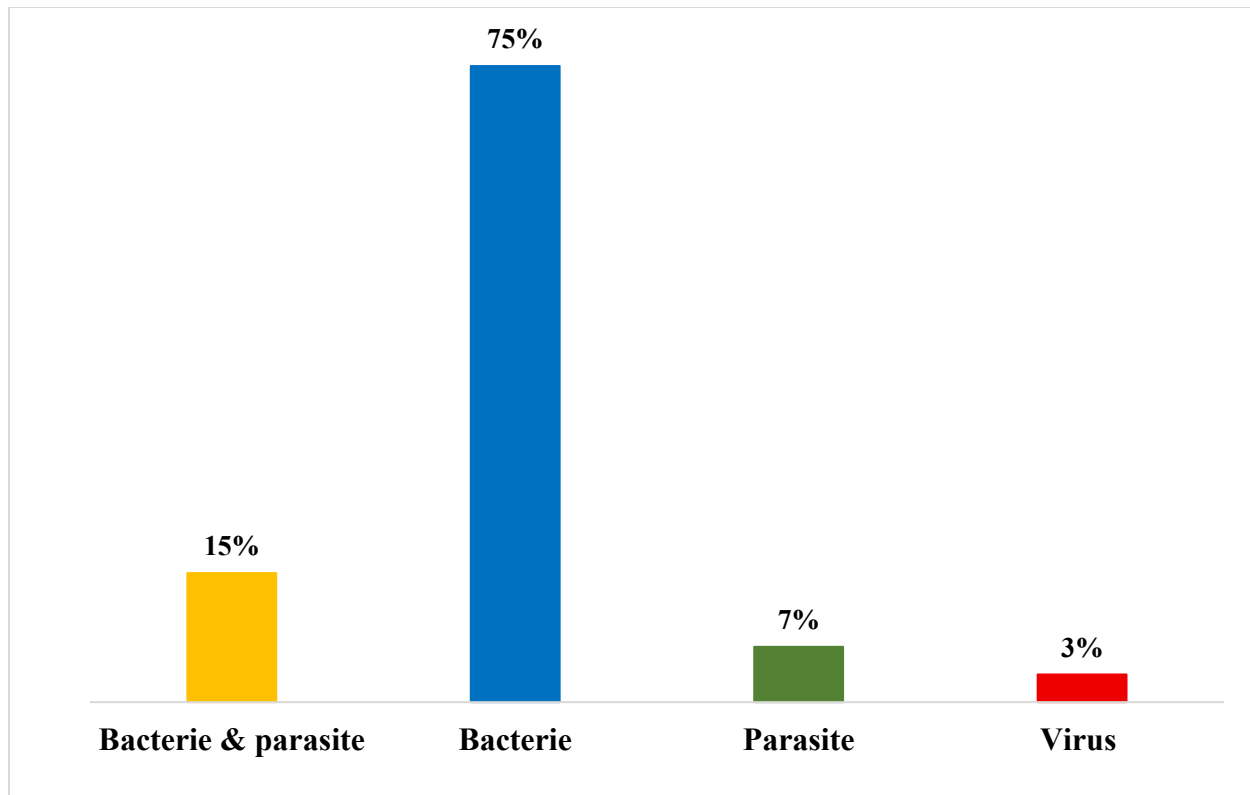


Figure 1: Revue de la répartition des études sur les agents pathogènes transmis par les tiques selon leur nature (Bactérie, parasites, virus) (données personnelles).

Par ailleurs, 85 publications ont porté sur l'homme (21%) et les animaux [domestiques (65%), sauvages (12%)] (**Figure 2**). Ces données indiquent que les animaux sauvages restent peu explorés. Cela pourrait s'expliquer, entre autres, par les difficultés d'accès à cette population qui, malgré tout, nécessite une attention particulière vu son importance épidémiologique.

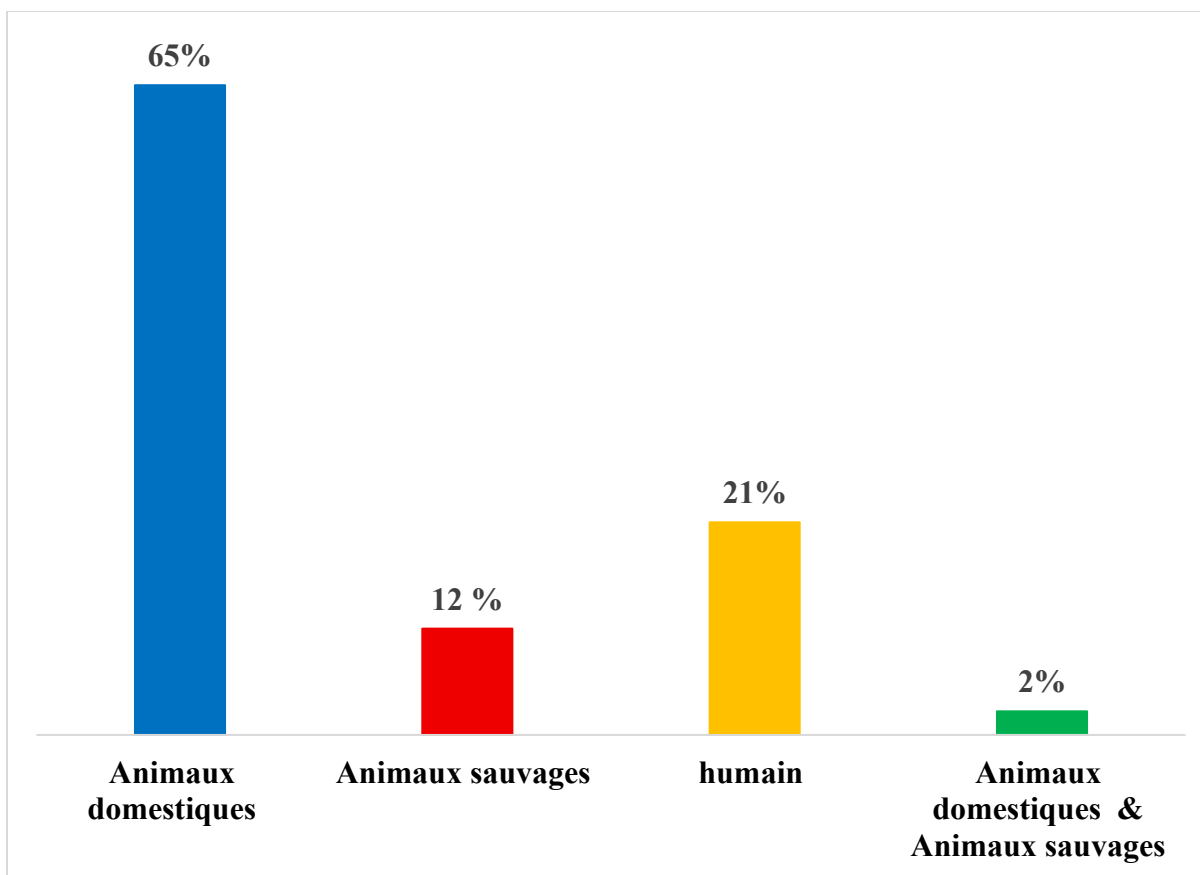


Figure 2: Revue de la répartition des études sur les agents pathogènes transmis par les tiques sur les différentes espèces de hôtes (données personnelles).

L'ensemble des publications relatives aux maladies transmises par les tiques en Algérie font état de 56 espèces d'agents pathogènes, représentées par 10 genres de bactéries, 2 genres de parasites et un seul genre de virus, responsables, pour la plupart, de plusieurs pathologies humaines et animales, à savoir la fièvre hémorragique de Crimée-Congo, la theilériose, la babésiose, l'anaplasmose, la borréliose, la bartonellose, la tularémie, les rickettsioses, l'ehrlichioses la coxiellose, l'hépatozoonose, la mycoplasmose et la neoehrlichiose. Les principaux agents pathogènes décrits sont pour 81% d'origine bactérienne, 18 % parasitaire et seulement, un pourcent (1%) d'origine virale.

Ces agents pathogènes proviennent de 23 espèces de tiques, dont 19 relatives aux tiques dures et 6 aux tiques molles, réparties en 8 genres (*Ornithodoros*, *Carios*, *Argas*, *Dermacentor*, *Haemaphysalis*, *Hyalomma*, *Ixodes* et *Rhipicephalus*).

Sur l'ensemble des travaux de recherches, les agents pathogènes du genre *Rickettsia* occupent une place importante (31%), suivis ceux du genre *Anaplasma* (19%), *Coxiella* (11%), *Borrellia* (10%), *Theileria* (9%), *Babesia* (7%), *Ehrlichia* (4%), *bartonella* (3%), *Francisella* (2%), *Hepatozoon* (2%) *Mycoplasma* (1%), ainsi que le genre *Orthonairovirus* (1%) (**Figure 3**).

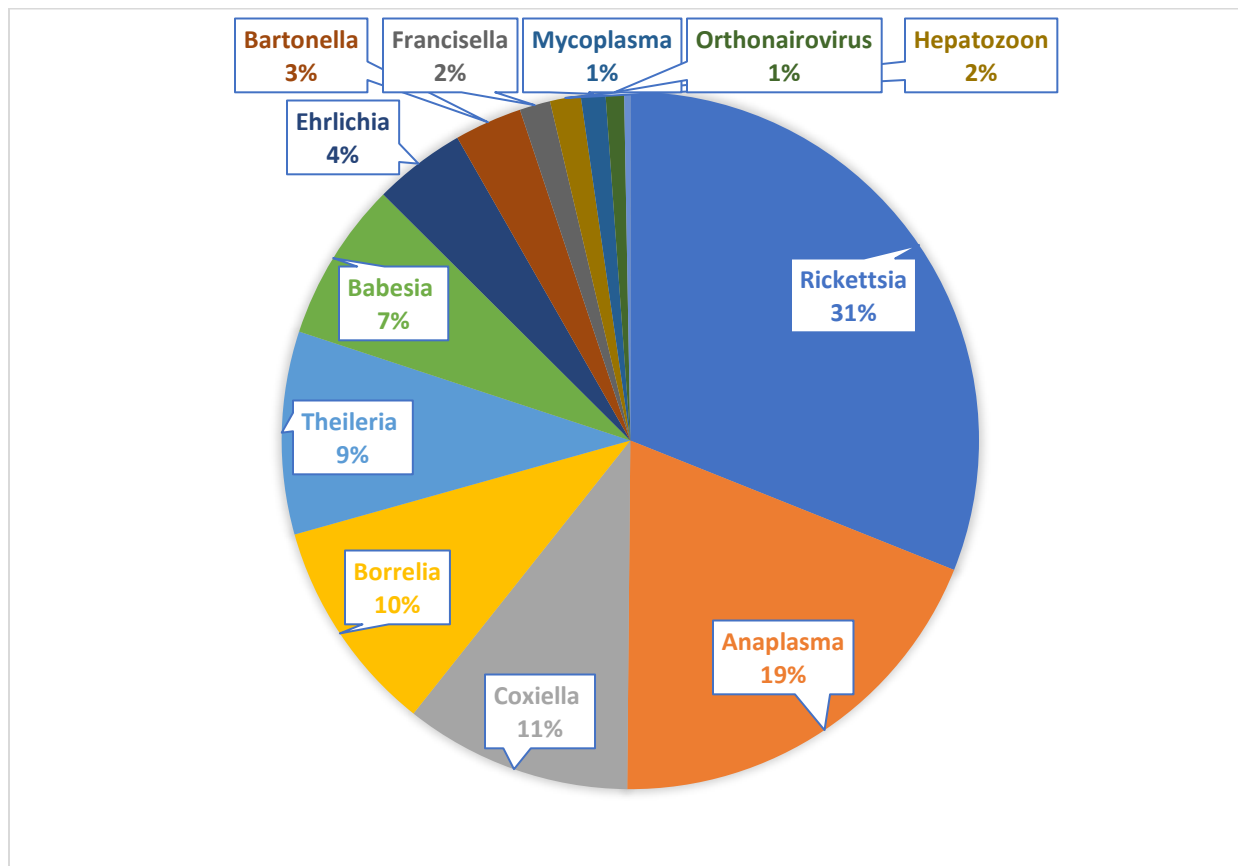


Figure 3: Revue de la répartition des agents pathogènes décrits en Algérie selon le genre (données personnelles).

Par ailleurs, à l'échelle de l'espèce, sur l'ensemble des pathogènes mis en évidence, 14% sont représentés par l'espèce *Coxiella burnetii*, 8 % par *rickettsia aeschlimannii*, 7 % par *rickettsia massiliae*, 7 % par *Anaplasma marginale* et 5 % par *R. conorii*. Les autres espèces signalées sont réparties de manière variable et représentent, pour chacun, moins de 5 % de la totalité d'agents pathogènes décrits (**Figure 4**).

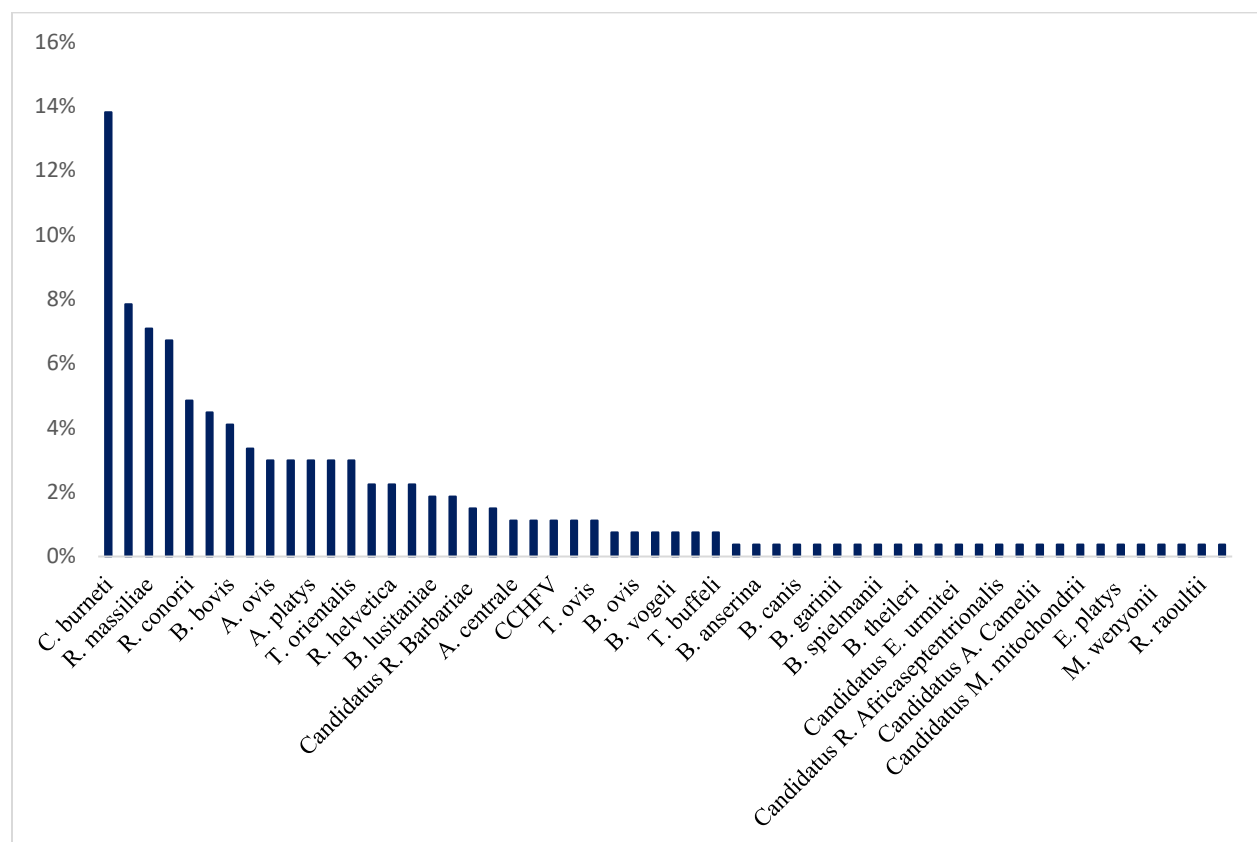


Figure 4: Revue de la répartition des espèces de pathogènes décrites en Algérie (données personnelles).

3. Check liste et description des maladies à tiques en Algérie

Les agents pathogènes transmis par les tiques sont multiples. Ils incluent notamment des bactéries, des parasites, ainsi que des virus. Les agents identifiés sont répertoriés dans les tableaux ci-dessous (Tableau 1, 2 et 3), comprenant la quasi-totalité des espèces transmises ou susceptibles d'être transmises par les tiques.

Tableau 1: Les agents pathogènes transmis par les tiques en Algérie (données personnelles).

Agents pathogènes Maladies	Vecteurs	Régions	Hôtes	Méthodes de diagnostic	Références
<i>Anaplasma</i>					
<i>A. ovis</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i> 38/73 (52%)	Souk Ahras	Ovins (74/120. 61.7%) et Caprins (65/120. 54.2%)	M	(Aouadi et al., 2017)
	<i>Rhipicephalus Turanicus</i> (22.7%)	5/22			
<i>A. phagocytophilum</i>		Alger	Chiens 101/213 (47.4%)	S	(Azzag et al., 2015)
<i>A. platys</i>			Chiens (14.1%)	M	
<i>Anaplasmataceae</i>	<i>Hyalomma aegyptium</i>	El Tarf	Tortue (<i>Testudo graeca nabeulensis</i>)	M	(Benyahia et al., 2022)
<i>A. phagocytophilum</i>		Laghouat	Dromadaires 18/80 (22.5%)	M	(Bessas et al., 2022)
<i>A. platys</i>			Dromadaires 6/80 (7.5%)		

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>A. marginale</i> (99,04 % d'identité)	<i>Rhipicephalus annulatus</i>	(Bo)	El Tarf, Annaba, Guelma, Souk Ahras, Skikda, Mila, Sétif, M'Sila et Jijel	Bovins, Ovins, Caprins, Chevaux, Chiens, Chats, Poulets, Hérissons (<i>Atelerix algirus</i>) et des tortues (<i>Testudo graeca graeca</i>)	M	(Boucheikh houkh et al., 2018)
<i>A. phagocytophilum</i> (99,6 % d'identité)	<i>Argas persicus</i>					
<i>Anaplasmataceae spp</i>	<i>Rhipicephalus annulatus</i>	(Bo.) (30%)				
	<i>Haemaphysalis sulcata</i>	(10%)				
	<i>Hyalomma detritum</i>	(5%)				
	<i>Rhipicephalus bursa</i>	(10%)				
	<i>Argas persicus</i>	(8.57%)				
	<i>Ixodes ricinus</i>	(8.82%)				
	<i>Rhipicephalus sanguineus s.l</i>	(5.49%)				
<i>A. centrale</i>	<i>Rhipicephalus</i>	<i>spp</i>	Région de kabylie	Bovins	M	(Boularias et al., 2021)
<i>A. marginale</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i>	2/51 (3.9%)				
	<i>Rhipicephalus spp</i>	6/50 (12%)				
	<i>Hyalomma detritum</i>	2/41 (4.8%)				
	<i>Hyalomma spp</i>	1/53 (1.8%)				
	<i>Ixodes ricinus</i>	5/13 (38.4%)				

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>A. marginale</i>		Oum El Bouaghi	Ovins 7/417 (1.7 %)	M	(Chadi et al., 2024)
<i>A. ovis</i>			Ovins 45/417 (10.8 %)		
<i>A. platys</i>			Ovins 1/417 (0.2 %)		
<i>Anaplasma spp</i>			Ovins 53/417 (12.7 %)		
<i>Anaplasma sp</i>		Batna	Bovins	M	(Dahmani et al., 2015a)
<i>A. phagocytophilum</i> (Trois variantes génétiques)					
<i>A. platys</i>					
<i>A. platys</i> (variant génétique)		Tizi Ouzou et Béjaïa	Chiens	M	(Dahmani et al., 2015b)
<i>A. marginale</i>		El Traf	Bovins 40.5%	C	(Dib et al., 2008)
<i>Anaplasma spp</i>		Mila	Ovins 19/43 (15%)	C	(Foughali et al., 2021b)
<i>A. marginale</i>		Mila	Bovins 15/66 (22.7%)	M	(Foughali et al., 2023)
<i>Candidatus Anaplasma Camelii</i>	<i>Hyalomma dromedarii</i> 2/2 (100%)	Tamanrasset	Dromadaires	M	(Hamlili et al., 2022)
<i>Anaplasma sp</i>	<i>Hyalomma dromedarii</i> (99.78–100%)				
<i>A. phagocytophilum</i>		Alger	Chevaux 128/25 (19.5%)	S	(Laamari et al., 2020)
			Chevaux 128/33 (25.9%)	S	
<i>A. platys</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> s.s 92 /384 pools (24 %)	Djelfa et Bordj Bou Arreridj	Chiens	M	(Laatamna et al., 2022)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>Anaplasmataceae</i>	<i>Argas persicus</i> (62%)	31/50	Mostaganem	Abris pour animaux	M	(Lafri et al., 2017)
<i>Anaplasma spp</i>			Guelma et El-Taref	Caprins 142/182 (78.02 %)	S	(Reghaissia et al, 2020)
<i>A. bovis</i>			Sétif	Bovins 8/180 (4.4 %)	M	(Rjeibi et al, 2018)
<i>A. centrale</i>				Bovins 71/180 (39.4 %)		
<i>Anaplasma spp</i>				Bovins 76/180 (42.2 %)		
<i>A. marginale</i>				Bovins 20/180 (11.1 %)		
<i>A. marginale</i>			Guelma, Annaba et El Tarf	Bovins 4/35(11.5%)	M	(Sadeddine et al., 2020)
<i>A. ovis</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus s.l</i> (1)			Bovins, Ovins, Caprins, Chevaux		
	<i>Rhipicephalus bursa</i> (1)			Bovins, Ovins, Caprins, Chevaux		
				Ovins 1/27 (4 %)		
				Bovins 1/35 (3%)		
				Caprins 3/8 (37.5 %)		
<i>A. platys</i>	<i>Rhipicephalus annulatus</i> (1)			Bovins, Ovins, Caprins, Chevaux		
<i>A. marginale</i>			Annaba el El Tarf	Bovins 54 (7.4%)	C	(Ziam & Benaouf, 2004)
<i>A. marginale</i>			Annaba el El Tarf	Bovins 138/21 (15.2%)	C	(Ziam et al., 2016)
<i>A. marginale</i>			Nord et Centre d'Algérie	Bovins 128 (4.1%)	C	(Ziam et al., 2017)
<i>A. marginale</i>			Région de Djurdjura	Bovins 12/299 (4%)	C	(Ziam et al., 2020)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>A. marginale</i>		Constantine	Bovins 22/169 (13%)	C	(Foughali et al., 2021c)
<i>Anaplasma sp</i>	<i>Hyalomma excavatum</i>	Djelfa	Bovins		(Abdelali et al, 2024)
<i>A. phagocytophilum</i>					
<i>A. centrale</i>		Tizi-Ouzou	Bovins 14/205 (6.8%)	M	(Boularias et al, 2020b)
<i>A. marginale</i>			Bovins 2/205 (1.0%)		
<i>A. bovis</i>			Bovins 1/205 (0.5%)		
<i>A. platys</i>			Bovins 6/205 (2.9%)		
<i>Anaplasma sp</i>			Bovins 3/205 (1.5%)		
<i>Anaplasma spp</i>			Bovins		
<i>Bartonella</i>					
<i>B. dromedarii</i>		Laghouat	Dromadaires 2/80 (2.5%)	M	(Bessas et al., 2022)
<i>Bartonella spp</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i> 3/51 (5.8%)	Région de kabylie	Bovins	M	(Boularias et al., 2021)
	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 2/7 (28.5%)				
	<i>Rhipicephalus spp</i> 3/50 (6%)				
	<i>Hyalomma detritum</i> 3/41 (7.3%)				
	<i>Hyalomma lusitanicum</i> 1/4 (25%)				
	<i>Hyalomma spp</i> 4/53 (7.5%)				
<i>Bartonella spp</i>	<i>Argas persicus</i> 4/50 (8%)	Mostaganem	Abris pour animaux	M	(Lafri et al., 2017)
<i>Bartonella sp</i>	<i>Hyalomma excavatum</i>	Djelfa	Bovins	M	(Abdelali et al, 2024)
<i>B. tamiae</i>	<i>Ixodes vespertilionis</i> 15/19 (78.9%)	Chauve-souris (<i>Chiroptera spp</i>)	Souk Ahras	M	(Leulmi et al., 2016)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>B. bovis</i>		Tizi-Ouzou	Bovins (203/313) 64.85 %	S	(Boularias et al., 2020a)
<i>B. chomelii.</i>			Bovins (225/313) 71.88 %		
<i>B. bovis</i>	<i>Rhipicephalus, Hyalomma et Ixodes</i> (17/277) 6.13%		Bovins	M	
<i>B. chomelii.</i>	<i>Rhipicephalus, Hyalomma et Ixodes</i> (2/277) 0.72%				
<i>Borrelia</i>					
<i>B. burgdorferi s.l</i>		Alger	Humains 21/133 (15.8%)	S	(Alem & Hadji, 1999)
<i>B. theileri</i>		Souk Ahras	Ovins 7/120 (5.8%) et Caprins 13/120 (10.8%)	M	(Aouadi et al., 2017)
<i>B. burgdorferi s.l</i>		Alger	Chiens 80/213 (37.6%)	S	(Azzag et al., 2015)
<i>B. garinii</i>	<i>Ixodes ricinus</i>	El Tarf	Collecte par la technique du drapeau	M	(Benredjem et al, 2014)
<i>Borrelia spp</i>	<i>Ixodes ricinus</i> 4/80 (5%)				
<i>B. turcica</i>	<i>Hyalomma aegyptium</i>	El Tarf	Tortue (<i>Testudo graeca nabeulensis</i>)	M	(Benyahia et al., 2022)
<i>Borrelia spp</i>	<i>Hyalomma aegyptium</i> 9/230 (3.9%)				
<i>Borrelia spp</i>	<i>Ixodes ricinus</i>	El Tarf, Annaba, Guelma, Souk Ahras, Skikda, Mila, Sétif, M'Sila et Jijel	Bovins, Ovins, Caprins, Chevaux, Chiens, Chats, Poulets, Hérissons (<i>Atelerix algirus</i>) et des tortues (<i>Testudo graeca graeca</i>)	M	(Boucheikh houkh et al., 2018)
	<i>Rhipicephalus annulatus</i> (Bo.)				
	<i>Argas Persicus</i>				
	<i>Hyalomma Aegyptium</i>				

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>Borrelia</i> spp	<i>Rhipicephalus bursa</i>	4/51 (7.8%)	Région de kabylie	Bovins	M	(Boularias et al., 2021)
	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	1/7 (14.2%)				
	<i>Rhipicephalus</i> spp	1/50 (2%)				
	<i>Hyalomma detritum</i>	3/41 (7.3%)				
	<i>Hyalomma</i> spp	6/53 (11.3%)				
	<i>Ixodes ricinus</i>	1/13 (7.6%)				
<i>B. burgdorferi</i> s.l	<i>Ixodes inopinatus</i>	(19.5 %)	El Tarf	Collecte par la technique du drapeau	M	(Daněk et al., 2024)
<i>Borrelia</i> spp			Oran	Patients (1.6%)	M	(Fotso et al, 2015)
<i>Candidatus B. Algerica</i>			Oran	Patients	M	
<i>B. burgdorferi</i>			Alger	Chevaux 128/28 (21.8%)	S	(Laamari et al., 2020)
				Chevaux 128/19 (14.8%)	S	
<i>B. burgdorferi</i> s.l			Sétif	Patients 10/874 (1.1%)	S	(Lacheheb et al., 2008)
<i>B. hispanica</i>	<i>Ornithodoros occidentalis</i>	2/6 (33.3%)	Mostaganem	Terriers de rongeurs	M	(Lafri et al., 2017)
<i>Borrelia Turicatae</i>	<i>cf. Carios capensis</i>	5/48 (10.4%)	Alger	Nids d'oiseaux marins		

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>B. lusitaniae</i>	<i>Ixodes ricinus/ Ixodes inopinatus</i> (33.33%)	El Tarf	Collecte par la technique du drapeau	M	(Mechouk et al., 2024a)
<i>B. lusitaniae</i>	<i>Ixodes inopinatus</i> <i>Ixodes ricinus</i>	Béjaïa	Bovins	M	(Norte et al., 2021)
<i>B. anserina</i>	<i>Argas persicus</i> 2/34 (5.88 %)	Médéa	Poules	M	(Ouchene et al., 2020)
<i>B. burgdorferi</i>			Enfants	S	(Rousselle et al., 1989).
<i>Borrelia spp</i>		Guelma, Annaba et El Tarf	Bovins 2/35 (6 %)	M	(Sadeddine et al., 2020)
<i>B. afzelii</i> <i>B. spielmanii</i>	<i>Hyalomma excavatum</i>	Djelfa	Bovins	M	(Abdelali el al, 2024)
<i>Coxiella</i>					
<i>C. burneti</i>	<i>Hyalomma excavatum</i>	Sidi Bel Abbès	Bovins	M	(Abdelkadir et al., 2019)
<i>C. burneti</i>	<i>Hyalomma excavatum</i>	Saida	Ovins		
<i>C. burneti</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i>	Sidi Bel Abbès			
<i>C. burneti</i>		Bejaïa	Bovins 19/ 180 (10.6 %)	S	(Agag et al, 2016)
<i>C. burneti</i>			Humains 1/268 (0.3%)	M	(Angelakis et al., 2014)
<i>C. burneti</i>		Tiaret, El-Bayadh et Ghardaïa	Chevaux 18/182 (9.9 %)	S	(Ansel et al., 2020)
<i>C. burneti</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i> 4/73 (5.5 %)	Souk Ahras	Ovins (7/120. 5.8 %). Caprins (2/120. 1.7 %)	M	(Aouadi et al., 2017)
<i>C. burneti</i>		Bouira	Hérissons (Riens et Rates)	M	(Aouadi et al., 2022)
<i>C. burneti</i>	<i>Haemaphysalis erinacei</i> <i>Rhipicephalus Sanguineus s.l</i>				

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>C. burneti</i>	Ain Defla	Ovins 43/173 (24.9%)	S	(Belhouari et al, 2022)
<i>C. burneti</i>	Ouargla, El Oued et Biskra	Dromadaires 138/184 (75.5%)	S	(Bellabidi et al., 2020)
	<i>Hyalomma dromedarii</i> Ouargla et El Oued	Dromadaires		
	<i>Hyalomma impeltatum</i> El Oued			
	<i>Hyalomma excavatum</i> Ouargla			
<i>C. burneti</i>	Biskra, El-Oued, Ouargla et Ghardaïa	Dromadaires 132/184 (71.2%)	S	(Benaïssa et al., 2017)
<i>Q Ferver</i>	Alger	Patients 2/61 (3.3%)	M	(Benslimani et al, 2005)
<i>C. burneti</i>	Mila, Constantine, Guelma, et El-Tare	Caprins 44/504 (8.73%)	S	(Bento et al., 2023)
<i>C. burneti</i>	Alger	Échantillon de rate de Chiens 1/117 (0.85%)	M	(Bessas et al., 2016)
		Échantillon de rate Chats 1/107 (0.93%)		
<i>C. burneti</i>	Blida	Bovins (29%)	S	(Dechicha et al., 2010)
<i>C. burneti</i>	Alger	Bovins 6/360 (1.67%)	S	(Derdour et al., 2017)
<i>C. burneti</i>		Placenta ou de sérum 6/ 380 femmes	S/ M	(Ghaoui et al., 2018)
<i>C. burneti</i>		Patients 3/70 (4.30%)	S	(Ghaoui et al., 2023)
<i>C. burneti</i>	Alger	Bovins (sang et de foie) 6/599 (4 %)	M	(Ghaoui et al., 2024)
		Ovins (19%) et placenta (8.57%)		
		Chiens 8 (10%)		
		Chats 3 (5%)		

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>C. burneti</i>	<i>Hyalomma dromedarii</i> <i>Hyalomma impeltatum</i>	Tamanrasset	Dromadaires	M	(Hamlili et al., 2022)
<i>C. burneti</i>		Constantine, Skikda, Ain Defla, Bordj Bou Arreridj, Médéa, Djelfa, El Bayadh et Biskra	Ovins et Caprins 32/227 (14.1%) Prélèvement vaginal sur ovins et caprins (21.3%) 267	M	(Khaled et al., 2016)
<i>C. burneti</i>		Sétif	Humains 113/729 (15.5%)	S	(Lacheheb & Raoult, 2009)
<i>C. burneti</i>		Sétif	Bovins 11.36%	S	(Menadi et al., 2020)
<i>C. burneti</i>		Blida, Médéa, Bouira et Bordj-Bou-Arreridj	Échantillons de placenta Bovins 19.1%	M	(Rahal et al., 2018)
<i>Ehrlichia</i>					
<i>E. canis</i>		Alger	Chiens 64/213 (30.0%) / 4.2 %	S / M	(Azzag et al., 2015)
<i>E. ruminantium</i>	<i>Hyalomma aegyptium</i>	El Tarf	Tortue (<i>Testudo graeca nabeulensis</i>)	M	(Benyahia et al., 2022)
<i>E. canis</i>		Alger	Échantillon de rate de Chiens 17/117 (14.52%)	M	(Bessas et al., 2016)
<i>E. canis</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> (7.77%)	8/103	Chiens		
<i>E. canis</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	El Tarf, Annaba, Guelma, Souk Ahras, Skikda, Mila, Sétif, M'Sila et Jijel	Bovins, Ovins, Caprins, Chevaux, Chiens, Chats, Poulets, Hérissons (<i>Atelerix algirus</i>) et des tortues (<i>Testudo graeca graeca</i>)	M	(Boucheikh houk et al., 2018)
<i>E. muris</i>	<i>Haemaphysalis sulcata</i>				

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>E. canis</i>		Tizi Ouzou Béjaïa.	Chiens 7/110 (6.4%)	M	(Dahmani et al., 2015b)
<i>E. canis</i> (variant génétique)			Chiens		
<i>E. platys</i>			Chiens 6/110 (5.5%)		
<i>Candidatus E. rustica</i>	<i>Hyalomma impeltatum</i>	Tamanrasset	Dromadaires	M	(Hamlili et al, 2022)
<i>E. canis</i>	<i>Hyalomma impeltatum</i> (94%)				
<i>E. canis</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus s.s</i> 15/384 (3.9 %)	Djelfa, Bordj Bou Arreridj	Chiens	M	(Laatamna et al., 2022)
<i>Candidatus urmitei</i>	<i>E. Rhipicephalus annulatus</i> (2)	Guelma, Annaba et El Tarf	Bovins, Ovins, Caprins, Chevaux	M	(Sadeddine et al., 2020)
<i>Ehrlichia spp</i>		Tizi-Ouzou	Bovins	M	(Boularias et al, 2020b)
<i>Ehrlichia</i>					
<i>F. tularensis</i>	<i>Rhipicephalus pusillus</i>	Tipaza, Médéa et Ain El Defla	Lièvre du Cap (<i>Lepus capensis</i>) 7/36 (19.44%) et Lapin de garenne (<i>Oryctolagus cuniculus</i>) 5/38 (13.15%)	M	(Ammam et al., 2022)
<i>F. tularensis</i>	<i>Ixodes ricinus</i>				
<i>F. tularensis</i>	<i>Rhipicephalus spp</i>				
<i>F. tularensis</i>	<i>Hyalomma spp</i>				
<i>F. tularensis</i>	<i>Hyalomma excavatum</i>	Djelfa	Bovins	M	(Abdelali el al, 2024)
<i>Francisella</i>					
<i>R. aeschlimannii</i>	<i>Hyalomma excavatum</i>	Saida	Bovins	M	(Abdelkadir et al., 2019)
	<i>Hyalomma marginatum</i>	Sidi Bel Abbès	Ovins		
<i>Candidatus Barbariae</i>	<i>R. Hyalomma excavatum</i>		Bovins		
	<i>Rhipicephalus bursa</i>		Bovins		
			Ovins		

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>R. conorii</i>		Oran	34 enfants (70%)	S	(Benabdellah et al., 2007).
<i>R. monacensis</i>	<i>Ixodes ricinus</i>	El Tarf	Collecte par la technique du drapeau	M	(Benredjem et al, 2014)
<i>R. aeschlimannii</i>	<i>Hyalomma aegyptium</i>	El Tarf	Tortue (<i>Testudo graeca</i>)	M	(Benyahia et al., 2022)
<i>R. africae</i>					
<i>R. sibirica</i>					
<i>R. mongolitimonae</i>					
<i>Rickettsia spp</i>	<i>Hyalomma aegyptium</i> 174/230 (75.6%)				
<i>R. conorii</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 1/103 (0.97%)	Alger	Chiens	M	(Bessas et al., 2016)
<i>R. massiliae</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 27/103 (26.21%)		Chiens		
	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 1/12 (8.33%)		Chats		
<i>R. aeschlimannii</i>	<i>Hyalomma marginatum</i> (11)	Tafaraoui Béjaïa	Bovins et Ovins	M	(Bitam et al., 2006)
	<i>Hyalomma detritum</i> (1)				
<i>R. conorii conorii</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Alger	Hérissons (<i>Atelerix algirus</i>)		
<i>R. massiliae</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> (4)				
	<i>Rhipicephalus turanicus</i> (4)	Tizi Ouzou et Alger	Bovins, Caprins et Hérisson (<i>Atelerix algirus</i>)		

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>R. aeschlimannii</i>	<i>Hyalomma aegyptium</i> 9/17 (53%)	Alger	Tortue (<i>Testudo graeca</i>)	M	(Bitam et al., 2009b)
<i>R. conorii</i>		Tizi-Ouzou	Patients 310 / 310 (65.1%)	S	(Bouchaib & Parola, 2023)
<i>R. conorii conorii</i>			Patients	S	(Bouchaib et al, 2018)
			Lésions d'escarres de patients	M	
<i>R. africae</i>	<i>Hyalomma detritum</i> <i>Hyalomma aegyptium</i>	El Tarf, Annaba, Guelma, Souk Ahras, Skikda, Mila, Sétif, M'Sila et Jijel	Bovins, Ovins, Caprins, Chevaux, Chiens, Chats, Poulets, Hérissos (<i>Atelerix algirus</i>) et des tortues (<i>Testudo graeca graeca</i>)	M	(Boucheikh houkh et al., 2018)
<i>R. monacensis</i>	<i>Ixodes ricinus</i>				
<i>Rickettsia SFG</i>	<i>Ixodes ricinus</i> (20.58 %)				
	<i>Hyalomma Detritum</i> (10 %)				
	<i>Hyalomma Aegyptium</i> (66.66 %)				
	<i>Haemaphysalis Sulcata</i> (10 %)				
	<i>Rhipicephalus sanguineus s.l</i> (3.29 %)				

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>R. aeschlimannii</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i>	11/51 (21.5%)	Région de kabylie	Bovins	M	(Boularias et al., 2021)
	<i>Rhipicephalus</i> spp	5/50 (10%)				
	<i>Hyalomma detritum</i>	2/41 (4.8%)				
	<i>Hyalomma marginatum</i>	1/15 (6.6%)				
	<i>Hyalomma</i> spp	8/53 (15.1%)				
<i>R. helvetica</i>	<i>Ixodes ricinus</i>	2/13 (15.3%)				
<i>R. massiliae</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	4/07(57.1%)				
	<i>Hyalomma detritum</i>	2/41 (4.8%)				
	<i>Hyalomma</i> spp	5/53 (9.4%)				
<i>R. monacensis</i>	<i>Ixodes ricinus</i>	5/13 (38.4%)				
<i>Candidatus R. Africaseptentrionalis</i>	<i>Ornithodoros erraticus</i>				M	(Buysse & Duron, 2020)
<i>Candidatus Rickettsia mauretunica</i>	<i>Ornithodoros erraticus</i>					
<i>R. conorii conorii</i>	Tiques	11/56 (19.64%)	Boumerdes et Tizi-ouzou	Bovins/ Chiens	M	(Chaouche et al, 2012)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>Rickettsia SFG</i>	<i>Ixodes inopinatus</i> (51.1 %)	El Tarf	Collecte par la technique du drapeau	M	(Daněk et al., 2024)
<i>R. monacensis</i>	<i>Ixodes ricinus</i> (59.32%)	El Tarf	Bovins	M	(Dib et al., 2009)
<i>R. helvetica</i>	<i>Ixodes ricinus</i> (20% - 43.33%)	El Traf	Bovins	M	(Dib et al., 2019)
<i>R. massiliae</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i> (63.33% -13.33%)				
<i>R. monacensis</i>	<i>Ixodes ricinus</i> (26.66% -53.33%)				
<i>R. raoultii</i>	<i>Ixodes ricinus</i> (30%)				
<i>R. aeschlimannii</i>	<i>Hyalomma dromedarii</i> 4 /96 (%)	El-Oued	Dromadaires	M	(Djerbouh et al., 2012)
	<i>Hyalomma dromedarii</i> 9/49 (%)	Ghardaïa			
<i>Rickettsia SFG</i>	<i>Hyalomma marginatum rufipes</i> 10 /26 (38.46%)	Adrar			
	<i>Hyalomma dromedarii</i> 4 /96 (4.16%)	El-Oued			
	<i>Hyalomma dromedarii</i> 9/49 (18.36%)	Ghardaïa			
	<i>Hyalomma impeltatum</i> 2/20 (10%)	El-Oued			
	<i>Hyalomma impeltatum</i> 1/4 (25%)	Bechar			
<i>R. africae</i>	<i>Hyalomma dromedarii</i> 6/139 (3.0%)	Bechar	Dromadaires	M	(Kernif et al., 2012a)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>R. helvetica</i>	<i>Ixodes ricinus</i> (4%)	Tizi ouzou	Bovins	M	(Kernif et al., 2012b)
<i>R. monacensis</i>	<i>Ixodes ricinus</i> (43%)				
<i>R. slovac</i>	<i>Dermacentor marginatus</i>	Bilda	Collecte par la technique du drapeau		
<i>R. massiliae</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 10/28 (35.7%)	Bordj Bou Arreridj et M'sila	Hérisson d'Algérie (<i>Atelerix algirus</i>) Hérisson du désert (<i>Paraechinus aethiopicus</i>)	M	(Khaldi et al., 2012)
<i>Rickettsia SFG</i>	<i>Haemaphysalis erinacei</i> 40/52 (77%)				
	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 28/160 (17.5%)				
<i>R. conorii conorii</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus s.s</i> 6/384 (1.6 %)	Djelfa et Bordj Bou Arreridj	Chiens	M	(Laatamna et al., 2022)
<i>R. massiliae</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus s.s</i> 11/384 (2.9 %)				
<i>Rickettsia spp</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus s.s</i> 7/384 (1.8%)				
<i>Rickettsia sp</i>	<i>Ixodes ricinus</i>	El Tarf	Lézard (<i>Psammmodromus algirus</i> , <i>Podarcis hispanica vaucheri</i> et <i>Lacerta pater</i>)	M	(Bousslama et al., 2009)
<i>Rickettsia SFG</i>	<i>Argas persicus</i> 3/50 (6%)	Mostaganem	Abris pour animaux	M	(Lafri et al., 2017)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>R. aeschlimannii</i>	<i>Hyalomma anatolicum excavatum</i> 6/20	El Tarf.	Bovins	(Leulmi et al., 2016)
	<i>Hyalomma scupense</i> 6/20		Bovins	
<i>R. massiliae</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 3/20 (15%)	El Tarf	Bovins	
	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 11/20 (55%)		Ovins	
	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 1/20 (5%)		Chien	
	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 8/9 (88.88%)	Souk Ahras	Sanglier (<i>Sus scrofa algira</i>)	
	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 2/2 (100%)		Mangouste (<i>Echinomon herpestis</i>)	
	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 13/23 (56.52%)		Chacal (<i>Canis aureus</i>)	
	<i>Rhipicephalus bursa</i> 2/20 (10%)		Bovins	
<i>R. slovaca</i>	<i>Haemaphysalis punctata</i> 1/1 (100 %)	Souk Ahras	Sanglier (<i>Sus scrofa algira</i>)	
	<i>Dermacentor marginatus</i> 2/3 (66.66 %)		Sanglier (<i>Sus scrofa algira</i>)	
<i>R. helvetica</i>	<i>Ixodes ricinus/ Ixodes inopinatus</i> 5/51 (9.80%)	El Tarf	Collecte par la technique du drapeau	M (Mechouk et al., 2024a)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>R. monacensis</i>	<i>Ixodes ricinus/ Ixodes inopinatus</i> 10/51 (19.60%)	El Tarf	Collecte par la technique du drapeau	M	(Mechouk et al., 2024a)
<i>R. aeschlimannii</i>		Batna	Deux patients (1.9 %)	S	(Mokrani et al., 2012)
<i>R. conorii conorii</i>			Cinq patients (4.6 %)		
<i>R. aeschlimannii</i>		Constantine et Batna	Patients	S	(Mokrani et al., 2008)
<i>R. conorii conorii</i>		Oran	Patients 53/65 (81%)	S	(Mouffok et al., 2006)
<i>Rickettsia sp</i>			Patients 63/65 (97%)		
<i>R. conorii</i>		Oran	Patients 161/248 (65 %)	S	(Mouffok et al., 2009)
<i>Rickettsia SFG</i>			Patients 191/248 (77%)		
<i>R. aeschlimannii</i>	<i>Hyalomma marginatum</i> (1)	Guelma, Annaba, et El Tarf	Bovins, Ovins, Caprins, Chevaux	M	(Sadeddine et al., 2020)
	<i>Hyalomma scupense</i> (2)				
	<i>Hyalomma impeltatum</i> (1)				
<i>R. massiliae</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i> s.l (2)				
	<i>Rhipicephalus bursa</i> (2)				
<i>Candidatus R. Barbariae</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i>				
<i>R. slovac</i>		Annaba et El Tarf	Échenillons de rates du sanglier (<i>Sus scrofa algira</i>) 5/92 (5.4%)	M	(Zeroual et al., 2018a)
<i>Rickettsia spp</i>	<i>Ixodes ricinus</i> 7/80 (8.75%)	El Tarf	Collecte par la technique du drapeau	M	(Benredjem, et al., 2014)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>Rickettsia sp</i>	<i>Ornithodoros rupestris</i>	Mostaganem	Terrier	M	(Lafri et al., 2015)
	<i>Ornithodoros occidentalis</i>		Terrier		
	<i>Ornithodoros erraticu</i>	El Tarf			
	<i>Carios capensis</i>	Algiers	Nids		
<i>Rickettsia sp</i>	<i>Ornithodoros sonrai</i>	M'sila	Terrier		
<i>R. conorii conorii</i>			Lésions cutanées des patients (25/39) 64 %	M	(Mouffok et al., 2011)
<i>R. slovaca</i>	<i>Haematopinus suis</i> 7/92 (7,61 %)		Sanglier sauvage (Sus scrofa)	M	(Zeroual et al., 2018b)
<i>Rickettsia sp</i>	<i>Hyalomma excavatum</i>	Djelfa	Bovins	M	(Abdelali et al., 2024)
<i>R. aeschlimannii</i>					
<i>R. slovaca</i>					
<i>R. conorii</i>					
<i>Babesia</i>					
<i>B. ovis</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i> 23/147 (15.6 %).	Souk Ahras	Ovins. Caprins	M	(Aouadi et al., 2017)
	<i>Rhipicephalus turanicus</i> 7/48 (14.6 %)				
<i>B. bigemina</i>		Oum El Bouaghi et Skikda	Bovins 1/89 (3.4%)	S	(Benchikh Elfegoun et al., 2017)
<i>B. bovis</i>			Bovins 33.7% 3/89		
<i>B. caballi</i>		Nord, Centre et Ouest d'Algérie	Chevaux 182/2 (1.1%)	S	(Benfenatki et al., 2022)
<i>B. bigemina</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus</i> 5/7 (71.4%)		Bovins	M	(Boularias et al., 2021)
	<i>Rhipicephalus annulatus</i> 1/1 (100%)				

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>B. bovis</i>		El Traf	Bovins (33.3%)	C	(Dib et al, 2008)
<i>Babésiose</i>		Constantine	Bovins 44/73 (60.3%)	C	(Foughali et al, 2021a)
<i>Babesia spp</i>		Mila	Ovins 6/43 (13.95%)	C	(Foughali et al, 2021b)
<i>B. bigemina</i>		Mila	Bovins 3/66 (54.5 %)	M	(Foughali et al., 2023)
<i>B. bovis</i>			Bovins 21/66 (31.8%)		
<i>B. vogeli</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus s.s</i> 11 / 50 (22%)	Djelfa et Bordj Bou Arreridj	Chiens	M	(Laatamna et al., 2022)
<i>Babesia spp</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus s.s</i> 50 (13.0 %)				
<i>B. vogeli</i>		Bouira, Sétif et Tizi Ouzou	Chiens 30/227 (13,2 %)	M	(Medkour et al., 2020)
<i>B. bovis</i>		Guelma, Annaba et El Tarf	Bovins 1/35 (3%)	M	(Sadeddine et al., 2020)
<i>B. bovis</i>		Annaba et El Tarf	Bovins 54 (5.6%)	C	(Ziam & Benaouf, 2004)
<i>B. bovis</i>		Annaba et El Tarf	Bovins 138/6 (4.3%)	C	(Ziam et al., 2016)
<i>B. bigemina</i>		Nord et Centre d'Algérie	Bovins 128 (0.4%)	C	(Ziam et al., 2017)
<i>B. bovis</i>			Bovins 128 (3.4%)		
<i>B. bigemina</i>		Région Djurdjura	Bovins 3/299 (1%)	C	(Ziam et al., 2020)
<i>B. bovis</i>			Bovins 14/299 (4.7%)		
<i>B. bovis</i>		Constantine	Bovins 5/169 (3%)	C	(Foughali et al., 2021c)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>B. canis</i>		Alger	Chiens 34/189 (17.98%)	S	(Kiouani et al, 2020)
<i>Babesia spp</i>		Tizi-Ouzou	Bovins	M	(Boularias et al, 2020b)
<i>Theileria</i>					
<i>T. ovis</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i> 50/147 (34%) <i>Rhipicephalus turanicus</i> 3/22 (13.6%)	Souk Ahras	Ovins 64/120 (53.3%) et Caprins 25/120 (20.8%)	M	(Aouadi et al., 2017)
<i>T. annulata</i>		Oum El Bouaghi et Skikda	Bovins 57/89 (94%)	S	(Benchikh Elfegoun et al, 2017)
<i>T. equi</i>		Nord, Centre et Ouest d'Algérie	Chevaux 182/71 (39%)	S	(Benfenatki et al., 2022)
<i>T. orientalis</i>	<i>Rhipicephalus bursa</i> 8/51 (15.6%) <i>Rhipicephalus spp</i> 11/50 (22%) <i>Hyalomma detritum</i> 6/41 (14.3%) <i>Hyalomma marginatum</i> 1/15 (6.6%) <i>Hyalomma spp</i> 10/53 (18.8%) <i>Ixodes ricinus</i> 6/13 (46.1%)	Région de kabylie	Bovins	M	(Boularias et al., 2021)
<i>T. annulata</i>		El Traf	Bovins 47.6%	C	(Dib et al, 2008)
<i>T. orientalis</i>			Bovins (2.4%)		

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

Theilériose		Constantine	Bovins 49/73 (67.1%)	C 1	(Foughali et al, 2021a)
<i>Theileria spp</i>		Mila	Ovins 1/43 (2.32%)	C	(Foughali et al, 2021b)
<i>T. annulata</i>		Mila	Bovins 66/66 (100%)	M	(Foughali et al., 2023)
<i>T. annulata</i>	<i>Rhipicephalus annulatus</i> (5)	Guelma, Annaba et El Tarf	Bovins, Ovins, Caprins, Chevaux	M	(Sadeddine et al., 2020)
			Bovins 4/35(11.5%)		
			Ovins 1/ 27(4%)		
<i>T. buffeli</i>	<i>Rhipicephalus annulatus</i> (1)		Bovins, Ovins, Caprins, Chevaux		
			Bovins 1/35(3%)		
<i>T. equi</i>			Bovins 1/35(3%)		
			Chevaux 2/17 (12%)		
<i>T. ovis</i>			Ovins 4/27 (15%)		
<i>T. annulata</i>		Annaba et El Tarf	Bovins 54 (53.7%)	C	(Ziam & Benaouf, 2004)
<i>T. orientalis</i>			Bovins 54 (5.6%)		
<i>Buffeli complex</i>		Annaba et El Tarf	Bovins 138 /19 (13.8%)	C	(Ziam et al., 2016)
<i>T. annulata</i>			Bovins 138/103 (74.6%)		
<i>T. annulata</i>		Nord et Centre d’Algérie	Bovins 128 (36.9%)	C	(Ziam et al., 2017)
<i>T. annulata</i>		Djurdjura	Bovins136/299 (45.5 %)	C	(Ziam et al., 2020)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>T. annulata</i>		Constantine	Bovins 65/169 (38,46%)	C	(Foughali et al., 2021c)
<i>Theileria sp</i>	<i>Hyalomma excavatum</i>	Djelfa	Bovins	M	(Abdelali et al, 2024)
<i>Theileria spp</i>		Tizi-Ouzou	Bovins	M	(Boularias et al, 2020b)
Autre					
<i>Candidatus Midichloria mitochondrii</i>	<i>Hyalomma impeltatum</i> (99.63%)	Tamanrasset	Dromadaire	M	(Hamlili et al, 2022)
<i>Hepatozoon spp</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus s.s</i> 160 POOLS/ 384 (41.10%)	Djelfa et Bordj Bou Arreridj	Chiens	M	(Laatamna et al., 2022)
<i>Hepatozoon canis</i>	<i>Rhipicephalus sanguineus s. s</i>				
<i>Hepatozoon spp</i>		Algérie	Loup doré (<i>Canis aureus</i>) 2/5 (40 %)	M	(Maia et al, 2014)
<i>Hepatozoon canis</i>		Bouira, Sétif et Tizi Ouzou	Chiens 93/227 (41 %)	M	(Medkour et al., 2020)
<i>Hepatozoon sp</i> <i>Apicomplexa</i> <i>Neoehrlichia mikurensis</i> <i>Mycoplasma sp</i>	<i>Hyalomma excavatum</i>	Djelfa	Bovins	M	(Abdelali et al, 2024)
CCHFV					
CCHFV		Tindouf, Adrar et Ghardaïa	Dromadaire (94.8%)	S	(Degui et al., 2024)
CCHFV		Laghouat, Biskra, El Oued, Touggourt et Ouargla	Dromadaire (75.5%)	S	(Guidoum et al., 2023)
CCHFV	<i>Hyalomma aegyptium</i> 16/56 (28.6%)	Laghouat	Tortue (<i>Testudo graeca</i>)	M	(Kautman et al., 2016)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

Bien que les tiques soient reconnues pour leur rôle dans la transmission de nombreux agents pathogènes, ces derniers ont également été détectés chez d'autres vecteurs (tableau 2).

Tableau 2: Agents pathogènes associés aux tiques et présents chez d'autres espèces vectrices ou hôtes (données personnelles).

Agents pathogènes / Maladies	Vecteurs	Régions	Hôtes	Méthodes de diagnostic	Références
<i>Coxiella burneti</i>	<i>Pediculus humanus</i> 10/ 524 (1.90%)	Alger, Tizi Ouzou et Boumerdes	Les personnes sans domicile fixe	M	(Louni, et al., 2018b)
<i>Anaplasma spp</i>	<i>Pediculus humanus</i> 22/524 (4.19%)			M	(Louni, et al., 2018b)
<i>Anaplasma phagocytophilum</i>	<i>Pediculus humanus</i> 4/524 (0.76%)			M	(Louni, et al., 2018b)
<i>Bartonella tamiae</i>	<i>Nycteribiidae</i> 8/11 (72.72%)	Souk Ahras	Chauve-souris (<i>Chiroptera spp</i>)	M	(Leulmi et al., 2016)
<i>Coxiella burneti</i>	<i>Archaeopsylla erinacei</i>	Bouira	Hérissons (Riens et Rates)	M	(Aouadi et al., 2022)
Pathogènes susceptibles d'être transmis par les tiques					
<i>Mycoplasma wenyonii</i>		Tizi Ouzou	Bovins 1/205 (0.5%)	M	(Boularias et al., 2020b)
<i>Candidatus M. haemobos</i>			Bovins 1/205 (0.5%)		
<i>Mycoplasma sp</i>			Bovins 1/205 (0.5%)		
<i>Bartonella chomelii</i>	<i>Hippoboscidae</i> (26/33) 78.8%	Tizi-Ouzou	Bovins (203/313) 64.85 %	S	(Boularias et al., 2020a)

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

La transmission des bartonelles par les tiques reste controversée, bien que plusieurs études suggèrent leur implication, Le tableau ci-dessous (tableau 3) présente l'ensemble des espèces de *Bartonella* identifiées en Algérie chez quelques espèces d'arthropodes vecteurs et d'animaux domestiques, ainsi que chez l'homme.

Tableau 3 : Espèces du genre *Bartonella* mises en évidence chez différentes espèces de vecteurs et d'hôtes (données personnelles).

Agents pathogènes / Maladies	Vecteurs	Régions	Hôtes	Méthodes de diagnostic	Références
<i>B. henselae</i>		Alger	Chats 36/211 (17%)	M	(Azzag et al., 2012)
<i>B. henselae</i>		Alger	Chiens 69/213 (32.4%)	S	(Azzag et al., 2015)
<i>B. vinsonii subsp. Berkhoffii</i>			Chiens 59/213 (27.7%)		
<i>Bartonella spp</i>			Chiens (7.1%)	M	
<i>B. quintana</i>		Alger	Patients 7/61 (11.5%)	S	(Benslimani et al, 2005)
<i>B. clarridgeiae</i>	<i>Ctenocephalides felis</i> (4.59%)	Alger	Chats	M	

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>B. henselae</i>		Échantillon de rate Chats 1/107 (0.93%)	(Bessas et al., 2016)
		Échantillon de rate de Chiens 1/117 (0.85%)	
	<i>Ctenocephalides felis</i> 11/87 (12.64 %)	Chats	
<i>B. vinsonii subsp. Berkhoffii</i>	<i>Xenopsylla</i> 6/62 (9.67%)	Chien	
<i>B. elizabethae</i>	Alger, Benaouali, Biskra et Tiaret	Hérissons (<i>Atelerix algirus</i>) 3/16 (18.75%)	M (Bitam et al., 2009a)
<i>B. tribocorum</i>		Hérissons (<i>Atelerix algirus</i>) 9/16 (56.25%)	
<i>Bartonella sp</i>		Hérissons (<i>Atelerix algirus</i>)	
		<i>Rattus rattus</i> 2/16 (12.5%)	
		<i>Mus spretus</i> 2/9 (22.2%)	
		<i>Psammomys obesus</i> 2/7 (28.6%)	
		<i>Meriones shawii</i> 3/12 (25%)	
<i>B. elizabethae</i>	Alger	Chiens 2/80 (2.5%)	M

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>B. vinsonii subsp. Berkh offii</i>				Chiens 2/80(2.5%)		(Kernif et al., 2010)
<i>Bartonella spp</i>				Chiens 5/80 (6.25%)		
<i>B. clarridgeiae</i>				Chiens 1/80 (1.25%)		
<i>B. quintana</i>				Humains	M	(Mainardi et al., 1996)
<i>B. clarridgeiae</i>	<i>Ctenocephalides felis</i>	Alger, Constantine, Annaba, et El Tarf		Chats	M	(Sidhoum et al., 2024)
<i>B. henselae</i>	<i>Ctenocephalides felis</i>			Chats		
<i>B. vinsonii</i>	<i>Pulex irritans</i>			Loup doré		
<i>Bartonella sp</i>	<i>Ctenocephalides felis</i>			Chats		
	<i>Pulex irritans</i>			Chiens		
	<i>Pulex irritans</i>			Loup doré		
<i>B. vinsonii</i>	<i>Pulex irritans</i>			Chiens		
<i>B. elizabethae</i>	<i>Xenopsylla cheopis</i>	Oran		<i>Rattus rattus</i>	M	(Bitam et al., 2012)
<i>B. tribocorum</i>						

Chapitre I : Maladies transmises par les tiques en Algérie

<i>Bartonella sp</i>					
<i>Bartonella sp</i>		<i>Rattus norvegicus</i>			
<i>B. elizabethae</i>					
<i>B. closely related B. rochalimae</i>					
<i>B. clarridgeiae</i>					
<i>B. elizabethae</i>	<i>Archeopsylla erinacei</i>	Hérissons			
<i>B. elizabethae</i>	<i>Leptopsylla segni</i>	(Mus spretus)			
<i>B. chomelii</i>	<i>Hippobosca equina</i>	El Tarf	Chevaux	M	(Boucheikhchoukh et al., 2019)
<i>B. melophagi</i>	<i>Hippobosca equina</i>				
<i>B. melophagi</i>	<i>Melophagus ovinus</i>	Mila	Ovins		
<i>B. quintana</i>	<i>Pediculus humanus</i>	Alger, Djelfa, Tizi Ouzou	Élèves	M	(Louni, et al., 2018a)
<i>B. quintana</i>		Établissement hospitalier, Alger	Patients 14/110 (12,72%)	S / M	(Benslimani et al, 2007)
<i>B. quintana</i>	<i>Pediculus humanus</i> 70/524 (13.35%)	Alger, Tizi Ouzou et Boumerdes	Les personnes sans domicile fixe	M	(Louni, et al., 2018b)

M : Moléculaire ; S : Sérologique ; C : Cytologique ; CL : Clinique

3.1 La Borréliose de Lyme

La borréliose de Lyme est la maladie la plus courante chez l'homme dans l'hémisphère Nord. Toutefois, sa présence a été révélée en Afrique du Nord, notamment en Tunisie, au Maroc en Algérie et en Égypte. (Doss et al., 2024).

La maladie de Lyme est une infection bactérienne due à un complexe de spirochètes (*Borrelia burgdorferi sensu lato*) comprenant plus de 22 espèces, dont trois espèces pathogènes pour l'homme. Il s'agit de *Borrelia burgdorferi sensu stricto* (s.s.) (Amérique du Nord), *Borrelia afzelii* et *Borrelia garinii* (Eurasie) (Balážová et al, 2024).

L'incidence de cette maladie ne cesse de croître partout dans le monde, notamment en Europe, où environ 65 000 à 85 000 nouveaux cas sont rapportés chaque année (HCSP, 2014). Cependant, les vrais chiffres seraient bien supérieurs, car de nombreux cas ne sont pas déclarés ou sous diagnostiqués (Reed, 2002). En Algérie, cette maladie est relativement peu étudiée et peu de cas sont déclarés. Entre 1996 et 1999, 21 cas de borréliose ont été enregistrés à Alger (Alem & Hadji, 1990). Plus tard, entre 2004 et 2006, des données sérologiques ont été fournies avec une séroprévalence globale de 1.1 % à Sétif (Lacheheb et al, 2008). La maladie a été décrite lors d'une encéphalite hémorragique aigue chez un enfant (Rousselle et al, 1989).

De nombreuses études ont signalé des cas d'infection, ainsi que la mise en évidence de plusieurs espèces de *Borrelia*, chez divers animaux (bovins, chiens, chevaux et caprins) (Azzag et al., 2015 ; Aouadi et al., 2017; Laamari et al., 2020 ; Sadeddine et al., 2020), mais également, chez plusieurs espèces de tiques vectrices, particulièrement, *Rhipicephalus sanguineus*, *R. bursa*, *R. Annulatus*, *Hyalomma detritum*, *H. aegyptium*, *Ixodes ricinus*, *I. inopinatus* et *Argas persicus* (Benredjem et al, 2014 ; Boucheikhchoukh et al., 2018 ; Ouchene et al., 2020 ; Boularias et al., 2021 ; Norte et al., 2021 ; Noureddine et al., 2023 ; Daněk et al., 2024 ; Mechouk et al., 2024a).

De plus, la présence de l'espèce *Borrelia garinii* a été confirmée dans les tiques *Ixodes ricinus* (Soualah-Alila et al, 2013 ; Benredjem et al, 2014), mais également l'espèce *Borrelia lusitaniae* dans les tiques *Ixodes ricinus* et *I. inopinatus* (Norte et al., 2021 ; Noureddine et al., 2023 ; Mechouk et al., 2024a).

Par ailleurs, pour la première fois en Algérie, l'agent de la borréliose aviaire, *Borrelia anserina*, a été mise en évidence dans les tiques *Argas persicus* (Ouchene et al., 2020). De même, qu'une nouvelle espèce, *B. spielmanii*, a été identifiée chez les tiques *Hyalomma excavatum* collectées sur des bovins (Abdelali et al., 2024).

3.2 La fièvre Q

La fièvre Q est une zoonose causée par *Coxiella burnetii*, responsable de manifestations cliniques aiguës et chroniques (Tissot-Dupont & Raoult, 2008). Elle a été reconnue comme maladie humaine pour la première fois au début des années 1930 en Australie. Les animaux sont infectés de manière asymptomatique, bien que la maladie puisse provoquer des avortement et des problèmes d'infertilité chez les ruminants (Pexara et al., 2018). La transmission à l'homme se fait principalement par l'inhalation d'aérosols contaminés (Angelakis & Raoult, 2010a).

En Algérie, bien que la fièvre Q soit qualifiée comme endémique, la connaissance de cette maladie chez l'homme reste relativement limitée. Elle a été signalée depuis 1948 à Alger, puis à l'Est (Pierrou et al., 1956) et à l'Ouest du pays (Lacheheb & Raoult, 2009). Depuis lors, l'endémicité de cette maladie a pu être confirmée, et plusieurs cas ont été identifiés (Tien-Nguyen & Bélec, 1993; Benslimani et al., 2005 ; Lacheheb et al., 2009 ; Angelakis et al., 2014 ; Ghaoui et al., 2018 ; Ghaoui et al., 2023).

Chez l'espèce animale, des études sérologiques et moléculaires ont mis en évidence l'infection par *C. Burnetii* en particulier chez le dromadaire, les bovins, les ovins, les caprins, les chevaux ainsi que chez les chiens et les chats (Khaled et al., 2016 ; Bessas et al., 2016 ; Agag et al., 2016 ; Benaissa et al., 2017 ; Derdour et al., 2017 ; Aouadi et al., 2017 ; Rahal et al., 2018 ; Dechicha et al., 2010 ; Bellabidi et al., 2020 ; Menadi et al., 2020 ; Ansel et al., 2020 ; Belhouari et al., 2022 ; Bento et al., 2023 ; Ghaoui et al., 2024). En outre, la bactérie a été identifiée chez plusieurs espèces de tiques; notamment *Hyalomma excavatum*, *H. Impeltatum*, *H. dromedarii* et *Rhipicephalus bursa* (Bellabidi et al., 2020 ; Hamlili et al., 2022), (Abdelkadir et al., 2019; Aouadi et al., 2017; Bellabidi et al., 2020 ; Hamlili et al., 2022), mais aussi chez celles prélevées sur la faune sauvage, comme *Ixodes vespertilionis*, collectée sur des chaussons-souris (Leulmi et al., 2016), *Ixodes*

hexagonus, provenant de lézards (Soualah-Alila et al, 2013), ainsi que *Haemaphysalis erinacei* et *Rhipicephalus sanguineus* prélevées sur le hérisson (Aouadi et al., 2022).

3.3 Les Rickettsioses du groupe boutonneux

Les rickettsioses transmises par les tiques sont causées par des bactéries intracellulaires obligatoires appartenant au groupe de la fièvre boutonneuse du genre *Rickettsia* (Parola et al., 2013). Dans les pays d'Afrique du Nord, au moins 10 rickettsies zoonotiques du groupe SFG (Spotted fever group rickettsiae) ont été isolées à partir des tiques ou à partir des cas humains, particulièrement *Rickettsia conorii conorii*, *R. conorii israelensis*, *R. aeschlimannii*, *R. sibirica mongolitimonae*, *R. massiliae*, *R. slovaca*, *R. raoultii*, *R. monacensis*, *R. africae* et *R. helvetica* (Abdelbaset et al, 2023).

En Algérie, la fièvre boutonneuse méditerranéenne (FBM), causée principalement par *Rickettsia conorii*, semble endémique dans la région ouest, particulièrement à Oran (Benabdellah et al., 2007 ; Seddouki et al , 2009). Par ailleurs, plusieurs cas ont été signalés à Tizi-Ouzou (Bouchaib et al , 2018 ; Bouchaib & Parola, 2023) à Batna, et à Constantine (Mokrani et al., 2008 ; Mokrani et al , 2012). En plus de l'augmentation de l'incidence de cette maladie ces dernières années, l'apparition de formes graves ont été également documentée (Mouffok et al., 2006 ; Mouffok et al., 2009). Cette constante augmentation semble associée à des facteurs climatiques (Seddouki et al., 2009).

L'infection par *Rickettsia aeschlimannii* a été rapportée pour la première fois chez deux patients au cours d'une étude menée à Batna (Mokrani et al., 2012). En outre, un cas d'infection par *Rickettsia sibirica mongolitimonae* a été décrit, chez une touriste qui semble avoir été infectée lors de son séjour dans le sud du pays (Fournier et al , 2005).

Plusieurs espèces de rickettsies ont pu être isolées en Algérie, chez diverses espèces de tiques principalement, *Rhipicephalus sanguineus*, *R. turanicus*, *R. bursa*, *Ixodes ricinus*, *Hyalomma marginatum*, *H. scupense*, *H. detritum*, *H. impeltatum*, *H. aegyptium*, *H. dromedarii*, *H. anatolicum excavatum*, *Dermacentor marginatus*, *Haemaphysalis punctata*, *H. erinacei*, *Carios capensis*, *Ornithodoros rupestris*, *O. erraticus*, *O. occidentalis* et *O. sonrai*. Parmi ces pathogènes, figurent, en particulier l'espèce *R. conorii*, responsable de la fièvre boutonneuse méditerranéenne,

R. Africae, l'agent de la fièvre à tiques africaine, *R. sibirica mongolitimonae*, responsable de la rickettsiose avec lymphangite, *R. slovaca* responsable de la lymphadénopathie à tiques (TIBOLA), ainsi que les agents des autres rickettsioses, en particulier *R. massiliae*, *R. aeschlimannii*, *R. monacensis*, *R. helvetica*, *R. raoultii* et plus récemment, *Candidatus Rickettsia barbariae* et *Candidatus Rickettsia africaseptentrionalis*. (Bitam et al., 2006 ; Bitam et al., 2009b ; Dib et al., 2009 ; Socolovschi et al., 2009 ; Khaldi et al., 2012 ; Chaouche et al., 2012 ; Djerbouh et al., 2012 ; Kernif et al., 2012 a ; Kernif et al., 2012 b ; Soualah-Alila et al., 2013 ; Benredjem et al., 2014 ; Lafri et al., 2015 ; Bessas et al., 2016 ; Leulmi et al., 2016 ; Boucheikhchoukh et al., 2018 ; Zeroual et al., 2018a ; Zeroual et al., 2018b ; Dib et al., 2019 ; Buysse & Duron, 2020 ; Sadeddine et al., 2020 ; Boularias et al., 2021 ; Aouadi et al., 2022 ; Laatamna et al., 2022 ; Benyahia et al., 2022 ; Nouredine et al., 2023 ; Mechouk et al., 2024a).

3.4 La Fièvre récurrente à tiques

La fièvre récurrente à tiques (FRT) est une maladie bactérienne causée par certaines espèces du genre *Borrelia* et transmise, principalement par des tiques molles du genre *Ornithodoros* (Fotso et al., & Raoult, 2015 ; Moutailler et al., 2015). L'infection se manifeste, cliniquement par des épisodes de fièvres à répétition avec d'autres symptômes non spécifiques (Dworkin et al., 2008).

Cette maladie, a été décrite pour la première fois, en 1866, chez des prisonniers en Algérie (Elbir et al., 2013). Plus récemment, une nouvelle espèce de *Borrelia* appelée *Candidatus Borrelia algerica* a été détectée chez un patient à Oran (Fotso et al., 2015).

Par ailleurs, des études, ont permis de signaler, plusieurs espèces de *Borrelia* dont principalement, l'espèce *B. hispanica* dans des tiques *Ornithodoros occidentalis*, ainsi que l'espèce *B. turicatae* dans des tiques *Carios capensis* (Lafri et al., 2017). En outre, la présence de *Borrelia crocidurae* a été confirmée dans des tiques *Ornithodoros sonrai* dans certaines localités Algérienne (Trape et al., 2013). Aussi, l'espèce *Borrelia theileri*, l'agent responsable de la borréliose bovine (Qiu et al., 2021), a été détectée chez les ovins et les caprins (Aouadi et al., 2017).

3.5 L'Ehrlichiose et l'Anaplasmose

Les ehrlichioses et Les anaplasmoses sont des zoonoses, causées par des bactéries intracellulaires strictes, appartenant à la famille des *Anaplasmataceae* dans l'ordre des *Rickettsiales*, provoquant ainsi chez l'homme des symptômes non spécifiques, dont l'évolution peut parfois s'avérer sévère, selon l'état immunitaire du patient (Bautista et al, 2022).

L'anaplasmose humaine (anaplasmose granulocytaire humaine) est une maladie émergente causée par *Anaplasma phagocytophilum*, principalement transmise à l'homme par les piqûres de tiques du genre *Ixodes* (Matei et al., 2019). Quoique son importance en termes de santé publique soit significative, aucun cas humain n'a été publié en Algérie jusqu'à présent, bien que cette bactérie ait été bien observée chez certaines espèces d'animaux domestiques (Dahmani, et al., 2015a ; Azzag et al., 2015 ; Laamari et al., 2020 ; Bessas et al., 2022).

D'autres espèces telles que *Anaplasma platys*, *A. ovis*, *A. marginale*, *A. centrale*, *A. bovis* ont été également rapportés chez les bovins, les ovins, les caprins, les dromadaires, les chevaux, ainsi que les chiens (Dahmani et al., 2015 a ; Dahmani et al., 2015 b ; Aouadi et al., 2017 ; Rjeibi et al, 2018 ; Reghaissia et, 2020 ; Ziam et al., 2020 ; Sadeddine et al., 2020 ; Bessas et al., 2022 ; Chadi et al., 2024).

Par ailleurs, différentes espèces de tiques du genre *Rhipicephalus* et *hyalomma*, particulièrement, *Rhipicephalus sanguineus*, *R. bursa*, *R. Turanicus*, *hyalomma detritum*, *H. dromedarii* ainsi que l'espèce *Ixodes ricinus* ont pu être identifiées comme porteuses de plusieurs espèces d'*Anaplasma*, notamment *Anaplasma phagocytophilum* , *A. platys*, *A. ovis*, *A. marginale*, *A. centrale*, et *Candidatus Anaplasma Camelii* (Soualah-Alila et al, 2013 ; Aouadi et al., 2017 ; Boularias et al., 2021 ; Hamlili et al., 2022 ; Laatamna et al., 2022).

L'ehrlichiose est reconnue depuis longtemps comme une maladie associée au bétail et aux animaux domestiques. Ce n'est qu'en 1986 que l'ehrlichiose humaine a été décrite (Johnson, 2023). Deux principales espèces du genre *Ehrlichia* sont associées à la maladie humaine, représentées par *Ehrlichia chaffeensis* (Ehrlichiose monocytaire humaine) et *Ehrlichia ewingii* (Ehrlichiose granulocytaire humaine) (Thomas et al., 2009).

La plupart des cas signalés sont décrits aux États-Unis, dont le principal vecteur est représenté par l'espèce *Amblyomma americanum*. En Algérie, aucun cas, ni agent responsable de l'ehrlichiose humaine n'a été documenté jusqu'à présent. Cependant, *Ehrlichia ewingii* a été rapportée chez des tiques *Hyalomma Aegyptium*, supposées être collectées sur des tortues d'origine algérienne, exportées illégalement vers l'Italie (Manoj et al., 2021).

Par ailleurs, plusieurs espèces du genre *Ehrlichia* peuvent infecter les chiens, dont la plus courante est *Ehrlichia canis*, responsable de l'ehrlichiose monocyttaire canine, transmise par principalement par *Rhipicephalus sanguineus* (Aziz et al., 2022). En effet, cette espèce a été décrite pour la première fois en 1935 en Algérie (Donatien & Lestoquard, 1935). Depuis lors, plusieurs études ont pu l'identifier chez les chiens (Dahmani et al., 2015 b ; Azzag et al., 2015 ; Bessas et al., 2016), mais également chez les tiques *Rhipicephalus sanguineus* et *Hyalomma impeltatum* (Bessas et al., 2016 ; Laatamna et al., 2022 ; Hamlili et al., 2022).

De plus, des espèces du genre *Ehrlichia* ont été également rapportées chez *Rhipicephalus sanguineus*, et *Haemaphysalis erinacei* (Aouadi et al., 2022). Récemment, une nouvelle espèce très similaire à l'espèce *Candidatus Ehrlichia urmitei* a été identifiée chez les tiques *Rhipicephalus annulatus* (Sadeddine et al., 2020). De même, une seconde espèce très proche à *Candidatus ehrlichia rustica* a été mise en évidence chez les tiques *Hyalomma impeltatum* (Hamlili et al., 2022).

3.6 La Piroplasmose

Les genre *Babesia* et *Theileria* sont des parasites protozoaires intra-érythrocytaires appartenant à l'ordre des *Piroplasmida*, transmis principalement par les tiques *ixodides*, responsables de maladies importantes chez l'homme et l'animal, communément appelée piroplasmoses (Mans et al., 2015). Certaines espèces de *Babesia*, peuvent infecter l'homme, néanmoins l'infection reste généralement asymptomatique. Toutefois, des complications graves peuvent survenir chez les personnes immunodéprimées (Ayeh-Kumi et al., 2022).

Actuellement, Plus de 100 espèces de *Babesia* infectent un large éventail d'animaux sauvages et domestiques dans le monde entier, et six d'entre elles ont été identifiées comme pathogènes pour

l'homme en l'occurrence, *Babesia crassa-like agent*, *Babesia divergens*, *Babesia duncani*, *Babesia microti*, *Babesia motasi*, et *Babesia venatorum* (Kumar et al , 2021).

En Algérie, jusqu'à présent, aucun cas humain de piroplasmose n'a été documenté. Cependant, en raison de l'impact économique considérable de ces maladies sur la production animale, elles ont fait l'objet d'études chez les animaux d'élevage. En effet, plusieurs piroplasmes ont été identifiées à la suite des études sérologiques, cytologiques ou moléculaires, en particulier, *Theileria annulata*, *T. bovis*, *T. ovis* *T. orientalis* *T. equi*, *Babesia bigemina*, *B. bovis*, *B. caballi* et le complexe buffeli. Ces agents ont été rapportés chez les bovins, les ovins, les caprins et les chevaux (Ziam & Benaouf, 2004 ; Dib et al., 2008 ; Ziam et al., 2016 ; Ziam et al., 2017 ; Benchikh Elfegoun et al., 2017 ; Aouadi et al., 2017 ; Ziam et al., 2020 ; Sadeddine et al., 2020 ; Benfenatki et al., 2022). L'espèce *B. vogeli*, a été mise en évidence chez les chiens (Medkour et al., 2020).

Plusieurs études ont également mis en évidence plusieurs espèces de *Babesia* y compris *Babesia ovis*, *B. bigemina* et *B. vogeli* chez plusieurs espèces de tiques, notamment, *Rhipicephalus sanguineus*, *R. bursa* et *R. turanicus*, et *R. annulatus* (Aouadi et al., 2017 ; Boularias et al., 2021 ; Laatamna et al., 2022). Trois espèces de *Theileria* ont été également ont été rapportées à savoir, *Theileria ovis*, *T. orientalis* et *T. buffeli* chez plusieurs espèces de tiques principalement, *Rhipicephalus bursa*, *R. turanicus* *R. annulatus*, *Hyalomma detritum*, *H. marginatum*, et *Ixodes ricinus* (Aouadi et al., 2017 ; Sadeddine et al., 2020 ; Boularias et al., 2021).

3.7 La Tularémie

La tularémie est une maladie hautement infectieuse causée par la bactérie *Francisella tularensis* (Maurin & Pelloux, 2014). Quatre sous-espèces étroitement apparentées ont été identifiées dont deux sous-espèces impliquées dans la maladie humaine. Il s'agit de l'espèce *Francisella tularensis subsp. Tularensis* (ou type A), la plus virulente, principalement présente en Amérique du Nord, et l'espèce *Francisella tularensis tularensis subsp. Holarctica* (ou type B), la moins virulente, répandue dans l'hémisphère Nord et en Australie (Maurin & Pelloux, 2014).

Bien que l'Afrique soit considérée comme exempte de tularémie, une méningo-radiculite aiguë a permis de révéler un cas de cette maladie chez une patiente en Algérie (Belarbi et al , 2017). La

bactérie a été détectée également chez des léporidés sauvages (Ammam et al., 2022) et, plus récemment, chez des tiques *Hyalomma excavatum* prélevées sur des bovins (Abdelali el al, 2024).

3.8 La Bartonellose

Au cours de ces dernières années, plusieurs bactéries du genre *Bartonella* ont été reconnues comme des agents zoonotiques (Alem & Hadji, 1990), et isolées sur divers réservoirs mammifères domestiques et sauvages (Boulouis et al, 2005). Bien que la transmission de ses bactéries soit assurée par des arthropodes hématophages, des rapports récents suggèrent que les tiques pourraient être considérées comme des vecteurs potentiels de *Bartonella* (Angelakis et al., 2010b).

Huit (08) espèces et sous-espèces de *bartonella* sont reconnues, actuellement comme des agents zoonotiques en particulier, *Bartonella henselae*, *B. elizabethae*, *B. grahamii*, *B. vinsonii subsp. Arupensis*, *B. vinsonii subsp. Berkhoffii*, *B. grahamii*, *B. washoensis* et plus récemment, *B. koehlerae* (Boulouis et al., 2005).

En Afrique du Nord, le premier cas de bartonellose a été signalé en 1996, en Algérie chez un patient souffrant d'une endocardite dont l'agent causal est *Bartonella quintana* (Mainardi et al., 1996). Plusieurs cas d'endocardites infectieuse à *B. quintana* ont été rapportés ultérieurement (Benslimani et al., 2005). Quoique cette espèce est connue pour être transmise principalement par le pou de corps (Boodman et al, 2024), en Algérie cette bactérie n'a jamais été rapportée chez les tiques et n'a été signalée que rarement dans les travaux de recherche (Rar et al, 2005 ; Podsiadly et al, 2009 ; Billeter et al, 2011). Toutefois, *B. quintana* a pu être mise en évidence chez les poux de corps dans le pays (Louni, et al., 2018a ; Louni, et al., 2018b).

Bien que le rôle de vecteur des tiques dans la transmission *Bartonella henselae* n'est pas encore bien établie, cette espèce a été fermement mise en évidence chez plusieurs espèces de tique. Cependant en Algérie, elle n'a jamais été décrite chez ces vecteurs. En revanche, chez les carnivores domestiques, particulièrement les chiens et les chats, des cas d'infection par *Bartonella henselae* (maladie des griffes de chat) ont été signalés (Azzag et al., 2012 ; Azzag et al., 2012 ;

Bessas et al., 2016), mais également chez les puces de chats (Bessas et al., 2016 ; Sidhoum et al., 2024).

Chez les animaux d'élevages, deux espèces de *Bartonella* ont été récemment identifiées, à savoir *Bartonella bovis* et *B. chomelii* chez des bovins, ainsi que leurs ectoparasites, principalement des tiques appartenant au genre *Rhipicephalus*, au genre *Hyalomma* et au genre *Ixodes* (Boularias et al., 2020a). De plus, la nouvelle espèce, *Bartonella dromedarii* a été détectée chez le dromadaire (Bessas et al., 2022).

Chez les arthropodes vecteurs, des espèces de *Bartonella* ont pu être identifiées chez des tiques en particulier *Rhipicephalus sanguinus*, *R. bursa*, *Hyalomma detritum*, *H. lusitanicum*, *H. excavatum* et *Argas persicus* (Boularias et al., 2021 ; Lafri et al., 2017 ; Abdelali et al., 2024). En outre, un seul rapport a signalé la présence de l'espèce *Bartonella tamiae* dans les tiques *Ixodes vespertilionis*, ainsi que dans les chauves-souris (Leulmi et al., 2016).

Par ailleurs, des recherches locales ont permis de rapporter d'autres espèces de *Bartonella*, dont certaines ont déjà été décrites chez les tiques dans la littérature. En effet, plusieurs espèces du genre *Bartonella* notamment, *Bartonella vinsonii subsp. berkhoffii*, *B. clarridgeiae*, *B. elizabethae*, *B. tribocorum*, *B. quintana*, *B. rochalimae*, *B. chomelii*, *B. melophagi* ont été identifiées chez plusieurs espèces d'animaux domestiques et sauvages, ainsi que d'arthropodes hématophages tels que des puces, des poux et des mouches (Mainardi et al., 1996 ; Benslimani et al., 2005 ; Benslimani et al., 2007 ; Bitam et al., 2009a ; Kernif et al., 2010 ; Azzag et al., 2012 ; Bitam et al., 2012 ; Azzag et al., 2015 ; Leulmi et al., 2016 ; Bessas et al., 2016 ; Louni, et al., 2018a ; Louni, et al., 2018b ; Boucheikhchoukh et al., 2019 ; Sidhoum et al., 2024).

3.9 La Fièvre hémorragique de Crimée-Congo

La fièvre hémorragique de Crimée-Congo (FHCC) est une maladie très grave, endémique dans certains pays d'Europe, d'Asie et d'Afrique (Shahhosseini et al., 2021). Il s'agit d'une zoonose, causée par un virus appartenant au genre *Orthonaviridae* de la famille des *Nairoviridae* (Garrison et al., 2019).

En Algérie, à ce jour, aucun cas d'infection humaine par le CCHFV n'a été rapporté, bien que le virus ait été déjà isolé à partir des tiques *Hyalomma Aegyptium* prélevées sur des tortues *testudo graeca* dans la région de Laghouat (Kautman et al., 2016). Récemment, des preuves sérologiques de la circulation du virus chez les dromadaires ont également été rapportées dans plusieurs régions du pays, en particulier Laghouat, Biskra, El Oued, Touggourt et Ouargla, Tindouf, Adrar et Ghardaïa (Guidoum et al., 2023 ; Degui et al., 2024).

3.10 Autres maladies transmises par les tiques en Algérie

L'hépatozoonose est une maladie parasitaire à transmission vectorielle transmise par les tiques, affectant principalement les animaux domestiques et sauvages. Elle est causée par des protozoaires du genre *Hepatozoon* et peut induire des manifestations cliniques variables allant de formes subcliniques à sévères (Uiterwijk et al, 2023). En Algérie, le genre *Hepatozoon* a été décrit dans plusieurs études chez des tiques *Rhipicephalus sanguineus* prélevées sur des chiens (Laatamna et al., 2022), ainsi que chez des tiques *Hyalomma excavatum* provenant de bovins (Abdelali el al, 2024). Ces protozoaires ont été également rapportés chez les canidés sauvages, en particulier, le loup doré (Maia et al, 2014). *Hepatozoon canis*, l'agent de l'hépatozoonose canine a été, en outre, signalisé chez des tiques *Rhipicephalus sanguineus* (Laatamna et al., 2022), et des chiens infectés (Medkour et al., 2020).

La neoehrlichiose est une maladie infectieuse émergente transmise par les tiques, causée par *Neoehrlichia mikurensis*. Cette infection bactérienne affecte principalement les personnes immunodéprimées (Tołkacz et al, 2023). En Algérie, selon l'état actuel des connaissances, aucun cas de neoehrlichiose n'a été rapporté jusqu'à présent, toutefois, la présence de *N. mikurensis* a été signalée chez les tiques *Hyalomma excavatum* (Abdelali el al, 2024).

La mycoplasmosse est une infection qui n'est pas considérée comme une maladie transmise par les tiques, néanmoins certains mycoplasmes hémotrophes, d'importance médicales, peuvent être parfois signalées chez les tiques (Arendt et al, 2024). En Algérie, un seul article a fait état de l'identification du genre *Mycoplasma* chez l'espèce *Hyalomma excavatum* (Abdelali el al, 2024). Par ailleurs, deux espèces bactériennes ont été, rapportées chez les bovins, *Mycoplasma wenyonii*

et *Candidatus Mycoplasma haemobos* (Boularias et al, 2020b) susceptibles d'être transmises par les tiques (Shi et al, 2019 ; Kim et al 2024).

4. Conclusion

En Algérie, les maladies transmises par les tiques, représentent un réel problème pour la santé publique et vétérinaire. En effet, la plupart des recherches qui ont été menées dans ce cadre révèlent une grande diversité d'agents pathogènes liés aux tiques et leur l'importance en tant que maladies humaines et animales. Cependant, malgré ces recherches, certaines maladies restent encore mal connues probablement en raison de plusieurs facteurs, particulièrement, le manque de données épidémiologiques, les limites des outils diagnostiques disponibles localement, ainsi que la faible priorité accordée à certaines maladies malgré leur importance dans le monde. De plus, l'émergence de nouveaux agents pathogènes ainsi que les changements climatiques et environnementaux compliquent davantage la compréhension et la surveillance de ces maladies.

La principale lacune soulignée sur les agents pathogènes transmis en Algérie réside dans le fait que les recherches se concentrent, principalement sur les maladies parasitaires et bactérienne que sur les maladies virales, et davantage sur les animaux domestiques que sauvages. Il est donc nécessaire d'élargir et d'approfondir ces recherches, afin d'identifier, de comprendre et de gérer ces maladies dont l'importance est encore sous-estimée dans notre pays.

**CHAPITRE II : IMPORTANCE DE LA FAUNE
SAUVAGE DANS L'ÉPIDÉMIOLOGIE DES
MALADIES À TIQUE**

1. Introduction

Plusieurs maladies, y compris des zoonoses, se rencontrent chez la faune sauvage, laquelle joue le rôle de réservoir ayant un impact sur les populations animales sauvages et domestiques, l'espèce humaine et l'économie (Kruse et al, 2004).

Les animaux sauvages sont connus comme étant des réservoirs de multiples agents pathogènes, mais également comme des hôtes amplificateurs de certaines maladies (Moutou, 2004 ; Tsao et al, 2021). Par ailleurs, la faune sauvage peut être impliquée dans de nouvelles dynamiques des maladies infectieuses et éventuellement des situations épidémiologiques très diversifiées (Moutou, 2004), déterminant parfois des processus de réémergence ou d'émergence de nouveaux agents infectieux ainsi que l'établissement de nouveaux schémas favorables aux pathogènes en termes de diffusion géographiques et de transmission inter-espèces (Dantas-Torres et al, 2012). (Tsao et al, 2021)

2. Maladies transmises par les tiques hébergées par la faune sauvage en Algérie

De nos jours, les tiques continuent d'être une préoccupation en matière de recherche en Algérie, particulièrement pour celles qui parasitent les animaux domestiques compte tenu de leur impact économique et sanitaire. Cependant, peu d'informations sont disponibles sur les tiques infestant la population sauvage et leur rôle en tant que réservoir d'agents pathogènes. Quelques travaux ont cependant, contribué à mettre en évidence la présence d'agents pathogènes chez certains animaux sauvages. En effet, Leulmi et al, en 2016 ont rapportés pour la première fois la présence de *bartonella tamiae*, un agent émergent de bartonellose humaine (Kosoy et al, 2008) chez les tiques *Ixodes vespertilionis* et dans des échantillons de rate de chauves-souris. De même que Zeroual et al, en 2018 (a), ont identifié *Rickettsia slovaka*, l'agent de la TIBOLA « Tick-Borne Lymphadenitis », sur des prélèvements du foie des sangliers sauvages. De plus, que les travaux de Aouadi et al., en 2022, ont permis de détecter à partir des prélèvements d'organes de hérissons, *Coxiella burnetii*, agent de la fièvre Q, ainsi que des espèces du genre *Bartonella*. En outre, *Francisella tularensis*,

l'agent responsable de la tularémie, a pu être mis en évidence sur des échantillons de rate et de foie prélevés sur des léporidés sauvages (Ammam et al., 2022).

Quant aux reptiles, le lézard *Psammotromus algirus*, a montré son pouvoir à héberger plusieurs pathogènes à savoir *Rickettsia helvetica*, *Rickettsia monacensis* et *Anaplasma phagocytophilum* (Soualah-Alila et al, 2013).

3. Tiques associées à la faune sauvage identifiées en Algérie

De par sa biodiversité écosystémique, l'Algérie abrite une faune sauvage hautement diversifiée. Les études précédentes menées dans le cadre de la recherche des tiques et des maladies liées aux tiques, associées à la faune sauvage ont permis de souligner la grande variété des espèces de tiques ainsi que les agents pathogènes qu'elle transmettent (Tableau 4).

Tableau 4: Espèces de tiques infestant la faune sauvage et les agents pathogènes associés en Algérie (données personnelles).

Espèces	Hôte animal	Région	Agent pathogène	Référence
<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Hérisson (<i>Atelerix algirus</i>)	Alger	<i>R. conorii</i>	(Bitam et al., 2006)
<i>Rhipicephalus sanguineus</i>			<i>R. massiliae</i>	
<i>Rhipicephalus turanicus</i>				
<i>Hyalomma aegyptium</i>	Tortue (<i>Testudo graeca</i>)	Alger (Staoueli & Sidi Fredj)	<i>R. aeschlimannii</i>	(Bitam et al., 2009b)
<i>Hyalomma aegyptium</i>	Tortue (<i>Testudo graeca</i>)	El Tarf (El Kala)	<i>Hemolivia mauritanica</i>	(Široký et al., 2009)

<i>Ixodes ricinus</i>	Lézard (<i>Psammmodromus algirus</i>) (<i>Podarcis hispanica vaucheri</i>) (<i>Lacerta pater</i>)	El Tarf (El Kala)	<i>Rickettsia sp.</i>	(Bouslama et al, 2009)
<i>Ixodes Ricinus</i>	Rat noir (<i>Rattus Rattus</i>)	El Tarf (El Kala)		(Becir et al, 2012)
<i>Haemaphysalis erinacei</i>	Hérissons (<i>Atelerix algirus</i>) (<i>Paraechinus aethiopicus</i>)	M'Sila & Bordj- Bou-Arreridj	<i>Rickettsiae SFG</i>	(Khaldi et al., 2012)
<i>Rhipicephalus sanguineus</i>			<i>Rickettsiae SFG</i> <i>R. conorii</i> <i>R. massiliae</i>	
<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Chauve-souris (<i>Hypsugo savii</i>) (<i>Myotis punicus</i>) (<i>Myotis schreibersii</i>)	Nord-Est algérien		(Bendjeddou, et al, 2013)
<i>Rhipicephalus turanicus</i>	Sanglier sauvage (<i>Sus scrofa</i>)	Annaba, El Tarf		(Zeroual et al., 2014)
<i>Dermacentor marginatus</i>				
<i>Hyalomma marginatum</i>				
<i>Ixodes ricinus</i>			<i>R. slovaca</i> (échantillons de rates sanglier)	Zeroual et al., 2018a)

<i>Rhipicephalus turanicus</i>	Hérisson (<i>Atelerix algirus</i>)	Annaba (Seraïdi)		(Sakraoui et al 2014)
<i>Rhipicephalus bursa</i>				
<i>Ixodes ricinus</i>				
<i>Hyalomma marginatum</i>	Chardonneret élégant (<i>Carduelis carduelis</i>)	Alger		(Baziz-Neffah et al., 2015)
<i>Ixodes ricinus</i>	Hérisson (<i>Atelerix algirus</i>)	El Tarf (El-kala)		(Becir et al, 2015)
<i>Rhipicephalus sanguineu</i>				
<i>Ixodes ricinus</i>	Lézard (<i>Psammmodromus algirus</i>) (<i>Podarcis hispanica vaucheri</i>) (<i>Timon pater</i>)	Annaba (Seraïdi)		(Soualah-Alila et al, 2015)
<i>Ixodes ricinus</i>	Lézard (<i>Psammmodromus algirus</i>) (<i>Podarcis vaucheri</i>) (<i>Timon pater</i>)	Annaba (Seraïdi)		(Soualah-Alila et al, 2015)
<i>Hyalomma aegyptium</i>	Tortue (<i>Testudo graeca</i>)	Laghouat (Aflou)	<i>AP92-like</i> CCHFV	(Kautman et al, 2016)
<i>Hyalomma aegyptium</i>	Tortue (<i>Testudo graeca</i>)	El Kala, Djelfa, Laghouat et Aflou		(Tiar et al, 2016)

<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Sanglier (<i>Sus scrofa</i>)	Souk Ahras (Ouled Driss)	<i>R. Massiliae</i>	(Leulmi et al., 2016)
<i>Dermacentor marginatus</i>			<i>R. slovaca</i>	
<i>Haemaphysalis punctata</i>				
<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Chacal		<i>R. Massiliae</i>	
<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Mangouste		<i>R. Massiliae</i>	
<i>Ixodes ricinus</i>				
<i>Ixodes vespertilionis</i>	Chauve-Souris			
<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Hérissons			
<i>Ixodes hexagonus</i>				
<i>Ixodes vespertilionis</i>	Chauve-souris (<i>Myotis punicus</i>)	El tarf (El Kala)		(Bendjeddou et al, 2016)
<i>Ixodes vespertilionis</i>	Chauve-souris (<i>Myotis capaccinii</i>) (<i>Myotis emarginatus</i>) (<i>Myotis punicus</i>)	Nord-Est algérien		(Bendjeddou et al, 2017)
<i>Hyalomma dromedarii</i>	Chauve-souris (<i>Pipistrellus kuhlii</i>)			
<i>Ixodes ricinus</i>	Chauve-souris (<i>Rhinolophus hipposideros</i>)			

<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Hérisson (<i>Atelerix algirus</i>)	El Tarf		(Boucheikhchoukh et al., 2018)
<i>Rhipicephalus bursa</i>				
<i>Hyalomma aegyptium</i>	Tortue (<i>Testudo graeca</i>)	El Tarf	<i>Borrelia spp</i> <i>R. Africae</i>	
<i>Ixodes vespertilionis</i>	Chauve-souris (<i>Rhinolophidae blasii</i> , <i>R. ferrimequinum</i> , <i>R. Euryale</i> , <i>Miniopteridae punicus</i> , <i>M. capaccini</i> , <i>M. schreibersii</i>)	El Tarf, Guelma, Tébessa et Khenchela		(Khelfaoui et al, 2018)
<i>Ixodes vespertilionis</i>	Chauve-souris (<i>Rhinolophus blasii</i> et <i>R. ferrumequinum</i>) <i>Miniopterus schreibersii</i>	Blida (Chrea)		(Bendjoudi et al., 2019)
<i>Ixodes ricinus</i>	<i>Eptesicus isabellinus</i> <i>Pipistrellus kuhlii</i>			
<i>Rhipicephalus bursa</i>	Hérisson (<i>Atelerix algirus</i>)	Berrihane (El Tarf)		(Senaoui et al, 2020)
<i>Rhipicephalus turanicus</i>				
<i>Ixodes hexagonus</i>				
<i>Hyalomma aegyptium</i>	Tortue (<i>Testudo graeca</i>)	El Tarf	<i>B. turcica</i> <i>R. africae</i> <i>R.aeschlimannii</i> <i>R. sibirica mongolitimonae</i>	(Benyahia et al., 2022)

<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Hérisson (<i>Atelerix algirus</i>)	Bouira	<i>C. burnetii</i> <i>R. massiliae</i> <i>Ehrlichia spp</i>	(Aouadi et al., 2022)
<i>Haemaphysalis erinacei</i>			<i>C. burnetii</i> <i>Rickettsia spp</i> <i>Ehrlichia spp</i> <i>Bartonella spp</i>	
			<i>C. burnetii</i> (échantillons de reins) <i>Bartonella spp</i> (échantillons de rates)	
<i>Rhipicephalus (Boophilus) annulatus</i>	Goundi de l'Atlas (<i>Ctenodactylus gundi Rothmann</i>)	Batna		(Meddour et al, 2022)
<i>Rhipicephalus sanguineus</i>	Rat noir (<i>Rattus rattus</i>)	Touggourt		(Randa et al, 2022)
<i>Ixodes lividus</i> <i>Ixodes frontalis</i>	Hirondelle de fenêtre (<i>Delichon urbica</i>)	Tebessa		(hind et al, 2022)
<i>Rhipicephalus pusillus</i> <i>Ixodes ricinus</i>	Lièvre du Cap (<i>Lepus capensis</i>) Lapin de garenne	Tipaza, Médéa, et Ain Defla	<i>F. tularensis</i> (Échantillons de foies et de rates)	(Ammam et al., 2022)
<i>Rhipicephalus spp</i> <i>Hyalomma spp</i>	(<i>Oryctolagus cuniculus</i>)			
<i>Ixodes ricinus</i> <i>Ixodes inopinatus</i>	Loup doré Africain (<i>Canis lupaster</i>)	El Tarf		(Mechouk et al, 2024b)

4. Conclusion

Malgré la vaste étendue du territoire algérien, ainsi que sa grande diversité biologique et bioclimatique, les recherches menées sur les parasites de la faune sauvage, en particulier les tiques et les maladies qu'elles transmettent, demeurent limitées. Les études, aussi rares soient-elles, menées sur la faune sauvage et les agents pathogènes associés reflètent l'importance de ces derniers dans l'épidémiologie des maladies à tiques. De ce fait, il paraît essentiel d'encourager davantage d'études relatives à la faune en question afin d'identifier et mieux cerner ces maladies.

CHAPITRE III : LA FIÈVRE HÉMORRAGIQUE DE CRIMÉE-CONGO

1. Introduction

La fièvre hémorragique de Crimée-Congo est l'une des arbovirose zoonotique graves transmises par les tiques, causée par un virus appartenant au genre *Orthonairovirus* de la famille des *Nairoviridae* (Garrison et al., 2019). Cette maladie a été décrite pour la première fois en 1944 en Crimée, avant que le virus soit isolé au Congo en 1956, d'où il a reçu son nom actuel virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (Temur et al, 2021).

Cette maladie est largement répandue dans plusieurs pays d'Europe, d'Asie et d'Afrique. Cependant, elle n'a jamais été signalée en Europe du Nord, en Australie et en Amérique. (Shahhosseini et al., 2021). La répartition géographique du CCHFV est généralement tributaire à la distribution de son vecteur, qui serve parfois de vecteur et de réservoir (Belobo et al., 2021), néanmoins, la répartition des cas humains est relativement moins étendue que celle du virus (Morillon & Tolou, 1998).

Depuis ces dernières d'années, les cas de FHCC ne cessent d'augmenter avec un taux de mortalité élevé, pouvant atteindre jusqu'à 50 % , notamment en Afrique, Asie du Sud-Est, et la Méditerranée orientale, quoique les données épidémiologiques restent toujours incertaines (Mendoza et al.,2018 ; Belobo et al., 2021), ce qui constitue une menace potentielle pour la santé publique, d'autant plus en l'absence de traitement spécifique ou de vaccin approuvé afin de prévenir les infections au CCHFV (Salehi-Vaziri et al., 2016).

2. Distribution géographique

La fièvre hémorragique de Crimée Congo est la maladie la plus largement rependue que toutes les autres maladies virales transmises par les tiques, et est ainsi endémique dans plusieurs pays d'Afrique, d'Asie, d'Europe du Sud-Est et du Moyen-Orient (Whitehouse, 2008; Messina et al., 2015) (**Figure 5**).

Des cas d'infection par le CCHFV ont été signalés en Afrique (Burkina Faso, République démocratique du Congo, Kenya, Mauritanie, République du Congo, Sénégal, Afrique du Sud, Soudan, Tanzanie, Ouganda), en Asie (Afghanistan, Arménie, Chine, Géorgie, Inde, Iran, Irak, Kazakhstan, Koweït, Kirghizstan, Oman, Pakistan, Russie, Arabie saoudite, Tadjikistan, Turquie, Turkménistan, Émirats arabes unis, Ouzbékistan) et en Europe (Albanie, Bulgarie, Grèce, Hongrie, Kosovo, Macédoine, Russie, Serbie, Espagne, Serbie, Turquie, Ukraine). En outre, des preuves de la circulation du virus ont été mises en évidence dans d'autres pays où aucun cas n'a encore été signalé (Algérie, Bénin, République centrafricaine, Égypte, Éthiopie, Koweït, Madagascar, Maroc, Nigeria, Roumanie, Somalie, Tunisie, Zimbabwe) (Ryan et al, 2019).

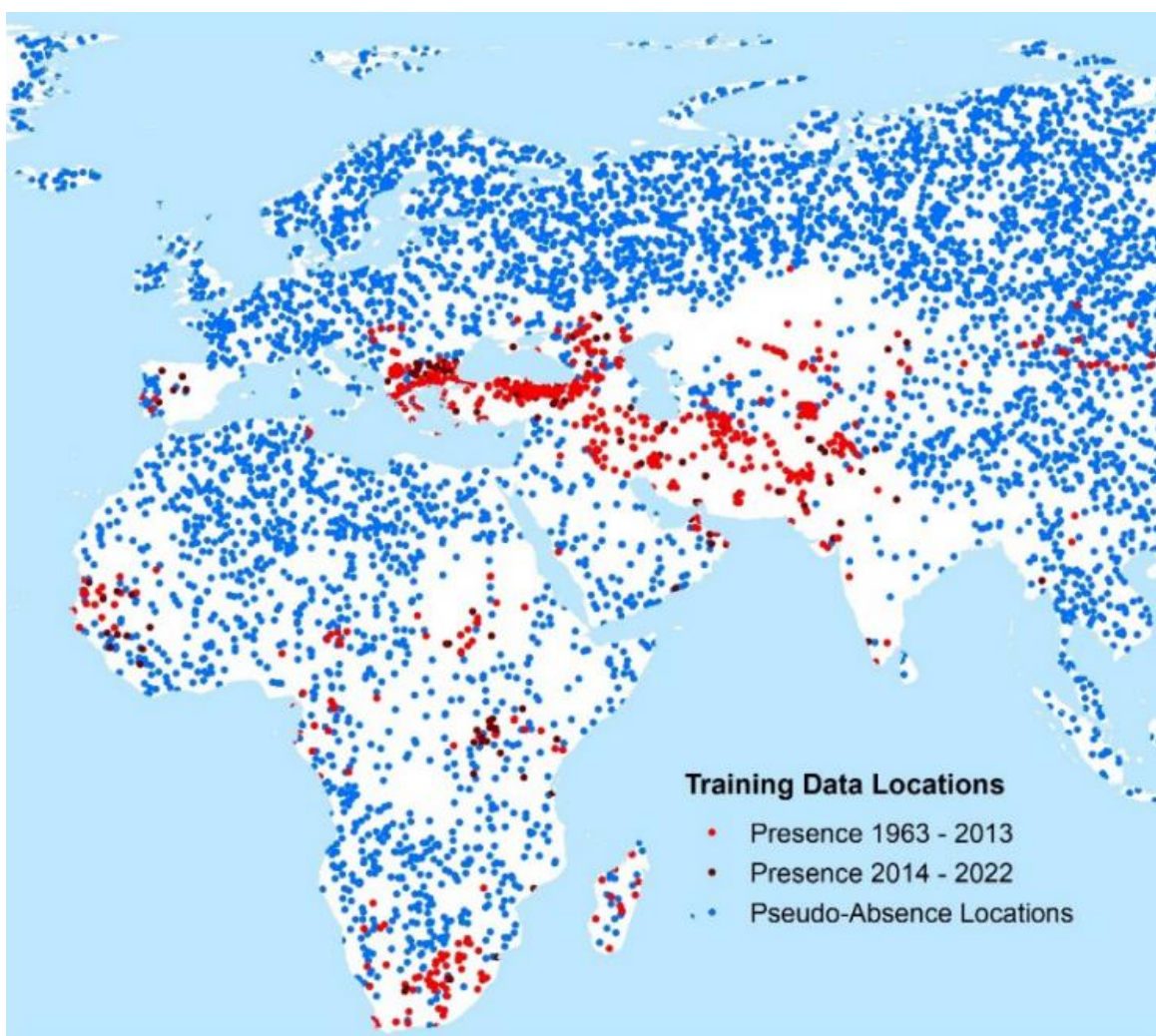


Figure 5: Répartition mondiale du virus de la fièvre de Crimée-Congo (Messina, 2023).

3. Agent pathogène

Le CCHFV est un virus de forme sphérique, d'environ 90-100 nm de diamètre (Hawman & Feldmann, 2023), à ARN, enveloppé, appartenant à l'ordre des *Bunyavirales*, à la famille des *Nairoviridae* et au genre *Orthonairovirus* (Garrison et al., 2019). Le génome est constitué d'un ARN simple brin, linéaire, tripartite, de polarité négative, comprenant un segment dit petit (S), moyen (M) et grand (L) (Shayan et al, 2015 ; Dai et al., 2023). Les segments, S (3 kb), M (6,8 kb) et L (12 kb), codent respectivement pour la nucléoprotéine (NP), les glycoprotéines d'enveloppe (GP) et l'ARN polymérase ARN-dépendante (RdRp) (Dai et al., 2023). Les glycoprotéines virales Gn et Gc se trouvent à la surface, impliquée dans la fixation des virions à la surface des cellules hôtes (Aslam et al., 2016 ; Freitas et al., 2022) (**Figure 6**).

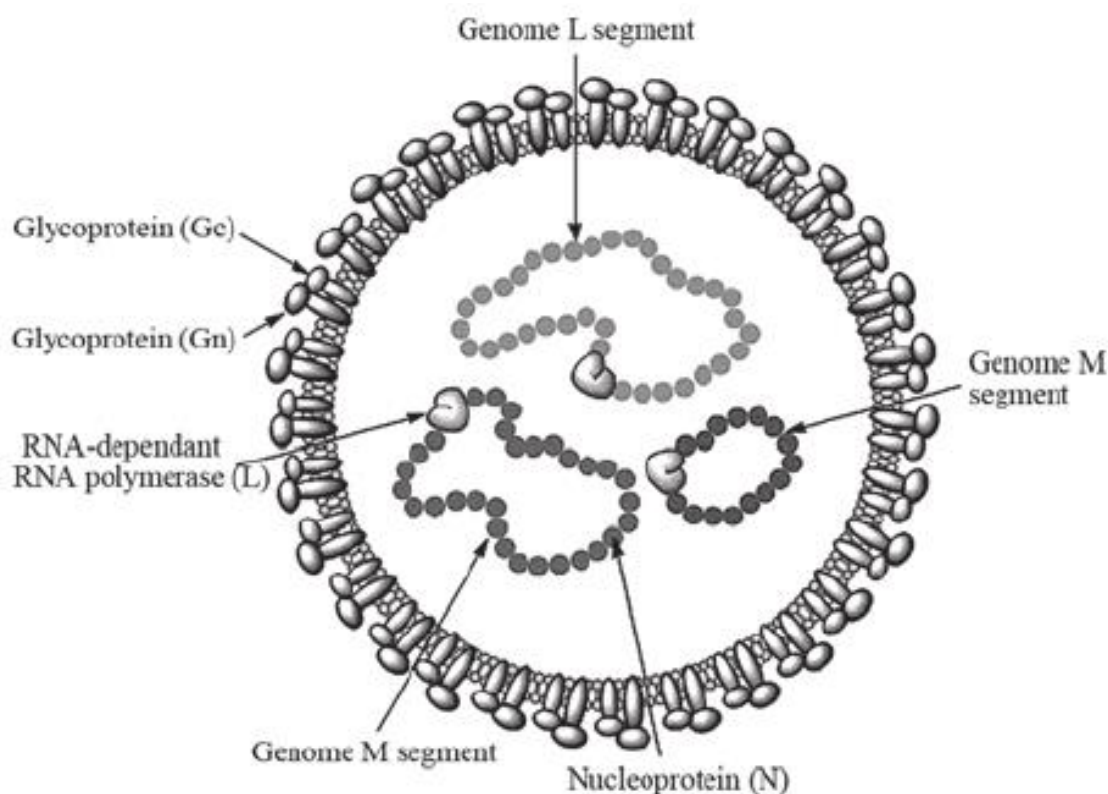


Figure 6: Structure du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (Burt et al, 2007).

L'avènement de nouvelles techniques d'analyses moléculaires ont révélés une grande diversité génétique du CCHFV que les autres virus transmis par les tiques, revalant par ainsi une grande dispersion géographique de ce dernier (Portillo et al., 2021).

Les résultats phylogénétiques basés sur l'analyse du segment S semblent avoir une forte relation avec la distribution géographique du virus (Hewson, 2007 ; Zhou et al., 2013; Shahhosseini et al., 2021), mais aussi à l'espèce de tique vectrice (Tonbak et al., 2006).

Actuellement, le CCHFV est considéré comme l'un des arbovirus les plus diversifiées génétiquement (Salehi-Vaziri et al., 2016), sept principaux clades ont été proposés regroupant les différentes souches de CCHFV sur la base des données phylogénétique du segment S comme suit : clade I (Afrique 2), clade II (Afrique 1), clade III (Europe 2), clade IV (Afrique 3), clade V (Europe 1), clade VI (Asie 1) et clade VII (Asie 2) (Shahhosseini et al., 2021) (**Figure 7**).

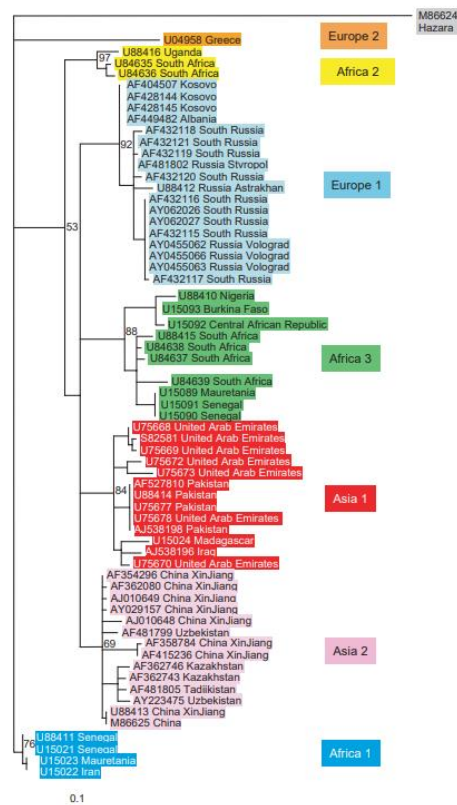


Figure 7: Lignées génétiques du CCHFV, basées sur le segment S du génome (Hewson, 2007)

4. Modes de transmission du CCHFV

En général, dans la nature le CCHFV circule dans un cycle enzootique silencieux tiques-vertébrés-tiques, dont l'homme est considéré comme un hôte accidentel (Maltezou & Papa, 2010).

Bien que le CCHFV soit principalement transmis par les morsures de tiques, les humains peuvent également être infectés par contact direct avec le sang, les fluides biologiques ou les tissus des sujets infectés. (Bhowmick et al., 2022).

La transmission nosocomiale est assez fréquemment rapportée (Tsergouli et al., 2020). La transmission par voie aérienne via des aérosols contaminés, et la voie sexuelle sont toujours possibles (Pshenichnaya & Nenadskaya, 2015 ; Pshenichnaya et al., 2016). Des cas de transmission mère-enfant ont été également rapportés (Saijo et al., 2004 ; Ergonul et al., 2010) (**Figure 8**).

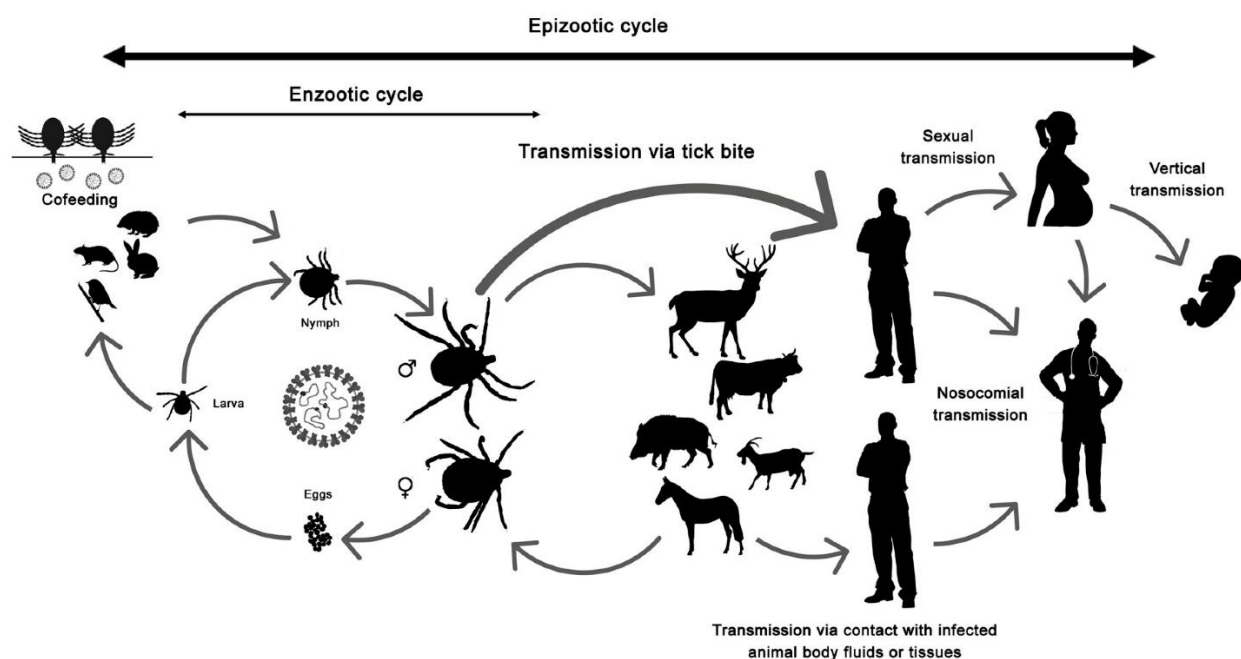


Figure 8: Cycle et modes de transmission du CCHFV (Portillo et al., 2021).

5. Rôle des tiques et des animaux dans l'épidémiologie de la FHCC

Le CCHFV a été isolé à partir de diverses espèces de tiques, néanmoins, les tiques du genre *Hyalomma* sont reconnues comme étant le principal vecteur du virus, et qui servent également de réservoir (Whitehouse, 2008 ; Burt & Goedhals, 2015) , capables de maintenir l'infection pendant tous leurs cycle de vie d'une manière trans-stadiale, mais aussi de la transmettre aux nouvelles générations par voir trans-ovarienne (Whitehouse, 2008 ; Burt & Goedhals, 2015), et éventuellement aux autre espèces de tiques par co-infection, ce qui contribue par conséquence au maintien des foyers endémiques (Belobo et al., 2021).

Par ailleurs, des épreuves moléculaires et sérologiques ont permis de décrire le CCHFV chez une large gamme d'espèces animales domestiques et sauvages (Whitehouse, 2008), impliqués en tant que hôtes réservoirs asymptomatiques, et parfois amplificateurs (Belobo et al., 2021; Bernard et al., 2022), toute en contribuant par ainsi à la circulation virale dans la nature, dans un cycle enzootique silencieux tique-vertébré-tique. (Whitehouse, 2008 ; Belobo et al., 2021 ; Nurettin et al., 2022).

6. Pathogénie

Bien que la fièvre hémorragique de Crimée-Congo soit une maladie largement répandue, et documentée dans plusieurs pays à travers le monde, la pathogénèse n'est pas encore totalement bien connue, suite aux entraves liées à la manipulation du virus, qui nécessitent des laboratoires BSL-4, et en l'absence des modèle animaux appropriés. Cependant, la pathogénie est supposée d'être similaire à celles d'autres fièvres hémorragiques virales (Bray, 2007 ; Akinci et al, 2013 ; Bente et al., 2013 ; Raut et al., 2020 ; Frank et al, 2024).

En général, les patients infectés par le CCHFV présentent des troubles de la coagulation avec une fuite plasmatique dans les tissus, ce qui induit de ce fait l'hypotension, et l'état de choc hypovolémique ainsi que la défaillance multiviscérale dans le cas graves. D'autres symptômes et signes incluant, l'hépatomégalie, la splénomégalie, la cytolyse hépatique, la thrombopénie, qui conduisent souvent avec la coagulopathie à un syndrome hémorragies (Papa et al , 2017).

L'exposition à une morsure de tique infectée constitue la voie d'infection la plus courante particulièrement chez l'homme. En effet, après une morsure, le virus traverse en premier lieu l'épithélium et la réplication aura lieu ensuite dans les cellules endothéliales des petits capillaires sanguins, les macrophages et les cellules dendritiques (Frank et al., 2024).

Selon les théories classiques, l'endothélium peut être activé directement par le virus et / ou indirectement par l'intermédiaire des cellules immunitaires avec libération ultérieure de médiateurs humoraux (Connolly-Andersen et al., 2009 ; Connolly-Andersen, 2010 ; Akıncı et al., 2013).

L'infection productive de ces cellules facilite la dissémination du virus vers les ganglions lymphatiques régionaux, la rate et les d'autres organes, ce qui favorise en conséquence la propagation systémique du virus (Connolly-Andersen, 2010 ; Papa et al., 2017; Ryan et al., 2019).

L'infection et l'activation des cellules dendritiques, des monocytes ou des macrophages induit la libération des cytokines pro-inflammatoires, des chimiokines, du NO et d'autres médiateurs d'inflammation, qui contribuent ainsi à endommager l'endothélium. Par ailleurs, les lésions endothéliales et l'altération de la réponse immunitaire semblent jouer un rôle important dans la progression clinique et la gravité de la maladie. (Akıncı et al., 2013 ; Papa et al., 2017).

La libération excessive de cytokines et des molécules solubles active les cellules endothéliales, entraînant la vasodilatation, l'augmentation de la perméabilité vasculaire, et par conséquent, une hypotension, et l'altération fonctionnelle de plusieurs organes conduisant éventuellement à un état de choc. Par ailleurs, l'hyperactivation des monocytes et des macrophages entraîne une phagocytose excessive, qui se traduit par une cytopénie sévère, une splénomégalie et un syndrome hémophagocytaire signalé chez 50 % des patients (Tasdelen Fisgin et al., 2008 ; Akıncı et al., 2013 ; Papa et al., 2017).

Aussi, les lésions endothéliales, stimulent l'agrégation et la dégranulation des plaquettes, ainsi que l'activation de la cascade de coagulation intrinsèque, entraînant une coagulation intravasculaire disséminée (CIVD), associée à une thrombopénie, ainsi qu'une baisse des taux de facteurs de coagulation, qui en plus de l'insuffisance hépatique pouvant induire des manifestations hémorragiques, l'un des principaux signes de la maladie, rapportées dans les cas graves. (Whitehouse, 2008 ; Papa et al., 2017)(**Figure 9**).

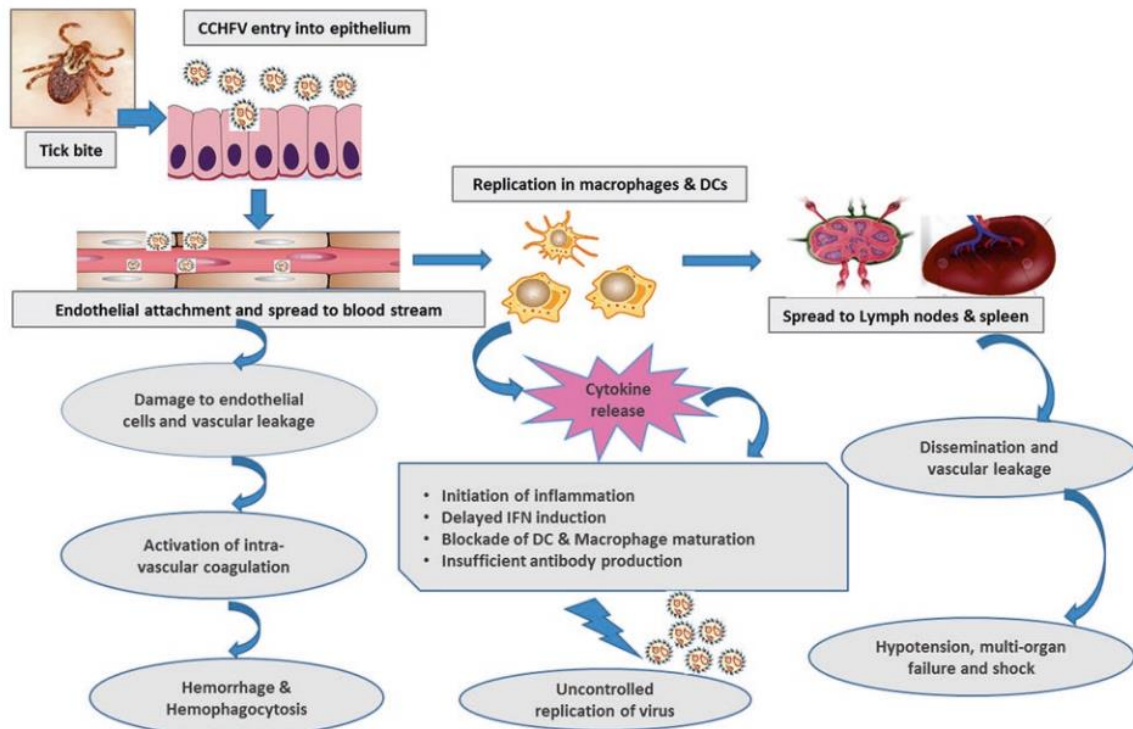


Figure 9: Pathogénie de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (Akıncı et al., 2013).

7. La maladie humaine

Chez l'homme, les symptômes sont généralement bénins et non spécifiques, pouvant évoluer parfois vers une maladie fébrile et hémorragique grave, et quelques fois mortelles. Quatre phases évolutives peuvent être distinguées à savoir : la phase d'incubation, pré-hémorragique, hémorragique et convalescence (Ergönül, 2006) (**Figure 10**).

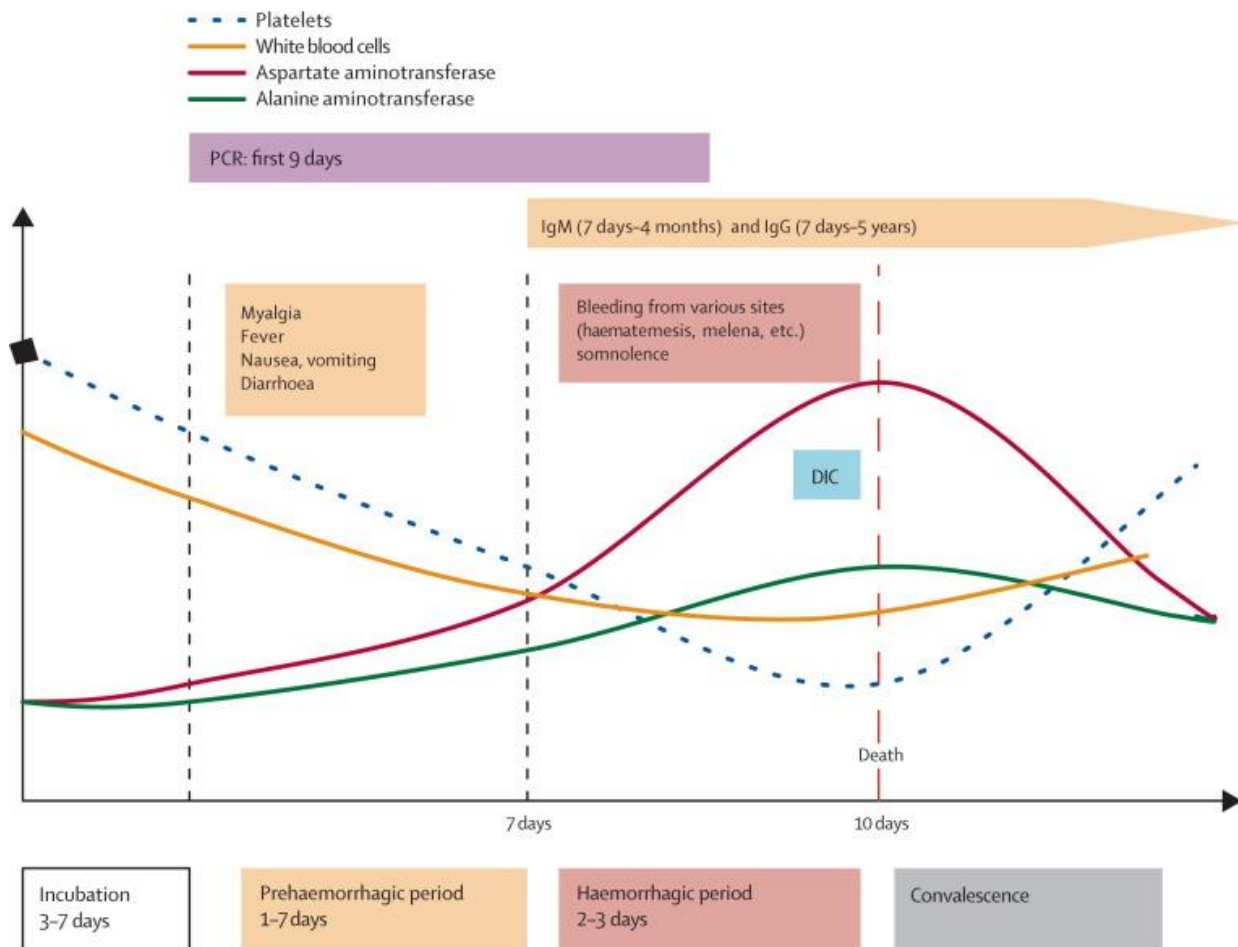


Figure 10: Évolution clinique et biologique de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (Ergönül, 2006).

La période d'incubation dépend généralement du mode de transmission de la maladie et à la doses infectieuses. Elle dure généralement de 1 à 3 jours suite aux morsures de tiques, mais elle semble parfois plus longue après l'exposition au sang, aux fluides biologiques et au tissu des animaux ou humain infectés (Hawman & Feldmann, 2023). La phase pré-hémorragique survient dans un deuxième temps, caractérisée par un syndrome non spécifique, durant laquelle les patients présentent une forte fièvre, des céphalées, souvent accompagnées de nausées et de vertiges, ainsi que des arthralgies et des myalgies. Des symptômes digestifs comme les nausées, les vomissements, les douleurs abdominales et moins fréquemment les diarrhées, peuvent également être observés (Bray, 2007 ; Boushab et al, 2020). Des troubles neuropsychiatriques et cardiovasculaires peuvent être associés (Whitehouse, 2004) .

Plus tard, entre le 4^{ème} et le 5^{ème} jour après le début de la maladie, des signes de diathèse hémorragique d'évolution rapide vont être installés, accompagnés de pétéchies, des ecchymoses, ainsi que des saignements, parfois importants, comprennent, l'hématémèse, le melaena, l'hématurie, l'épistaxis, les saignements vaginaux et gingivaux. (Çevik et al., 2008 ; Boushab et al., 2020) (**Figure 11**).

Dans les cas les plus graves, des complications peuvent survenir, mettant en jeu le pronostic vital, dont les plus courantes sont l'hémorragie, la (CIVD), le syndrome de défaillance multiviscérale (SDMV) et l'état de choc (Kouhpayeh, 2019 ; Rasikh et al., 2023 ; Patel et al., 2023). La mort survient généralement au cours de la deuxième semaine de la maladie. Le taux de létalité de la FHCC, dépend de la sévérité des symptômes, atteignant les 60 % dans certaines épidémies. Dans les meilleurs cas, une amélioration est observée 9 à 10 jours après le début des symptômes, qui peut être relativement longue chez certains (Ergönül, 2006).



Figure 11: Grands hématomes chez un patient atteint de fièvre hémorragique de Crimée-Congo le 10^{ème} jour de maladie (Papa et al., 2018a).

8. La maladie animale

Contrairement à l'infection chez l'homme, les animaux infectés par le CCHFV ne présentent aucun symptôme, ni de signes cliniques significatifs. En revanche, quel que soit le niveau de virémie développé, de fortes prévalences ont été observées lors des enquêtes séro-épidémiologiques chez une vaste ventaille d'animaux sauvages et domestiques, ce qui suggère l'importance de ces derniers dans l'épidémiologie de la FHCC (Garrison et al., 2019).

Les mécanismes de pathogénèses jusqu'à l'heure actuelle sont encore insuffisamment compris, principalement à cause du manque des modèles animaux, et les limites des conditions expérimentales des modèles disponibles. Ces mécanismes sont établis en grande mesure sur des états de dysfonctionnement du système immunitaire, et l'emploi des souches adaptées, ce qui contribue en conséquent à reproduire pour certaines situations, les formes d'une maladie sévère, parfois mortelle, et des symptômes similaires à ceux développés par l'homme (Garrison et al., 2019 ; Anses, 2023), ce qui limitent donc la possibilité d'approfondir les connaissances sur la pathogénèse de la FHCC, ainsi que les essais vaccinaux et thérapeutiques (Anses, 2023).

9. Diagnostic

Les tests de diagnostic de l'infection par la maladie de la FHCC font appel à plusieurs méthodes, les plus couramment utilisées étant l'isolement viral, les tests moléculaires et les tests sérologiques. Le choix des tests pour un diagnostic plus sensible et plus spécifique, dépend du stade de la maladie, et des échantillons disponibles (Bartolini et al., 2019 ; Mazzola & Kelly-Cirino, 2019) (**Figure 12**).

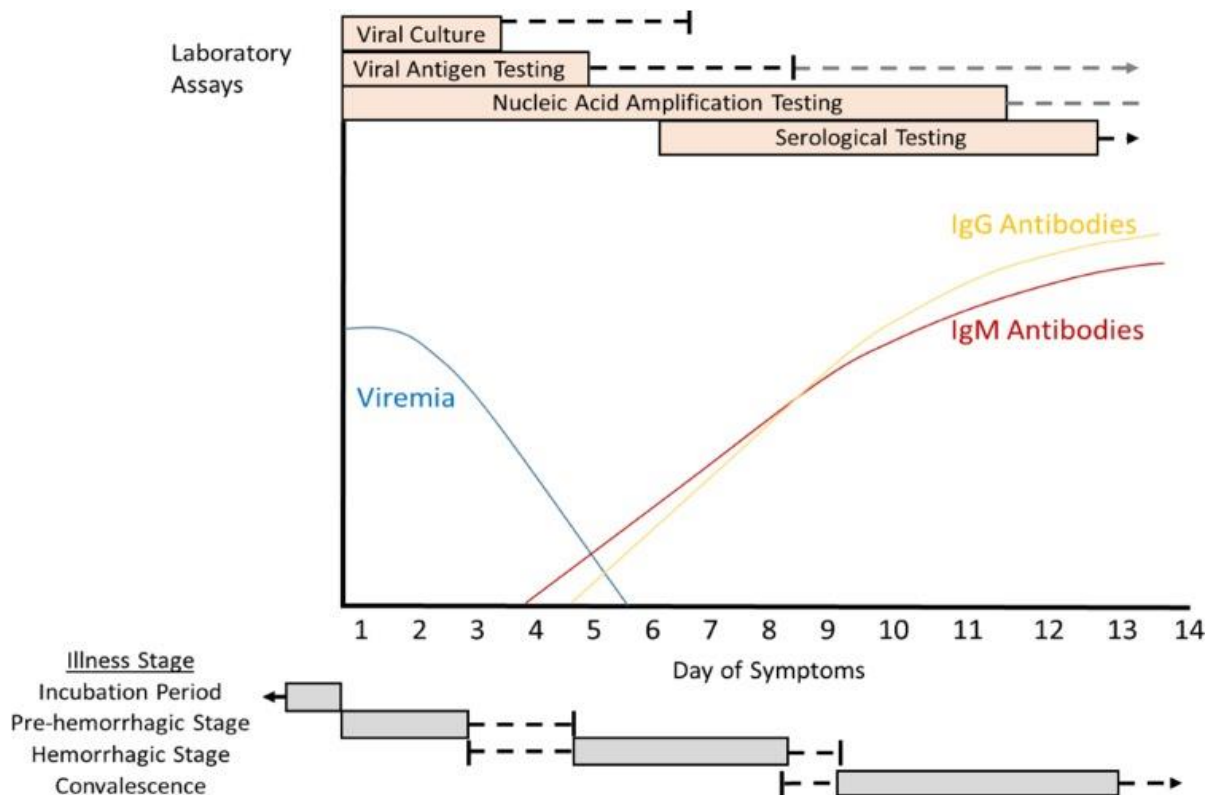


Figure 12: Tests diagnostiques adaptés à chaque stade d'infection par le CCHFV (Raabe, 2020).

9.1 Diagnostic direct

Le diagnostic direct repose principalement sur des méthodes moléculaires d'amplification génique et occasionnellement des cultures virales, ce qui offrent une grande sensibilité de détection de l'infection active à ses stades précoces, avant même que les anticorps ne soient encore produits. (De Liberato et al., 2018 ; Mazzola & Kelly-Cirino, 2019).

9.1.1 Isolement viral

Isolement du viral peut se réaliser par culture sur plusieurs lignées cellulaires (*SW-13*, *Vero*, *LLC-MK2*, *BHK-21* et *CER.1*) avec l'exigence d'un niveau de biosécurité P4 (BSL-4). Les isolats seront obtenus par la suite entre 2 à 10 jours. En raison du faible effet cytopathogène produit par certaines souches du CCHFV, la présence du virus doit être confirmée par immunofluorescence ou par des

tests moléculaires (Shayan et al., 2015 ; Bartolini et al., 2019 ; Manuguerra & Vanhomwegen, 2024).

La culture virale présente l'avantage de permettre la détection d'une grande diversité des souches du CCHFV. En contrepartie, l'isolement du virus est rarement utilisé comme outil de diagnostic, en raison du niveau de confinement de biosécurité rigoureux qu'il requiert P4 (BSL-4) (Mazzola & Kelly-Cirino, 2019).

9.1.2 Tests moléculaires

Le génome du CCHFV peut être détecté grâce à des méthodes moléculaires d'amplification génique à partir du sérum, du sang et des tissus infectés. Généralement, l'ARN viral est détectable jusqu'au 16-ème jour de la maladie (Shayan et al., 2015). Afin d'éviter d'éventuelles risques biologiques lors de la manipulation des échantillons potentiellement infectieux, l'inactivation viral doit être une étape impérativement importante (Zeller, 2007; Raabe, 2020).

La grande diversité génétique des souches du CCHFV limite les performances des examens moléculaires et rend difficile la mise au point d'un essai véritablement universel (Bartolini et al., 2019 ; Raabe, 2020)

Les techniques basées sur La RT-PCR (Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction), sont les plus recommandées pour la détection du CCHFV car elles sont sensibles, spécifiques et rapides, en ciblant la région du gène de la nucléoprotéine dans segment S, la plus conservée du génome chez plusieurs souches (Shayan et al., 2015).

Au cours de des dernières années, des approches de RT-PCR en temps réel ont été également développées en vue de la détection et la quantification virale, et par conséquent, l'évaluation de la présence et la gravité de la maladie (Zeller, 2007 ; Shayan et al., 2015).

9.2 Diagnostic indirect

Le diagnostic indirect peut faire appel à plusieurs techniques sérologiques dès que la réponse immunitaire est induite, par la recherche des anticorps spécifiques, soit par la méthode ELISA ou par immunofluorescence (IFA). La détection sérologique est moins affectée par les variations génomiques mineures (De Liberato et al., 2018 ; Mazzola & Kelly-Cirino, 2019).

9.2.1 Tests ELISA (dosage d'immunoabsorption enzymatique)

Plusieurs méthodes sérologiques ont été mises au point pour le diagnostic des infections au CCHFV (Shayan et al., 2015). Actuellement, les tests ELISA et d'immunofluorescence sont les principaux outils de diagnostic sérologique employés en raison de leur spécificité et de leur sensibilité considérable par rapport aux anciennes techniques (Raabe, 2020).

En général, les tests sérologiques sont le plus souvent utiles après la première semaine de la maladie. En effet, les IgM deviennent détectables 4 à 5 jours après l'apparition des symptômes, atteignant leur taux maximum entre 2 à 3 semaines après, et disparaissent généralement au bout de 4 mois. Quant aux IgG, elles deviennent détectables simultanément avec les IgM, au plus tard un à 2 jours après, tout en restant détectables pendant au moins 3 ans après l'infection. Chez les sujets dont l'évolution a été fatale, il n'y a généralement pas d'anticorps détectables (Zeller, 2007; Raabe, 2020).

Les tests sérologiques actuels, détectent avec précision les anticorps anti-CCHFV, mais leur efficacité varie en fonction de la phase de l'infection (Zeller, 2007).

Récemment, plus couramment, la protéine recombinante Des protéines recombinantes dérivées de la protéine la nucléoprotéine NP CCHFV sont souvent basées sur la reconnaissance d'une protéine virale recombinante, la nucléoprotéine NP (Raabe, 2020).

9.2.2 L'immunofluorescence indirecte (IFI)

L'immunofluorescence indirecte est utilisée le plus souvent en vue de l'établissement d'un diagnostic sérologique rapide de l'infection par le CCHFV. Cette technique, indique la présence

d'IgM, détectables dès le 4^{ème} jour après le début de la symptomatologie (Zeller, 2007). L'IFA est également appliquée afin d'éliminer d'éventuelles réactions croisées (Zeller, 2007). Par ailleurs, les tests ELISA actuels, basés sur des protéines recombinantes sont plus sensibles et spécifiques (Zeller, 2007; Raabe, 2020 ; Hartlaub et al., 2021).

L'IFA présente comme inconvénient, la complexité d'équipement, de la technicité et d'interprétation (Vanhomwegen et al., 2012).

9.3 Détection du CCHFV chez les tiques

La recherche du CCHFV dans les tiques se fait généralement dans une optique de surveillance épidémiologique, ainsi que la détection des éventuelles émergences et de nouvelles espèces vectrice de tiques (De Liberato et al., 2018).

La recherche du virus se fait par plusieurs méthodes de biologie moléculaires dont la reverse transcriptase RT-PCR nichée (nested RT-PCR) ou en temps réel (RT-qPCR). La recherche du virus s'opère le plus souvent sur des pools de tiques, afin de rationner le nombre d'analyses effectuées, et de contrecarrer les taux d'infection variables au sein de la population des tiques tributaire à la situation épidémiologique (De Liberato et al., 2018).

9.4 Détection du CCHFV chez les animaux domestiques et sauvages

Bien que l'infection par le CCHFV chez les animaux domestiques ou sauvages soit généralement asymptomatique (Spengler et al., 2016), la recherche d'une éventuelle contamination semble avoir plusieurs intérêts dont particulièrement l'évaluation de la situation épidémiologique des régions endémiques et/ou non endémiques, ainsi que l'évaluation du risque zoonotiques dans les milieux professionnels (De Liberato et al., 2018).

Dans le contexte de ces objectifs, l'approche sérologique représente la méthode de choix, et les tests ELISA sont considérés comme étant la méthode privilégiée, en raison de sa sensibilité, et sa spécificité (Spengler et al., 2016). C'est pourquoi ces tests sont largement utilisés dans les enquêtes sérologiques, sur une grande variété d'espèces d'animaux domestiques et sauvages (Manuguerra & Vanhomwegen, 2024).

Les anticorps IgM des animaux infectés, peuvent être détectés à l'aide d'un test IgM Capture ELISA. Quant aux anticorps IgG, un test ELISA sandwich ou un test ELISA indirect peuvent être appliqués. Un test ELISA par compétition serait intéressant pour les anticorps totaux (Manuguerra & Vanhomwegen, 2024). Une nouvelle technique, ELISA sandwich à double antigène, conçue récemment, pour la détection des anticorps anti-CCHFV spécifiques, indépendante de l'espèce hôte (Sas et al., 2018).

10. Traitement et prévention

10.1 Traitement

Aucun traitement, ni médicament antiviral spécifiques ne sont disponibles à ce jour pour les patients infectés par le CCHFV. Le traitement consiste généralement en une bonne prise en charge clinique des troubles de coagulation, et les déséquilibres hydroélectrolytique (Jahromi, 2014). Néanmoins, la ribavirine est le seul traitement antiviral éprouvé, particulièrement pour les formes sévères, malgré que son efficacité dans le traitement reste controversée (Jabbari et al, 2012).

10.2 Prophylaxie

10.2.1 Vaccination

Aucun vaccin efficace contre le CCHFV n'a encore été approuvé jusqu'à présent (Salehi-Vaziri et al., 2016). En effet, à l'heure actuel le seul vaccin disponible est celui qui a été utilisé en Bulgarie depuis les années 70, dont l'efficacité est assez probable du fait qu'il n'a pas encore fait l'objet d'essais cliniques, malgré que lors de son emploi a permis de faire baisser significativement le nombre de cas d'infection par le CCHFV dans le pays (Jahromi, 2014 ; Papa et al, 2011 ; De Liberato et al., 2018). Cependant, malgré l'absence des modèles animaux adaptés, permettent de prédire l'efficacité des vaccins chez l'homme, diverses approches et stratégies vaccinales sont en cours de développement pour la conception des vaccins dont l'efficacité contre le CCHFV est validée (Ahata & Akçapınar, 2023).

10.2.2 Mesures de prévention et de contrôle de la FHCC

La prévention et le contrôle de l'infection par le CCHFV consiste à s'opposer aux nombreux facteurs de risque d'exposition au virus pour éviter ou réduire le risque de contamination (Whitehouse, 2007 ; Yousaf et al, 2018).

Bien qu'il soit très difficile de prévenir l'infection par le CCHFV chez certaines personnes à risque, il est absolument nécessaire de réduire au moins l'incidence de la maladie (Saijo, 2007).

Pour ce faire,

Il est essentiel de mettre en place des projets d'éducation et de sensibilisation ciblant les personnes à haut risque, notamment les vétérinaires, les bouchers, les agriculteurs, les professionnels de la santé, ainsi que les populations vivant dans les régions endémiques (Yousaf et al., 2018 ; Kuehnert et al, 2021).

L'utilisation d'équipements de protection individuelle (gants, blouses, bottes en plastique, etc.) est l'une des mesures efficaces prises en considération pour réduire l'exposition, au sang, et à d'autres tissus ou fluide biologiques d'animaux ou humains contaminés (Burt et al., 2007 ; Yousaf et al., 2018 ; Hawman & Feldmann, 2023).

Il est également important de réduire le risque d'exposition aux tiques infectées afin de limiter la transmission du virus à l'homme et aux animaux, par la mise en place des stratégies de lutte antivectorielle, visant à réduire les populations de tiques dans l'environnement, et au sein des exploitations. Il est également possible de mettre les nouveaux animaux en quarantaine en vue de limiter l'extension du virus à de nouvelles régions indemnes (Hawman & Feldmann, 2023).

Étant donné que le personnel de santé est le plus souvent sujet aux infections nosocomiales, associées fréquemment aux épidémies de la FHCC (Yousaf et al., 2018; Hawman & Feldmann, 2023), l'application rigoureuse des mesures universelles de protection contre les infections

nosocomiales reste indispensable (Burt et al., 2007). De même pour le personnel de laboratoire, présentant un risque d'exposition plus élevé au CCHFV, d'où des manipulations strictement effectuées dans des laboratoires de niveau de sécurité biologique 4 BSL-4 (Whitehouse, 2007).

CHAPITRE V : ÉTAT DES LIEUX DE LA CRIMÉE CONGO EN AFRIQUE DU NORD

1. Introduction

Actuellement, plus de 50 pays à travers le monde sont reconnues endémique ou potentiellement endémique pour la maladie de la FHCC, dont 18 pays africains (Nasirian, 2020 ; Reynard et al , 2021; Bernard et al., 2022). Dans le Nord d'Afrique, hormis le soudan, à ce jour, aucun cas clinique humain, d'une symptomatologie d'allure hémorragique n'a été rapportée, Néanmoins, l'Égypte et la Tunisie ont pu signaler des cas de FHCC lors des enquêtes séro-épidémiologique (Bouaicha et al., 2021) (**Figure 13**).

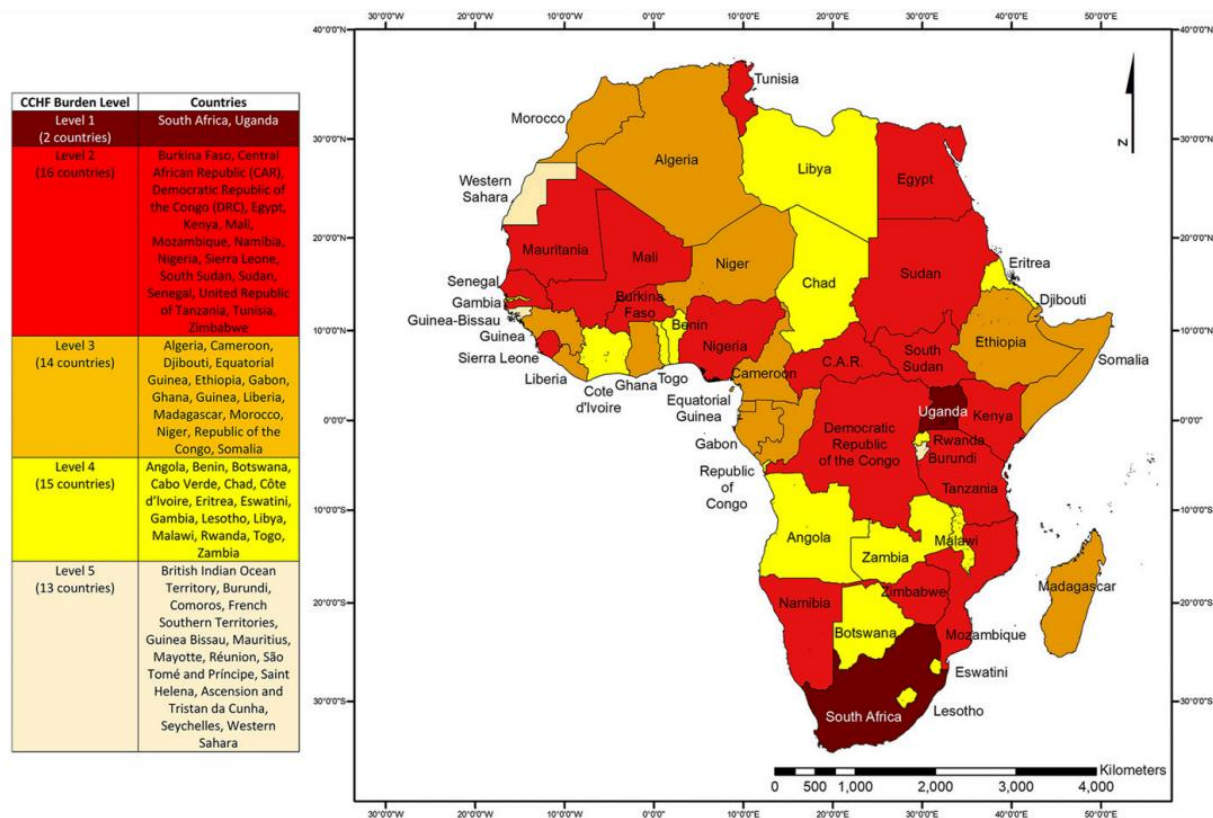


Figure 13: Situation de la FHCC en Afrique (Temur et al, 2021).

2. La fièvre hémorragique de Crimée-Congo en Afrique du Nord

2.1 Égypte

L'Égypte fut le premier pays ayant noté un cas humain lors d'une étude séro-épidémiologique chez un homme de 35 ans à Assiout (Darwish et al., 1978 ; Hoogstraal, 1979) et le premier cas de décès a été rapporté en 1981 (Weidmann et al., 2016). En outre, au cours d'un travail mené dans le cadre de surveillance de certain arbovirus, auprès des habitants d'un village du Delta du Nil, des preuves sérologique d'une infection par le CCHFV ont été enregistrées, bien que la prévalence était relativement faible au niveau de la population d'étude (Darwish et al., 1994). Plus récemment, trois cas humains de FHCC ont été également signalés (El-Bahnasawy et al., 2012).

La circulation du CCHFV au sein de la population domestiques en Égypte a été déterminée à la suite des tests sérologiques chez plusieurs espèces dont les Bovins, les ovins, les caprins et les dromadaires (Darwish et al., 1977 ; Darwish et al., 1978 ; Mohamed et al., 2008 ; Horton et al., 2014). De plus, le génome du virus, a été également mis en évidence dans certaines espèces de tiques, particulièrement, *Hyalomma dromedarii*, *H. excavatum* et *H. rufipes*, provenant des dromadaires importés depuis le Soudan, la Somalie et l'Éthiopie (Chisholm et al., 2012 ; Abdulall et al., 2023 ; Bendary et al., 2022).

2.2 Tunisie

En 2014, en Tunisie, des preuves sérologiques, ont permis de signaler pour la première fois des cas d'infections par le CCHFV chez un groupe de patient fébriles ayant développés des formes subcliniques de la maladie, ce qui suggère leur exposition au virus, et par conséquence sa circulation dans le pays. Cependant, aucune séquence du virus n'a été détecté dans les sérums de ces patients (Wasfi et al., 2016).

En outre, des preuves sérologiques de la circulation du CCHFV au sein de la population ovine, caprine et cameline ont été fournies pour certaines régions du pays (Bouaicha et al., 2021 ; Zouaghi et al., 2021 ; Khamassi Khbou et al., 2021). La détection de l'ARN viral a été également rapportée chez une tique *Hyalomma impeltatum* prélevée sur un dromadaire (Bouaicha et al., 2021).

2.3 Soudan

Le Soudan a signalé la présence de CCHFV à partir de 1988 (McCarthy et al., 1996 ; Watts et al., 1994) et les premiers cas humains de la FHCC ont été confirmés en 2008 (Aradaib et al., 2010). Depuis lors, de multiples cas sporadiques et des épidémies répétées de FHCC d'origines nosocomiales, associés à un taux de mortalité élevé ont été signalés (Aradaib et al., 2011 ; Elata et al., 2011) et l'infection sévit jusqu'à récemment (Ahmed et al., 2022).

La circulation de CCHFV a été également signalée chez de nombreux animaux domestiques soudanais provenant de diverses régions (Morrill et al., 1990 ; Hassanein et al., 1997 ; Adam, Mahmoud et al., 2013 ; Ibrahim et al., 2015 ; Suliman et al., 2017 ; Ahmed et al., 2020), mais également, à partir de plusieurs espèces de tiques du genre *Hyalomma*, *Rhipicephalus* et *Amblyomma* infestant les ovins (Chitimia-Dobler et al., 2019 ; Hassanein et al., 2000), et plus récemment, chez des tiques *Hyalomma dromedarii* et *H. Rufipes* collectées sur des dromadaires (Abdulall et al., 2023).

2.4 Maroc

En 2011, le CCHFV a été identifié dans des larves et des nymphes *Hyalomma marginatum* au cours d'une étude visant à déterminer le rôle des tiques associées aux espèces d'oiseaux migrateurs au Maroc (Palomar et al., 2013). Cependant, aucun cas d'infection humaine n'a été rapporté à ce jour.

2.5 Algérie

En Algérie, le CCHFV a été initialement détecté chez des tiques *Hyalomma aegyptium* prélevées sur des tortues *Testudo graeca*, dans la région de Laghouat, entre 2009 et 2010, avec un taux d'infection de 28,6 % (Kautman et al., 2016). Récemment, des preuves sérologiques de la circulation du CCHFV ont été fournies au cours de deux études menées auprès de plusieurs troupeaux de dromadaires et un abattoir, situés dans la zone désertique d'Algérie. Une séroprévalence de 75,5 % a été enregistrée chez des dromadaires issus de la région de Biskra, El Oued, Touggourt, et Ouargla. (Guidoum et al., 2023), tandis qu'une séroprévalence de 94.8% a été

rapportée pour ceux de la région de Tindouf, Adrar et Ghardaia, (Degui et al., 2024). Cependant, aucun cas d'infection humaine, au même titre que le Maroc, n'a été rapporté à ce jour.

3. Souches de CCHFV circulantes en Afrique du Nord

De multiples souches virales ont été identifiées dans différentes régions de l'Afrique du Nord. Parmi celles-ci, des souches qui ont été impliquées dans des épidémies nosocomiales au Soudan, appartenant au groupe génétique III, nommée comme *Al-fulah 3 et 4*, (numéros d'accèsion GenBank GQ862371-2) (Aradaib et al., 2010) et la souche *Abyei* (Aradaib et al., 2011), similaires aux souches identifiées en Afrique du Sud, en Mauritanie et au Nigeria. Par ailleurs, une nouvelle variante, appelée *Sudan 2014*, a été attribuée aux épidémies de FHCC survenues au Soudan, présentant une similarité de 96% avec la souche *SPU 187/90* d'Afrique du Sud (Kohl et al., 2016).

Chez les tiques, plusieurs séquences du CCHFV, appartenant à la lignée virale du groupe *Africa I* et *Africa III*, et, présentant des homologies étroites avec celles des souches des Émirats Arabes Unis, d'Afrique du Sud, du Sénégal, de la Mauritanie et du Nigéria, ont été mises en évidence chez des tiques *Hyalomma dromedarii* et *Hyalomma rufipes* collectées sur les dromadaires exportés depuis le Soudan, la Somalie et l'Éthiopie vers l'Égypte (Bendary et al., 2022), mais également avec celles de la variante (numéro d'accèsion GenBank JF706233) rapportée chez *Hyalomma dromedarii* et *Hyalomma excavatum*, prélevées sur les dromadaires importés depuis la Somalie et le Soudan (Chisholm et al., 2012).

De plus, deux souches de la lignée I (numéro d'accèsion GenBank MN097144), étroitement apparentée aux souches du CCHFV du Sénégal ont été identifiées chez des tiques *Hyalomma impeltatum* collectées sur des ovins soudanais (Chitimia-Dobler et al., 2019). La souche *AP92-like*, de la lignée *Europe 2* a été signalée chez les tiques *Hyalomma aegyptium* infestant des tortues en Algérie (Kautman et al., 2016).

4. Conclusion

La fièvre hémorragique de Crimée-Congo est une zoonose qui est une menace la santé publique dans le monde y compris la région Nord-Africaine. L'aire de répartition géographique de la maladie s'étend de plus en plus en raison de divers facteurs, notamment le changement climatique, le mouvement des hôtes et/ou des vecteurs ainsi que le commerce international.

ÉTUDE EXPÉRIMENTALE

CHAPITRE I : TIQUES DE LA FAUNE SAUVAGE EN ALGÉRIE

1. Objectif de l'étude

Depuis de longues années, les tiques cohabitent avec la faune sauvage, dont certaines contribuent au maintien des agents pathogènes au sein de cette population (Boulanger et al, 2015). En outre, les animaux sauvages sont connus comme étant des réservoirs de multiples agents pathogènes, mais également comme des hôtes amplificateurs pour certaines maladies (Moutou, 2004 ; Tsao et al, 2021).

L'objectif de ce présent travail est de rechercher la présence des tiques chez quelques animaux sauvages en vue d'actualiser nos connaissances sur les espèces de tiques associées et de souligner l'importance de cette population en santé publique.

En Algérie, une trentaine d'espèces de tiques ont été répertoriées, dont l'*ixode ricinus* (Mechouk et al , 2022). Cependant, *Ixodes Hexagonus* n'a jamais été, clairement, mise en évidence mise à part des enregistrements rapportés, occasionnellement, dans les articles scientifiques dont certains non publiés, limités à l'extrême Nord algérien, principalement, dans la région d'El Taraf et Souk-Ahras.

Le présent article signale également, pour la première fois, l'existence d'*Ixodes Hexagonus*, dans une zone semi-aride, précisément, dans la région de Bordj Bou Arreridj, Mila et Constantine, sur deux espèces de hôtes différentes, à savoir, le hérisson, *Atelerix algirus*, et le renard roux, *Vulpes vulpes*.

2. Matériels et méthodes

2.1 Région et période d'étude

Cette étude a été menée durant la période s'étalant d'avril 2019 à novembre 2022 dans le Nord-Est algérien. Des prélèvements ont été effectués dans plusieurs Wilayas : Bouira, Bordj Bou Arreridj et Mila ainsi que Constantine (**Figure 14**).

La zone d'étude se distingue par sa grande variété géographique et la diversité de ses écosystèmes, allant des massifs montagneux couverts de forêts semi-humides aux steppes arides. La faune sauvage de cette région est très diversifiée, comprenant de nombreuses espèces de mammifères, d'oiseaux et de reptiles. La richesse faunistique, associée à la présence de zones favorables, stimule la prolifération des tiques et leur interaction avec les animaux sauvages, augmentant ainsi le risque d'infection par ces arthropodes.

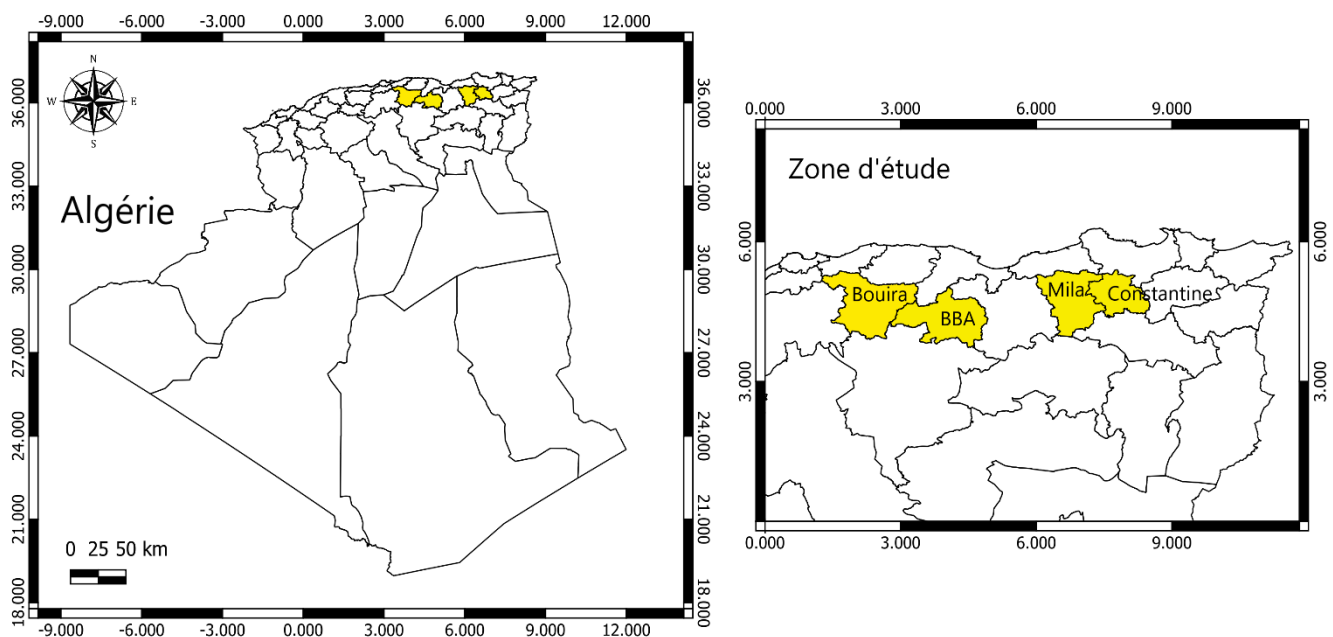


Figure 14: La région d'étude.

2.2 Animaux, technique de prélèvement et identification des tiques

Les animaux sauvages qui ont fait l'objet de cette étude appartiennent à des espèces protégées (Décret 83 du 20 août 1983 relatif à la faune sauvage non domestique protégée ; abrogé par le nouveau Décret exécutif n° 12-235 du 3 Rajab 1433 correspondant au 24 mai 2012 ; JORA,2012) De ce fait, toutes les procédures de capture, de manipulation et de prélèvement ont été réalisées dans le strict respect de la réglementation en vigueur et sous la tutelle des autorités compétentes.

Les prélèvements de tiques ont été effectués sur diverses espèces animales dont certains, ont été capturés lors des promenades nocturnes, comme les hérissons et les tortues tandis que d'autres ont été soit victimes de la voie publique ou mise en captivité par les autorités compétentes (Conservation des forêts et réserve de chasse).

Les hérissons et les tortues ont été prélevés sur les lieux de capture et relâchés par la suite dans la nature. Les autres animaux tels que, les hyènes, les renards et les loups ont été examinés en captivité sous des mesures de contention ou anesthésiés par les médecins vétérinaires.

Toute la surface du corps de chaque animal a été minutieusement inspectée pour chercher la présence des tiques. Une fois détectées, ces dernières ont été prélevées, à l'aide d'une pince à tique, et placées dans des tubes contenant de l'éthanol 70°, jusqu'à leur identification au laboratoire.

Par ailleurs, le cadavre des animaux, a subi un examen minutieux au niveau de pelage et les spécimens de tiques prélevées ont été fixés à l'éthanol 70°.

Les tiques ont été identifiées au niveau de l'espèce, en utilisant une loupe binoculaire et une clé d'identification (Hornok et al., 2017 ; Sándor, 2017 ; Hornok et al., 2021).

3. Résultats et discussions

3.1 Tiques identifiées sur certaines espèces d'animaux sauvages dans quelques localités Algérienne

Les investigations sur les tiques associées aux animaux sauvages dans certaines localités algériennes se sont soldées par des résultats qui sont consignés dans ci-dessous (**Tableau5**).

Tableau 5: Espèces d'animaux sauvages et espèces de tiques associées.

Espèces d'animaux sauvages	Nombre d'animaux échantillonnés	Espèces de tiques identifiées	Localisation
Loup doré (<i>Canis lupaster</i>)	3	<i>R. sanguineus</i>	Bordj Bou Arreridj
Renard roux (<i>Vulpes vulpes</i>)	2	<i>R. sanguineus</i> <i>I. hexagonus</i> <i>H. erincaie</i>	Bordj Bou Arreridj Constantine
Genette (<i>Genetta genetta</i>)	2	Aucune infestation	Bordj Bou Arreridj
Hyène rayée (<i>Hyaena hyaena</i>)	5	Aucune infestation	Bouira Bordj Bou Arreridj
Hérisson d'Algérie (<i>Atelerix algirus</i>)	14	<i>I. hexagonus</i> <i>R. sanguineus</i> <i>H. erincaie</i>	Bordj Bou Arreridj Mila
La tortue grecque (<i>Testudo graeca</i>)	126	<i>H. aegyptium</i>	Bordj Bou Arreridj Mila

Sanglier (<i>Sus scrofa</i>)	4	<i>R. turanicus</i>	Mila
Lièvre (<i>Lepus capensis</i>)	3	<i>R. sanguineus</i>	Bordj Bou Arreridj Mila
Porc-épic à crête (<i>Hystrix cristata</i>)	2	Aucune infestation	Mila

3.1.1 Loup doré africain (*Canis lupaster*)

Chez le loup doré africain (Photo1, Annexe), *Canis lupaster*, seule l'espèce *Rhipicephalus sanguineus* a pu être mise en évidence, dans le présent travail. Dans des travaux précédents, Mechouk et al., (2024b), seules les tiques appartenant à l'espèce *Ixodes ricinus* et *I. inopinatus* ont pu être signalées chez cet animal en Algérie (Mechouk et al., 2024b).

3.1.2 Tortue grecque (*Testudo graeca*)

Les échantillons prélevés sur les tortues (*Testudo graeca*) (Photo 2, Annexe) n'ont montré que la présence exclusive de *Hyalomma aegyptium* qui est considérée comme la tique commune de la tortue grecque en Algérie (Tiar et al., 2016). En effet, toutes les études rapportent que cette espèce chez la tortue dans tout le pays (Mechouk et al, 2022).

3.1.3 Sanglier sauvage (*Sus scrofa*)

Seule l'espèce *Rhipicephalus turanicus* a été identifiée au cours de ce travail chez les sangliers sauvage (*Sus scrofa*) (Photo 3, Annexe), bien qu'ils soient capables d'abriter diverses espèces de tiques, comme il a été démontré par plusieurs études en Algérie (Mechouk et al, 2022). En effet, en plus de l'espèces *Rhipicephalus turanicus*, cinq autres espèces ont été également signalées au cours des travaux précédents, en l'occurrence, *Rhipicephalus sanguineus sensu lato*, *Dermacentor*

marginatus, *Haemaphysalis punctata*, *Hyalomma marginatum*, et l'espèce *Ixodes ricinus* (Zeroual et al., 2014 ; Leulmi et al., 2016).

Notre résultat peut être lié à plusieurs facteurs, notamment, le faible nombre de sanglier, la région et la saison d'activité des tiques (Zeroual et al., 2014).

3.1.4 Lièvre du Cap (*Lepus capensis*)

Chez les lièvres (Photo 4, Annexe), candidats de ce présent travail, *Rhipicephalus*, principalement l'espèce *Rhipicephalus sanguinus*, et *hyalomma* sont les seuls genres identifiés. En Algérie, plusieurs espèces ont été mises en évidence sur le lièvre du Cap particulièrement, *Rhipicephalus pusillus*, *Ixodes ricinus* ainsi que le genre *Hyalomma* (Ammam et al., 2022).

3.1.5 Genettes commune (*Genetta genetta*), hyène rayée (*Hyaena hyaena*) et Porc-épic à crête (*Hystrix cristata*)

Chez les genettes (Photo 5, Annexe) et les hyènes (Photo 6, Annexe) sous captivées, aucune infestation par les tiques n'a été signalée au cours de ce travail. Cela peut être expliqué par la rareté de ces espèces d'animaux dans nos localités, par la saison qui pourrait être défavorable à l'activité des espèces de tiques, par le climat et par la région géographique (Vada et al, 2024). De même, aucune infestation n'a été constatée sur les cadavres des hyènes et des porcs-épics à crête (Photo 7, Annexe), du fait du détachement probable des tiques à la suite de la mort des animaux (Tahir et al, 2020).

À ce jour, aucune étude n'a été réalisée en Algérie sur les tiques associées à la hyène rayée (*Hyaena hyaena*) ni celles qui parasitent la genette commune et le porc-épic à crête. Contrairement à ce qui aux résultats rapportés dans d'autres régions du monde (Hoogstraal & Kaiser, 1959 ; Rosalino et al , 2007 ; Mori et al., 2015 ; Viviano et al , 2022).

Les tiques associées à la genette commune ont fait l'objet de peu d'études. Au Portugal, quatre espèces ont été recensées : *Ixodes ricinus*, *I. acuminatus*, *Rhipicephalus pusillus* et *R. turanicus* (Rosalino et al, 2007) et Espagne, seule l'espèce *Ixodes acuminatus* a été signalée (Refojos et al, 2006). Quant aux données relatives aux tiques parasitant la hyène rayée, elles sont plutôt rares. Deux tiques *Rhipicephalus sanguineus* seulement ont été signalées chez cet animal en captivité au Yémen (Hoogstraal & Kaiser, 1959). De même, peu d'information sont publiées sur les tiques des porcs-épics. En Italie, seules quatre espèces ont été mises en évidence chez ces animaux : *Ixodes ricinus*, *I. hexagonus*, *I. ventralloie* et *Rhipicephalus bursa* (Mori et al., 2015 ; Viviano et al , 2022) et aucune infestation n'a été observée sur leurs cadavres (Lorusso et al., 2011). Au Maroc, deux espèces de tiques molles, en l'occurrence *Ornithodoros erraticus* et *O. delanoiei* ont été rapportées (Mori et al., 2015).

3.1.6 Renard roux (*Vulpes vulpes*) et hérisson d'Algérie (*Atelerix algirus*)

Les renards sont connus pour héberger un large éventail d'ectoparasites dont au moins 16 espèces de tiques. Plusieurs espèces ont été répertoriées avec des variations régionales comme l'espèce *Ixodes ricinus*, *Dermacentor reticulatus*, *Dermacentor marginatus*, *Rhipicephalus pusillus*, *Rhipicephalus sanguineus s.l.* *Haemaphysalis spp.* *Ixodes hexagonus* et *Ixodes canisuga*, mais aussi, d'autres espèces, moins documentées comme *Ixodes Crenulatus*, *Ixodes rugicollis* et *Ixodes kaiseri* (Lesiczka et al., 2023).

Dans cette étude, deux (02) renards roux (Photo 8, Annexe) ont été examinés. Le premier en captivité s'est révélé infesté par des tiques *Rhipicephalus sanguineus*. Le second, victime de la voie publique, abritait deux espèces de tiques : *Haemaphysalis erinaceae* et *Ixodes hexagonus*.

L'observation de ces espèces de tique chez le renard est une première en Algérie. Auparavant, une étude a été menée pour la recherche des différentes espèces de tiques en sous-cutané chez les animaux sauvages entre autres le renard roux. Leurs résultats se sont soldés par l'absence de tiques (Mechouk et al ; 2024).

Quant au hérisson (Photo 9, Annexe), trois (03) espèces de tiques ont été identifiées dans cette étude, à savoir, *Rhipicephalus sanguineus*, *Haemaphysalis erinacei* et *Ixodes hexagonus*. En

Algérie, plusieurs espèces ont été signalées : *Rhipicephalus sanguinus*, *Rhipicephalus turanicus*, *Rhipicephalus bursa*, *Haemaphysalis erinacei*, *Ixodes ricinus* et *Ixodes hexagonus* (Mechouk et al, 2022). Ce qui est confirmé par les résultats de notre étude. En revanche, c'est la première fois que l'espèce *Ixodes hexagonus* est identifiée dans 03 localités algériennes, à savoir, Bordj Bou Arreridj, Mila et Constantine (**tableau 6 ; Figure 15 ; Figure 16**). En effet, cette espèce a été observée chez le hérisson dans des régions différentes à savoir, celles d'El Tarf et de Souk-Ahras (Leulmi et al., 2016 ; Senaoui et al, 2020) . Ceci suggère que la répartition de cette espèce de tique est beaucoup plus large et qu'il est nécessaire d'entreprendre plus de travaux pour une meilleure visibilité afin d'évaluer efficacement son impact épidémiologique.

Tableau 6: Les tiques *Ixodes hexagonus* prélevées sur le hérisson d'Algérie et le renard roux.

Régions	Espèces d'hôte	Espèces de tique	Coordonnées
Bordj Bou Arreridj	<i>Atelerix algirus</i>	<i>Ixodes hexagonus</i> 01 ♀	36°4'45.42"N, 4°39'6.90"E
Mila	<i>Atelerix algirus</i>	<i>Ixodes hexagonus</i> 04 ♀	36°24'12.47"N, 6°13'47.15"E
Constantine	<i>Vulpes vulpes</i>	<i>Ixodes hexagonus</i> 02 ♀	36°17'54.0"N, 6°48'57.0"E

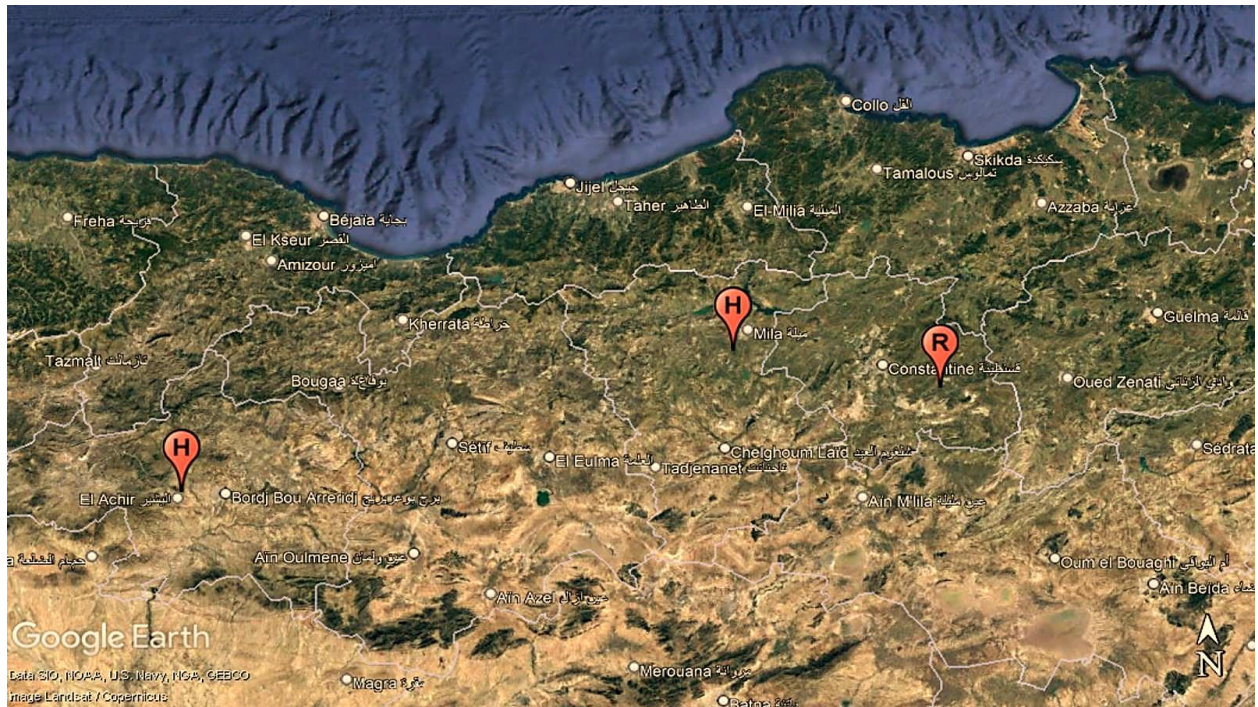


Figure 15: Sites de prélèvement de l'espèce *Ixodes Hexagonus*.



Figure 16: *Ixodes hexagonus* femelle ; spécimen collecté en Algérie sur le hérisson d'Algérie (Photo personnelle).

4. Conclusion

Compte tenu de la grande diversité des espèces de tiques associés à la faune sauvage en Algérie, cette dernière, peut avoir un rôle particulièrement important dans l'épidémiologie des maladies liées aux tiques, d'autant plus qu'elle serve de réservoir capable d'héberger une large gamme d'agents pathogènes pour l'homme et l'animal.

La rareté des données disponibles sur les tiques et les infections qu'elles transmettent, principalement associées à des réservoirs d'animaux sauvages, rend encore l'épidémiologie de certaines infections méconnues.

Il est donc indispensable de mener des études approfondies sur les tiques vectrices, les agents pathogènes ainsi que leurs espèces réservoirs sauvages, afin de mieux comprendre l'épidémiologie des maladies à tiques et de développer, ainsi, des mesures de contrôle multidisciplinaires efficaces pour maîtriser les risques liés à la faune et l'éventuelle émergence des maladies associées.

CHAPITRE II : ÉTUDE DE LA CIRCULATION DU CCHFV DANS LE NORD-EST ALGÉRIEN

1. Objectif de l'étude

Très peu d'informations spécifiques sont disponibles sur la situation épidémiologique de la fièvre hémorragique Crimée-Congo dans certains pays d'Afrique du Nord. En Algérie a longtemps été considérée comme l'une des zones exemptes de la maladie du fait de l'absence de cas humains autochtones, à ce jour. Pourtant, l'infection a bien été rapportée, localement, chez les tiques (Kautman et al., 2016), les dromadaires (Guidoum et al., 2023 ; Degui, 2024) et dans certains pays de l'Afrique du Nord limitrophes de l'Algérie, comme le Maroc et la Tunisie, chez les tiques, l'homme et certaines espèces de bétail, avec des preuves sérologiques et moléculaires de l'infection (Palomar et al., 2013 ; Bouaicha et al., 2021 ; Wasfi et al., 2016 ; Khamassi Khbou et al., 2021 ; Zouaghi et al., 2021 ; Zhioua et al., 2024). Bien qu'une large gamme d'animaux domestiques et sauvages, dont les animaux d'élevage puissent être infectés par le CCHFV, les petits ruminants sont considérés comme l'hôte domestique le plus approprié en tant qu'indicateur de la circulation virale lors des enquêtes séro-épidémiologiques (Schuster et al., 2016). De ce fait, nous avons tenté, dans cette étude, de chercher une éventuelle circulation du CCHFV dans la population ovine en Algérie, et d'identifier les facteurs de risque associés.

2. Matériel et méthodes

2.1 Période et région d'étude

Une étude transversale a été menée entre septembre et novembre 2023 afin d'identifier la présence éventuelle d'anticorps anti-CCHFV au sein de la population ovine dans différentes régions du Nord-Est Algérien. Plusieurs zones, d'une diversité géographique et bioclimatiques distinguée, situées dans la région de Bordj Bou Arreridj ($36^{\circ} 04' 00''$ N, $4^{\circ} 46' 00''$ E), Mila ($36^{\circ} 26' 59''$ N, $6^{\circ} 15' 51''$ E), Constantine ($36^{\circ} 17' 00''$ N, $6^{\circ} 37' 00''$ E), Annaba ($36^{\circ} 54' 00''$ N, $7^{\circ} 46' 00''$ E) et El Taref ($36^{\circ} 46' 02''$ N, $8^{\circ} 18' 50''$ E) ont constitué les lieux géographiques ciblés par ce présent travail.

La zone d'étude s'étend sur une superficie de 14 487 km², caractérisée par un relief montagneux, des hautes plaines et des plaines côtières, ainsi que plusieurs étages bioclimatiques allant d'humide, jusqu'au semi-aride (MICLAT, 2022) (**Figure 17**).

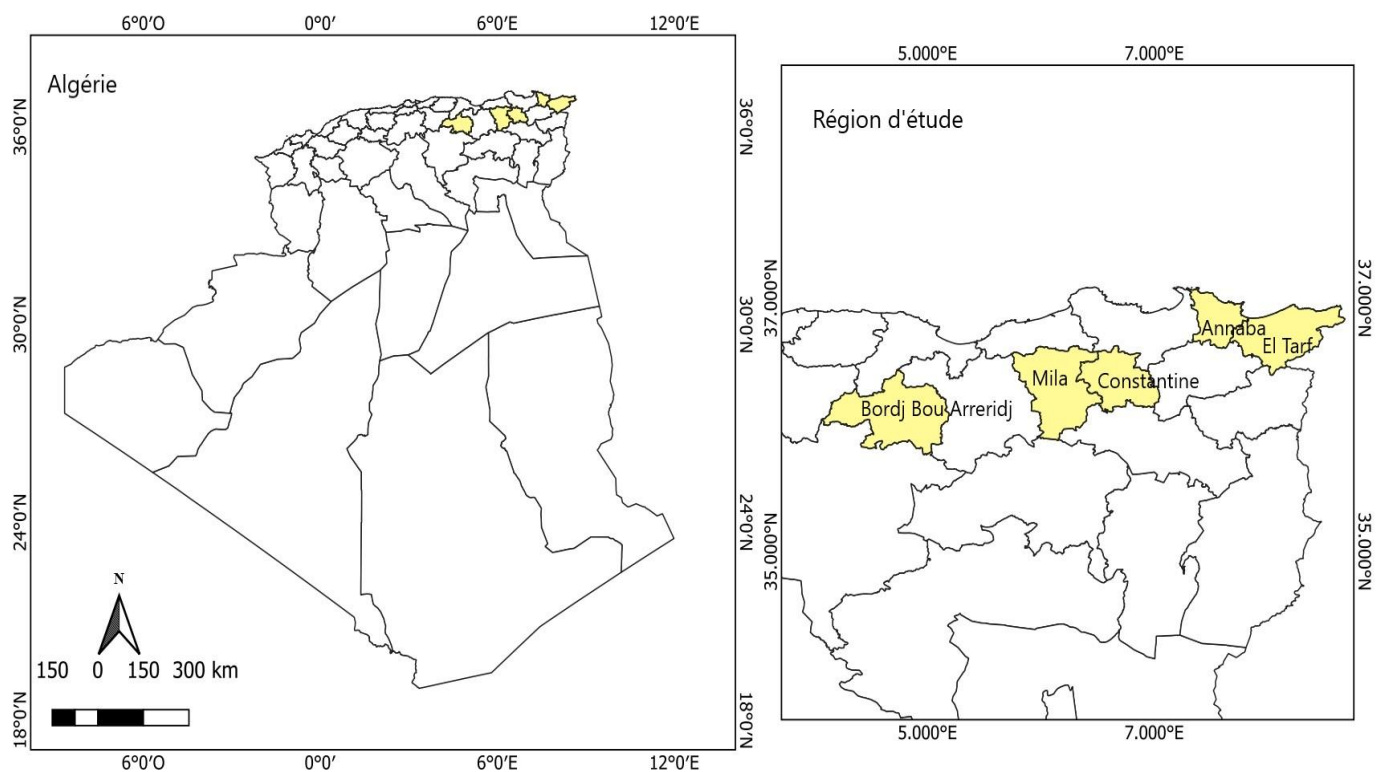


Figure 17: La région d'étude.

2.2 Population d'étude et méthode d'échantillonnage

Les ovins peuvent jouer un rôle très important dans l'épidémiologie de la FHCC est servant, par conséquent, d'un bon indicateur de la circulation du CCHFV lors des enquêtes séro-épidémiologiques (Wilson et al., 1991).

En Algérie, l'élevage ovin occupe une place très importante dans le domaine de la production animale. Il représente près de 81,2% de l'effectif national total ; soit un total d'environ 31 millions de têtes en 2021 (ONS, 2021). L'élevage ovins reste majoritairement dominé par le mode extensif (Sebkhi et al., 2024).

Une étude transversale avec un échantillonnage aléatoire, tel que décrit par Toma et al. (2009), a été réalisée auprès des exploitations ovine situées dans plusieurs régions du Nord-Est algérien entre septembre et novembre 2023, en vue de la réalisation d'une enquête séro-épidémiologiques sur la circulation du CCHFV (**Figure 18**).

Deux types d'élevages ont fait l'objet de cette étude, des élevages intensifs et des élevages semi-intensifs. Pour chaque élevage, les animaux échantillonnés ont été choisis aléatoirement.

La taille minimale de l'échantillon a été déterminée selon la formule de Thrusfield (2007) en se basant sur une prévalence attendue de 18.1% (El Ghassem et al., 2023) , un niveau de confiance de 95% et une précision absolue de 5%.

$$N = \frac{Z^2 \cdot P \cdot (1 - P)}{E^2}$$

N : taille de l'échantillon Z^2

Z : niveau de confiance de 95% ($Z=1.96$).

P : prévalence attendue

E : précision absolue de 10%

Afin d'éviter d'introduire un biais au niveau de l'âge, les sujets âgés de plus de 4 ans ont été exclus de cette enquête, car ils ne représentent qu'une minorité de l'élevage ovin vu que la majorité des éleveurs détiennent une population jeune à des fins économiques.



Figure 18: Élevage ovin

2.3 Prélèvement et récolte des données

Le matériel de prélèvement sanguin était constitué de tubes secs sous vides (vacutainers) et des aiguilles stériles, des porte-tubes, des gants et un crayon marqueur pour bétail. Une glacière avec des poches de glace ont été utilisées pour la conservation des prélèvements lors de l'opération et pendant leur acheminement au laboratoire. Les échantillons de sang ont été prélevés à la veine jugulaire sur chaque animal.

Après chaque prélèvement, les tubes ont été identifiés et conservés à +4°C avant d'être transférés au laboratoire. Un code d'identification a été précisément attribué pour chaque prélèvement avant d'être acheminés au laboratoire pour centrifugation à 2700 tours /minute pendant 10 minutes. Une fois le sérum obtenu, il est placé dans des tubes Eppendorf préétiquetés et systématiquement conserver à -20 C° jusqu'à son utilisation.

Afin d'analyser certains facteurs de risques associés à la circulation du CCHFV chez les ovins, une fiche de collecte de données a été élaborée en vue de collecter quelques données, à savoir le système de gestion de l'élevage, le type d'élevage et l'âge des animaux.

2.4 Analyse de laboratoire

2.4.1 Test ELISA

Afin de déterminer la présence des anticorps dirigés contre le CCHFV, les échantillons de sérum, ont été testés à l'aide du kit ELISA, IDScreen®, CCHF Double Antigen Multispecies, (IDVet, Grabels, France), conformément aux procédures définies par le fabricant (Sas et al., 2018).

Idvet ID Screen® CCHF Double antigen multi-species est basée sur le test ELISA sandwich à deux antigènes développés par Sas et al. (2018). Il présente une excellente spécificité (100 %) et sensibilité (98,9 %) pour les anticorps induits par le CCHFV chez de nombreuses espèces (Sas et al., 2018).

2.4.2 Principe

Le kit de diagnostic Idvet ID Screen® CCHF Double antigen multi-species ELISA, est conçu pour détecter les anticorps spécifiques dirigés contre la nucléoprotéine NP du CCHFV. Les échantillons de sérum et les contrôles (positif et Négatif) sont déposés dans les micro puits préalablement sensibilisés avec de l'antigène recombinant purifié de la nucléoprotéine (NP) du CCHFV. Les anticorps anti-NP éventuellement présents dans les échantillons se lient à l'antigène et forment ainsi un complexe anticorps-antigène. Après le premier lavage, un antigène recombinant purifié de la nucléoprotéine du virus conjugué à un HRP (Horseradish Peroxidase) est ajouté à chaque micro puits. Il se fixe sur les immunoglobulines préalablement captées, aboutissant à la formation d'un complexe. L'excès de conjugué est éliminé à la suite d'un deuxième lavage et l'enzyme liée au complexe est révélée par l'ajout d'un substrat TMB (3,3',5,5'-Tetramethylbenzidine) entraînant la formation d'une substance colorée. La coloration obtenue dépend de la quantité d'anticorps spécifiques présents dans l'échantillon. En présence d'anticorps, une coloration bleue apparaît, qui devient jaune après ajout de la solution d'arrêt. Dans le cas contraire, aucune coloration ne va apparaître. Après arrêt de la réaction enzymatique, la densité optique est lue à 450nm (**Figure 19**).

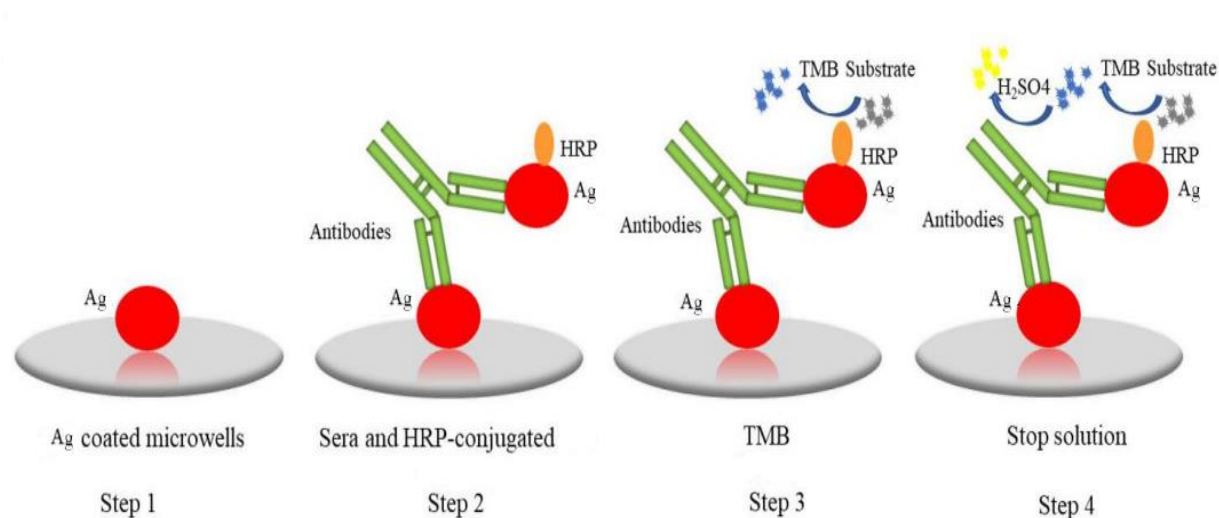


Figure 19: Principe de la technique ELISA sandwich à double antigène (Adapter de Wang et al., 2023).

2.4.3 Méthodologie

Les plaques à 96 puits ont été fournies préalablement recouvertes par l'antigène recombinant purifié de la nucléoprotéine (NP) du CCHFV. Tous les réactifs du KIT ont été fournis sous forme de solutions concentrées à diluer avec de l'eau distillée, lyophilisées pour être reconstituées avec un tampon fourni, ou prêtes à l'emploi. Toutes les plaques ont été analysées conformément au protocole du kit. Tous les échantillons de sérum et réactifs ont été utilisés à une température ambiante ($21^{\circ}\text{C} \pm 5^{\circ}\text{C}$). L'homogénéisation des produits a été assurée par un vortex avant utilisation.

Dans un premier temps, 50 μl de tampon de dilution sont distribués dans chaque puit de la plaque, puis, 30 μl du contrôle positif et négatif sont déposés dans les puits A1 et B1 et les puits C1 et D1 respectivement. Par la suite, 30 μl de chaque échantillon de sérum à tester sont ajoutés dans les restes des puits. Après, les plaques sont couvertes et incubées pendant $45 \text{ min} \pm 4 \text{ min}$ à température ambiante. Les plaques sont ensuite vidées soigneusement et lavées 5 fois avec un minimum de 300 μl de solution de lavage par puit, tout en évitant leur séchage entre les lavages, avant d'ajouter 50 μl de conjugué préalablement dilué (1/10 dans le tampon de dilution) à chaque puits. Les plaques sont couvertes et incubées pendant $30 \text{ min} \pm 3 \text{ min}$ à température ambiante avant d'être de nouveau lavées 5 fois avec 300 μl de solution de lavage par puit. Cent (100) μl de solution

de révélation sont ajoutées à chaque puits avant d'être incubés dans l'obscurité pendant 15 min $\pm$ 2 min à température ambiante. Enfin, 100 μ l de solution d'arrêt sont ajoutés à chaque puits pour arrêter la réaction et la densité optique est lue à 450nm.

2.4.4 Validation

Le test est validé si la valeur moyenne de la densité optique (DO) du contrôle positif est supérieure à 0,350, ainsi que le rapport entre la moyenne de la DO du contrôle positif et celle du contrôle négatif est supérieur à 3.

2.4.5 Interprétation

Les valeurs brutes de la (DO) déterminées pour chaque échantillon sont utilisées pour calculer le pourcentage de positivité (S/P%), défini par le rapport $(DO_{\text{échantillon}} / DO_{\text{contrôle positif}}) \times 100$.

Les échantillons dont la valeur S/P % était supérieure à 30 % sont considérés comme positifs, tandis que ceux dont la valeur S/P% est inférieure ou égale à 30 % sont considérés comme négatifs (Figure 20)

$$S/P \% = \frac{DO_{\text{échantillon}}}{DO_{\text{contrôle positif}}} \times 100$$

Résultat	Statue
$S/P \% \leq 30\%$	Négative
$S/P \% > 30\%$	Positive

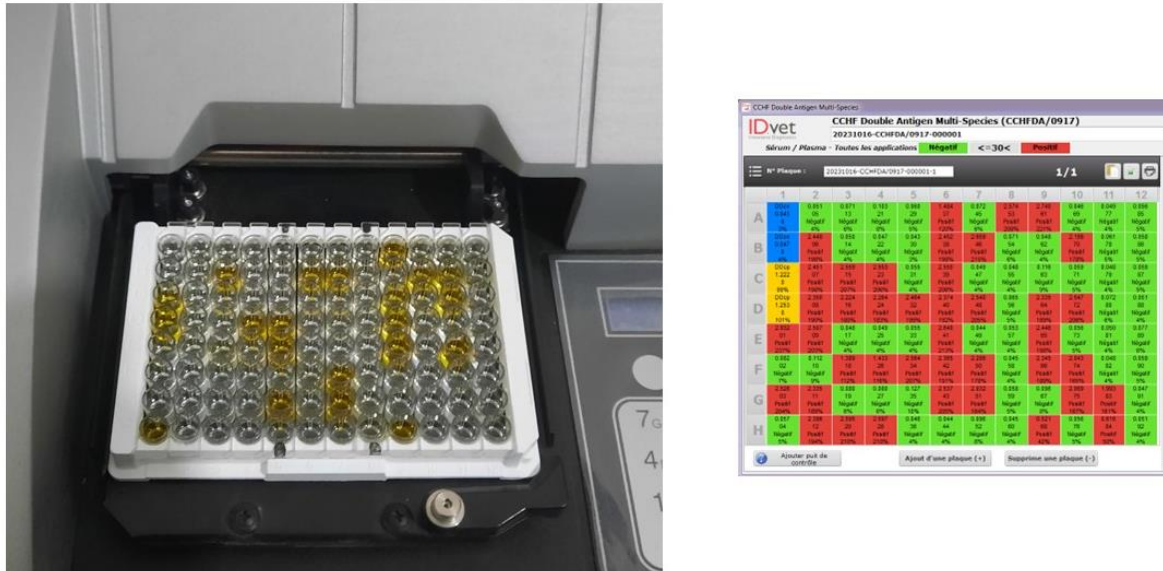


Figure 20: Lecture de la plaque avec un lecteur microplaques ELISA automatisé à 450nm (BioTek Elx800GIDX, USA) et le logiciel interprétation ID SOFT™.

2.5 Analyses statistiques

La séroprévalence a été déterminée avec des intervalles de confiance (IC) à 95 %. Pour l'analyse des facteurs de risque, une première analyse univariée des données a été menée pour le choix des variables indépendantes associées à la séropositivité au CCHFV à l'aide du test Chi-deux (χ^2) avec une valeur de $p < 0,05$, considérée comme significative.

Un modèle de régression logistique multivarié a été utilisé par la suite, afin d'évaluer la force d'association entre le risque d'infection par le CCHFV et les facteurs de risque potentiels.

L'odds ratios et les intervalles de confiance à 95 % ont également été calculés. Le seuil de signification a été fixé à $p < 0,05$. Les analyses statistiques ont été réalisées à l'aide du logiciel statistique IBM SPSS Statistics 27.0.

3. Résultats & discussion

3.1 Résultats

La présente étude avait pour objectif la détection de la présence de l'infection par le CCHFV chez la population ovine en Algérie. En effet, sur un totale de 276 échantillons de sérums prélevés sur les animaux provenant de cinq régions situées dans le Nord-Est algérien, à savoir Bordj Bou Arreridj (n=92), Mila (n=51), Constantine (n=47), Annaba (n=52) et El Tarf (n=34), le test ELISA a révélé 108 cas séropositifs (39,13% ; IC 95 % : 33,34-44,92%), pour les anticorps anti-CCHFV, dont les taux variaient de 19,23% (IC 95 % : 8,15-30,31%) à 57,61% (IC 95 % : 47,32-67,90%) selon la région d'étude (Figure 21 ; Figure 22; Tableau7).

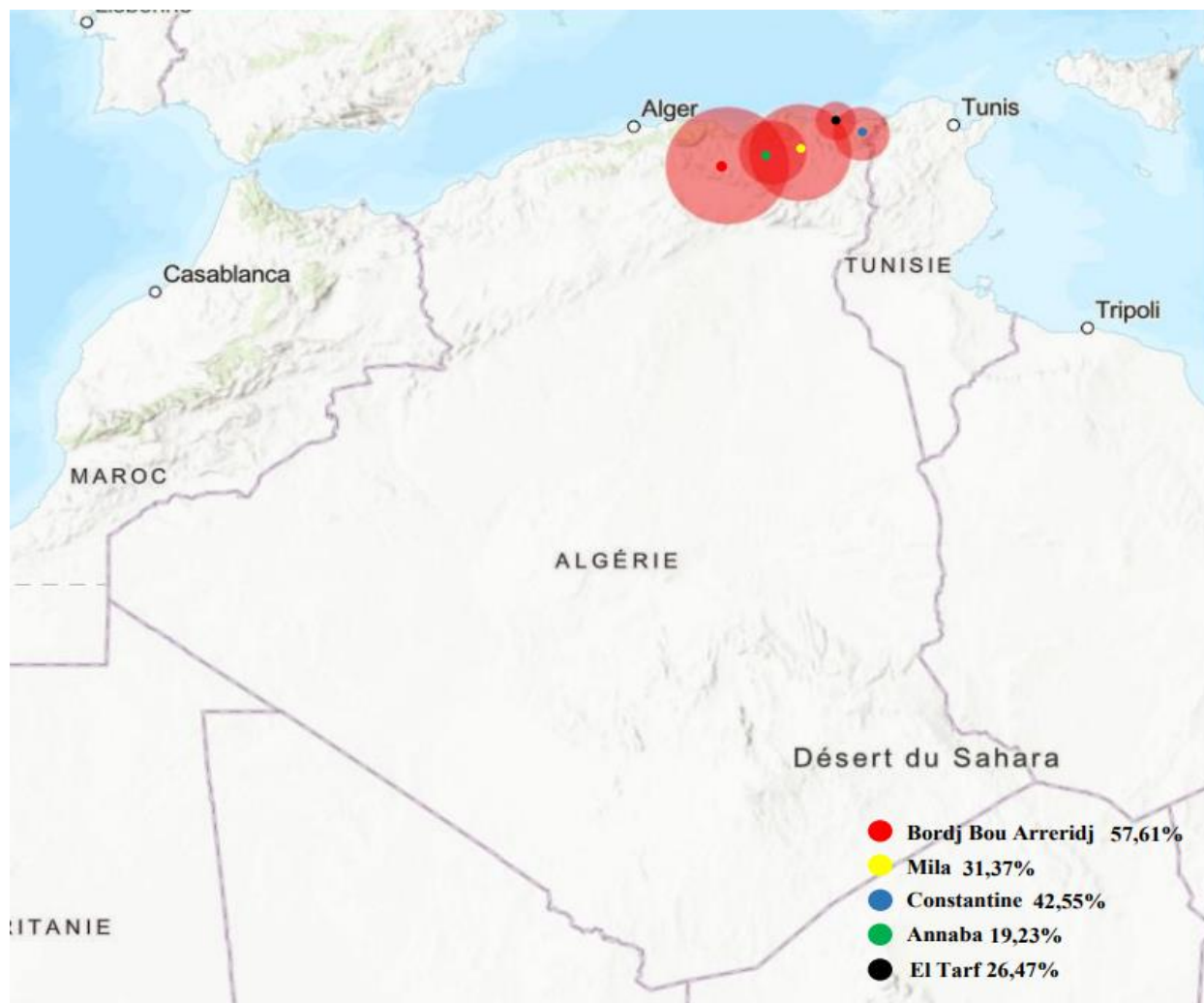


Figure 21: Répartition de la séroprévalence du CCHFV dans la région d'étude.

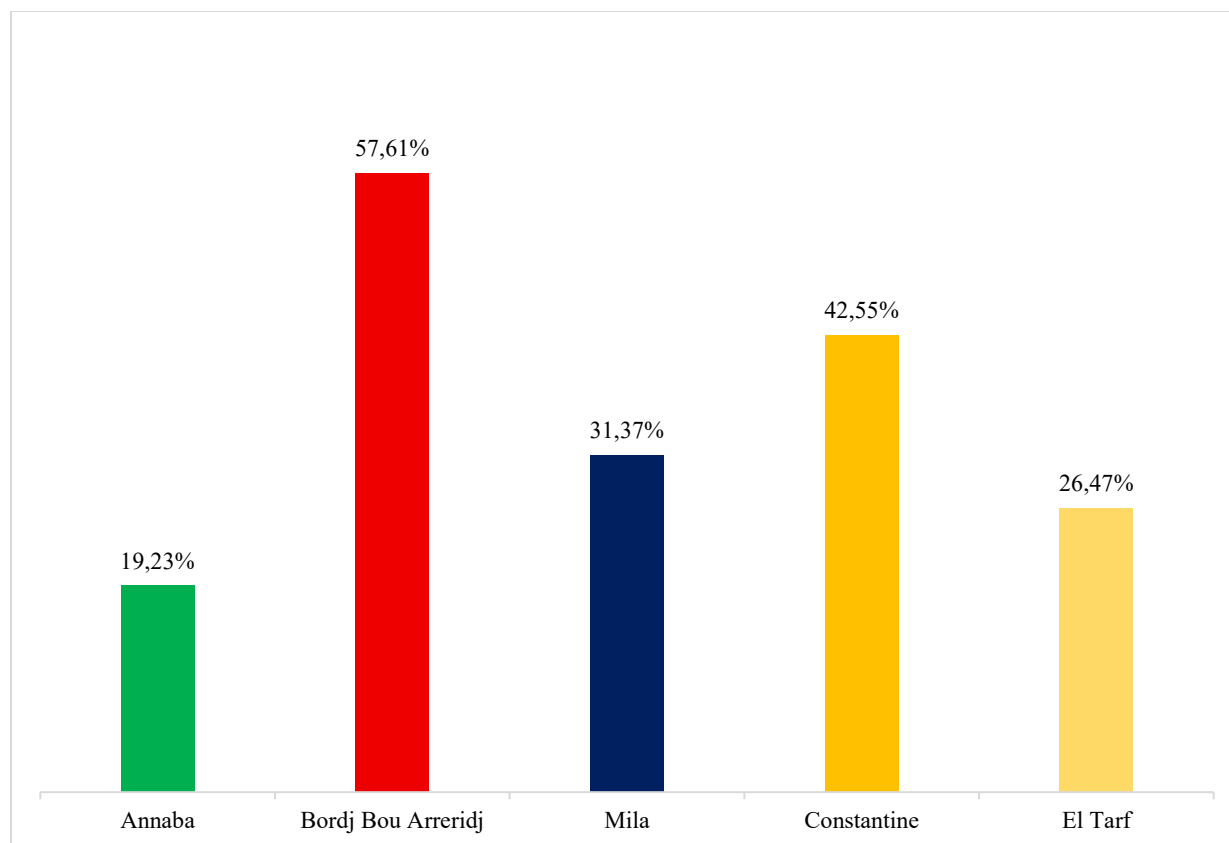


Figure 22 : Taux de séroprévalence du CCHFV par région d'étude.

Les résultats de l'analyse univariée (**Tableau 7**) montrent une différence marquée entre les prévalences enregistrées dans les différentes régions d'études ($P < 0,001$) dont la plus élevée est rapportée à Bordj Bou Arreridj (57,61%). Aussi, le groupe d'animaux âgés de 2 à 4 ans a présenté une prévalence significativement plus élevée que celle du groupe des plus jeunes ($P < 0,001$). Il en est de même, pour le type d'élevage et le sexe des animaux ou une prévalence significativement plus élevée ($P < 0,001$) a été détectée dans les élevages mixtes comparativement aux élevages exclusivement ovins, aussi bien chez les femelles que chez les males ($P < 0,001$).

En outre, bien que la prévalence observée dans les élevages semi-intensifs 41,04 % (IC 95 % : 34,62-47,46%) est plus élevée que dans les élevages intensifs 29,78 % (IC 95 % : 16,21-43,35%), aucune influence du système de gestion de l'exploitation n'a été démontrée statistiquement ($P=0,15$).

Tableau 7: Analyse univarié des facteurs de risque potentiels

	Variable	Nombre de sérum collecté	Sérum positif pour FHCC	Prévalence, % (95% CI)	Khi carré (χ^2)	P-value
Région	Annaba	52	10	19,23 (8,15-30,31)	25,641	< 0,001
	Bordj Bou Arreridj	92	53	57,61 (47,32-67,90)		
	Mila	51	16	31,37 (18,19-44,55)		
	Constantine	47	20	42,55 (27,88-57,23)		
	El Tarf	34	9	26,47 (10,85-42,10)		
Age	[1-2]	147	30	20,40 (13,81-27)	46,285	< 0,001
	[3-4]	129	78	60,46 (51,91-69,01)		
Sexe	Male	55	10	18,18 (07,65-28,70)	25,641	< 0,001
	Femelle	221	98	44,34 (37,74-50,09)		
Système de gestion	Intensif	47	14	29,78 (16,21-43,35)	2,076	0,15
	Semi- intensif	229	94	41,04 (34,62-47,46)		
Type d'élevage	Exploitations ovines	192	60	31,25 (24,63-37,86)	16,448	< 0,001
	Élevage mixte	84	48	57,14 (46,33-67,94)		

Les résultats de l'analyse de régression logistique multivariée ont mis en évidence trois facteurs de risque potentiels associés à la séropositivité de la FHCC chez les ovins, en particulier la région, l'âge et le type d'élevage (**Tableau 8**).

Tableau 8: Analyse multivariée de l'association entre les facteurs de risque et la séropositivité de l'infection par le CCHFV

Facteurs de risques		Odds Ratio (95% CI)	P-value
Région	Annaba	Référence	
	Bordj Bou Arreridj	5,192 (2,042-13,201)	< 0,001
	Mila	0,921 (0,321-2,644)	0,879
	Constantine	2,242 (0,796-6,312)	0,126
	El Tarf	0,85 (0,264-2,74)	0,786
Age	[1-2]	Référence	
	[3-4]	6,161 (3,271-11,606)	< 0,001
Sexe	Male	Référence	
	Femelle	1,78 (0,761-4,166)	0,184
Type d'élevage	Non mixte	Référence	
	Mixte	2,845 (1,54-5,258)	< 0,001

La région d'étude, a été identifiée comme l'un des facteurs de risque liés à l'infection par le CCHFV. En effet, les animaux de la région de Bordj Bou Arreridj présentaient un risque d'infection plus élevé (OR 5,192, 95 % CI 2,042-13,201, $p < 0,001$) que celui de la région d'Annaba (OR 5,192, 95 % CI 2,042-13,201, $p\text{-value} < 0,001$), où les animaux avaient cinq fois plus de chance d'être infectés par le CCHFV. Néanmoins, aucune différence significative n'a été observée avec les autres régions notamment, la région de Constantine (OR 2,242, 95 % CI 0,796-6,312, $P\text{-value} = 0,126$), Mila (OR 0,921, 95 % CI 0,321-2,644, $P\text{-value} = 0,879$), et El Tarf (OR 0,85, 95 % CI 0,264-2,74, $P\text{-value} = 0,786$).

Par ailleurs, le risque d'infection était fortement associé à l'âge (OR 6.161, 95 % CI 3.271-11.606, $p < 0.001$). En effet, les animaux âgés de 3 à 4 ans, étaient six fois plus susceptibles d'être séropositifs pour l'infection que les jeunes animaux âgés de 1 à 2 ans.

En ce qui concerne le type d'élevage, la présence des bovins augmente le risque d'infection (OR 2,845, 95 % CI 1,54-5,258, $p < 0,001$, c'est ainsi que, l'association entre le type d'élevage et la séroprévalence de la FHCC était significative (OR 2,845, 95 % CI 1,54-5,258, $P\text{-value} < 0,001$).

Quant au sexe, une prévalence de 44,34 % (IC 95 % : 37,74-50,09%) a été enregistrée chez les femelles contre une prévalence de 18,18% (IC 95 % : 07,65%-28,70%) chez les mâles, néanmoins, la séropositivité n'était pas associée au sexe des animaux (OR 1,78, 95 % CI 0,761-4,166, p -value = 0,184).

3.2 Discussion

Bien que la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (FHCC) ait été décrite dans certaines régions d'Afrique, peu d'études suggèrent la circulation du virus dans certaines régions algériennes (Nord du Sahara et la région saharienne), chez les tiques (Kautman et al., 2016) et les dromadaires (Guidoum et al., 2023 ; Degui et al., 2024).

Ce travail a permis de décrire, pour la première fois, la présence d'anticorps anti-CCHFV chez la population ovine en Algérie. En effet, une prévalence globale de 39,13 % (IC 95 % : 34,9-44,7 %) a été rapportée, ce qui indique l'exposition de la population ovine au CCHFV, et constitue, par conséquent, une preuve initiale de la circulation active du virus dans le pays.

Les résultats de cette enquête ont montré des prévalences relativement élevées chez les animaux provenant de l'ensemble de la région ciblées, allant de 19,23% à 57,61% suggérant que le CCHFV est répandu dans toute la zone d'étude et pourrait même être plus étendu sur une grande partie du pays, d'autant plus que des données sérologiques et moléculaires ont été rapportées dans d'autres régions, notamment, à Laghouat, Biskra, El Oued, Touggourt, Ouargla, Tindouf, Adrar et à Ghardaïa (Kautman et al., 2016 ; Guidoum et al., 2023; Degui et al., 2024).

La prévalence globale décrite dans cette étude est comparable à celle rapportée au Kosovo, (41,61 % ; Taraku et al., 2015), en Turquie (39,6 % ; Tekelioğlu et al., 2021) et au Sénégal (38,42 % ; Mhammedi et al., 2022). En revanche, elle est nettement plus élevée que celles observées en Mauritanie (16% ; Schulz et al., 2021), au Niger (3 % ; Mariner et al., 1995) et en Tunisie (1,1 % ; Khamassi Khbou et al., 2021). Des chiffres de 85,71 %, 74%, 76,9% et 57,6 % ont été également rapportés en Turquie, Bulgarie, Iran, et en Iraq, respectivement. (Albayrak et al., 2012 ; Barthel et al., 2014 ; Behrooz et al., 2006 ; Tantawi et al., 1981).

Aussi, les résultats sérologiques de la présente étude ont montré des variations entre différentes régions d'étude, comme il a été rapporté dans divers pays. D'après l'analyse multivariée par régression logistique, les ovins de la région de Bordj Bou Arreridj, étaient 5 fois plus susceptibles d'être séropositifs pour le CCHFV que ceux de la région d'Annaba (OR 5,192, $p < 0.001$). Cet écart, pourrait être expliqué, en partie, par une infection limitée dans l'espace, ou sporadique dans le temps (Wilson et al., 1991; Wilson et al., 1990 a).

Dans l'ensemble, la séroprévalence de la FHCC chez les ovins, varie considérablement d'un pays à l'autre, et souvent d'une région à l'autre, ce qui pourrait être attribué aux caractéristiques épidémiologiques spécifiques à chaque région, (Tuncer et al., 2014) et à la nature endémique de la FHCC. Par ailleurs, plusieurs facteurs, peuvent également influencer la séroprévalence, en particulier, la méthode d'échantillonnage (Ghasemian et al., 2021), la taille de l'échantillon, la densité des animaux dans la zone d'étude, la diversité climatique et géographique, la diversité des espèces de vecteur et leurs abondances, ainsi que la présence diverses espèces de hôtes réservoirs potentiels (Bendary et al., 2022). À cela s'ajoutent le système de gestion du bétail (Atim et al., 2023) et l'efficacité des mesures de prévention et de contrôle, qui constituent également des facteurs de risques (Esmaeel et al., 2021).

L'analyse des facteurs de risque montre que l'âge était le facteur le plus fortement associé à la séropositivité au CCHFV. Les ovins âgés de 3 à 4 ans étaient 6,1 fois plus susceptibles d'être séropositifs que les animaux les plus jeunes (OR 6,161, $p < 0,001$), ce qui corrobore les résultats rapportés par certains auteurs (Mohamed et al., 2008 ; Schulz et al., 2021 ; Li et al., 2024). Ceci semble dû à l'effet cumulatif de l'âge (Bernard et al., 2022; Schulz et al., 2021), au degré et au temps d'exposition aux tiques infectées (Mostafavi et al., 2017), à leur sensibilité à l'infection (Dahourou et al., 2024; Li et al., 2024) et aussi à la sérologie supposée positive pendant plusieurs années (Gonzalez et al., 1998 ; Bernard et al., 2022).

Quant au facteur sexe, des études précédentes concluent à l'absence d'influence de ce dernier sur la prévalence de FHCC chez les ovins (Schulz et al., 2021; Wilson et al., 1990 b ; Li et al., 2024), ce qui concorde avec les résultats de cette étude. Ce constat suggère que l'exposition au virus est

indépendante du sexe chez les ovins, probablement en raison de la pratique similaire en matière de pâturage, et donc, au risque d'exposition aux tiques.

Le type d'élevage semble l'un des facteurs qui peuvent influencer le taux de séroprévalence au sein des élevages ovins. En effet, les élevages mixtes comportant des bovins ont présenté une prévalence significativement plus élevée que celle enregistrée dans les élevages purement ovins. Cela peut s'expliquer par le fait que les bovins représentent l'un des principaux hôtes des tiques du genre *hyalomma* (Benchikh Elfegoun et al, 2019 ; Lotfi & Karima, 2021; Djouaher et al, 2023 ; Lotfi et al, 2023) qui constituent le principal vecteur et réservoir du CCHFV (Whitehouse, 2008 ; Burt & Goedhals, 2015 ; Burt & Goedhals, 2023). Par conséquent, la présence des bovins dans les élevages augmente le risque d'infestation des ovins et donc au risque d'exposition au CCHFV.

La gestion d'élevage est suggérée comme l'un des facteurs de risque qui peut jouer un rôle déterminant dans la séropositivité de la FHCC (Dahourou et al., 2024). En effet, les animaux issus des élevages extensifs sont fortement exposés aux tiques (Kasi et al., 2020), dans la mesure où ils sont moins soumis aux règles de prophylaxie sanitaire correctes, particulièrement, le traitement antiparasitaire, mais aussi bien aux éventuelles interactions qui se produisent fréquemment dans les zones de pâturage avec d'autres troupeaux infectés (Dahourou et al., 2024), ou éventuellement avec la faune sauvage, qui contribue à l'extension de la maladie aux autres animaux (Atim et al., 2023). Dans la présente étude, la séroprévalence enregistrée s'est révélée plus élevée dans les élevages semi-intensifs (41,04%) que dans les élevages intensifs (29,78%). Cependant, cette différence est statistiquement non significative ($\chi^2 = 2,076$; $P=0,15$) du fait, probablement en raison d'un nombre limité d'élevages intensifs testés. De plus, l'introduction de nouveaux animaux porteurs de tiques infectées au sein des élevages, ainsi que l'efficacité variable des traitements antiparasitaires, pourrait représenter des facteurs pertinents à considérer.

Bien que les infections par le CCHFV n'ont pas de répercussions économiques directes sur les animaux d'élevage (Fanelli & Buonavoglia, 2021), leur importance en tant que maladie humaine n'est pas négligeable. En effet, plusieurs modes de transmission du virus à l'homme ont été décrits, contribuant grandement à l'épidémiologie de la maladie. Le plus souvent l'infection se produit suite aux morsures de tiques ou par contact direct avec le sang, les tissus, ou les fluides biologiques

des sujets infectés, humains ou animaux. La voie nosocomiale a été également rapportée (Burney et al , 1980 ; Yadav et al., 2016 ; Tsergouli et al , 2020).

Actuellement, la fièvre hémorragique de Crimée Congo constitue un vrai problème de santé publique, dans le monde, qui prend de l'ampleur suite à la propagation des infections à de nouvelles zones géographiques où la maladie est qualifiée comme émergente (Maltezou & Papa, 2010 ; Bernard et al., 2022). En Afrique, malgré le caractère endémique de la FHCC, la situation épidémiologique reste toujours méconnue (Temur et al , 2021) même si des personnes asymptomatiques ou atteintes d'une forme légère soient fréquemment rapportées (Bodur et al , 2012).

A ce jour, aucun cas clinique humain, n'a encore été observé en Algérie et dans certains pays voisins comme le Maroc, la Libye et le Niger. Néanmoins, des cas d'infections par le CCHFV ont pu être mis en évidence en Tunisie (Wasfi et al., 2016), au Mali (Safronetz et al., 2016), en Mauritanie et au Nigeria, dont certains avait eu une issue fatale à la suite d'une maladie hémorragique (Gonzalez et al , 1990 ; Nabeth et al., 2004).

Actuellement, le CCHFV est considéré comme l'un des arbovirus les plus diversifiées génétiquement (Salehi-Vaziri et al., 2016), avec sept principaux clades à savoir ; clade I (Afrique 2), clade II (Afrique 1), clade III (Europe 2), clade IV (Afrique 3), clade V (Europe 1), clade VI (Asie 1) et clade VII (Asie 2) (Shahhosseini et al., 2021). La diversité génétique des différentes souches semble avoir un effet sur la pathogénicité chez l'homme. En effet, les souches de la lignée *Europe 2* sont considérées comme moins pathogènes relativement aux isolats d'autres lignées. C'est pourquoi les scientifiques suggèrent que le taux de mortalité variable est l'une des conséquences de cette diversité (Midilli et al., 2009 ; Hua et al., 2020).

L'absence de cas humain en Algérie, malgré le taux de séropositivité élevé enregistré aussi bien chez le dromadaire (Guidoum et al., 2023 ; Degui et al., 2024) que celui rapporté au cours de cette étude chez les ovins, pourrait être expliquée par le type de souche virale circulant dans notre pays comme cela a été suggéré dans certaines régions de la Grèce (Reynard et al., 2021). En effet, en Europe, deux lignées génétiquement distinctes du CCHFV ont été décrites : La lignée *Europe 1*,

composée de souches pathogènes, et la lignée *Europe 2*, supposée moins pathogène (Salehi-Vaziri et al., 2016 ; Uyar et al., 2011), renfermant la souche *AP92* et des souches étroitement apparentées (Dinçer et al., 2017). La souche *AP92* a été initialement isolée en 1975, chez des tiques au Nord de la Grèce (Papadopoulos & Koptopoulos, 1980). Des souches similaires *AP92-like*, ont été signalées par la suite en Turquie, en Grèce, au Kosovo en Iran et en Bulgarie (Papadopoulos & Koptopoulos, 1980 ; Midilli et al., 2009 ; Papa et al., 2014 ; Panayotova et al., 2016 ; Sherifi et al., 2018 ; Papa et al., 2018b ; Ergünay et al., 2020), mais également en Algérie (Kautman et al., 2016). L'infection par les souches appartenant à la lignée *Europe 2* est souvent associée à des cas bénins ou de formes inapparentes (Salehi-Vaziri et al., 2016). Néanmoins, des formes cliniques d'une maladie fébrile ont également été décrites en Turquie (Midilli et al., 2009 ; Elevli et al., 2010) dont un cas fatal rapporté en Iran (Salehi-Vaziri et al., 2016).

La grande diversité des séquences du CCHFV, ainsi que les caractéristiques génétiques des virus à ARN fournissent des mécanismes potentiellement importants dans la genèse et la dynamique de la diversité génétique (Zhou et al., 2013 ; Burt & Goedhals, 2015), ce qui augmente la probabilité d'émergence de nouveaux variants et parfois la dissémination et l'adaptation à de nouvelles régions géographiques, ainsi que la circulation dans des populations sensibles et l'établissement de nouveaux foyers endémiques (Shahhosseini et al., 2021). De plus, d'autres facteurs tels que la migration ou le transport des oiseaux, le mouvement de bétail, et le changement climatique ont grandement contribué à l'évolution de la distribution du vecteur et à la dispersion du CCHFV, une raison pour laquelle des géotypes similaires ont été établis dans des zones géographiques éloignées (Hewson, 2007 ; Reynard et al., 2021 ; Bernard et al., 2022).

4. Conclusion

Cette étude a permis de mettre en évidence, pour la première fois en Algérie, l'infection de l'espèce ovine par le CCHFV. Les résultats obtenus soulignent l'importance que revêtent les ovins dans l'épidémiologie de la FHCC, et, par conséquent, leur rôle crucial dans les enquêtes épidémiologiques. En outre, la région, l'âge et le type d'élevage sont établis comme des facteurs de risque potentiel associés à l'exposition au CCHFV. Des études plus approfondies devraient être menées ultérieurement, pour permettre une meilleure connaissance de l'épidémiologie de cette maladie en Algérie.

Conclusion générale et perspectives

L'objectif de cette thèse était l'étude des maladies transmises par les tiques dans le Nord-Est Algérien, principalement, la maladie de la fièvre hémorragique de la Crimée Congo (CCHFV) au sein de la population ovine dans le Nord-Est algérien. Ces maladies représentent un enjeu majeur de santé.

Nos travaux ont permis, de souligner la diversité d'agents pathogènes associés aux tiques et de leurs hôtes, de leur vaste répartition géographique, ainsi que l'importance croissante des maladies à tiques en Algérie. Ils ont permis, également, d'établir l'importance de la faune sauvage en tant qu'hôte de diverses espèces de tiques pouvant constituer un réservoir d'agents pathogènes à l'origine de diverses maladies transmissibles à l'homme. En fin, nos travaux ont mis en évidence l'infection par le CCHFV à l'origine de la maladie émergente, la fièvre hémorragique de Crimée Congo, qui était jusque-là peu connue en Algérie.

En perspectives, il apparaît essentiel d'approfondir les recherches sur les tiques et les maladies qu'elles transmettent en général, et pour la FHCC, en particulier, ainsi que l'évaluation de leurs impacts sur la santé. Pour cela, il est envisagé de mener les études suivantes :

- **Caractérisation moléculaire et phylogénétique** des souches virales circulantes dans les différentes régions du pays, afin d'évaluer leur diversité et leur potentiel pathogène pour l'homme ;
- **Identification des hôtes réservoirs** (domestiques et sauvages) impliqués dans le maintien du cycle viral ;
- **Élaboration de cartes épidémiologiques**, intégrant des données épidémiologiques, environnementales, climatiques et entomologiques ;
- **Évaluation des facteurs de risque éco-épidémiologiques** influençant la transmission et la circulation virale ;
- **Développement de stratégies de lutte contre les tiques**, adaptées au contexte local ;
- **Mise en place d'un système de veille sanitaire** afin de détecter et d'anticiper d'éventuelles menaces pour la santé publique.

Ceci permettra une meilleure compréhension des mécanismes d'infection et de circulation de l'agent pathogène et de ses interactions avec ses hôtes afin de développer et mettre en place des stratégies de prévention, de contrôle et de lutte efficaces et adaptés.

Références bibliographiques

Abdelali, S. K., Aissaoui, L., Maitre, A., Piloto-Sardiñas, E., Julie, C., Foucault-Simonin, A., ... & Cabezas-Cruz, A. (2024). Guild Dynamics and Pathogen Interactions in Hyalomma Ticks From Algerian Cattle. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2024(1), 5384559.

Abdelbaset, A. E., Kwak, M. L., Nonaka, N., & Nakao, R. (2023). Human-biting ticks and zoonotic tick-borne pathogens in North Africa: diversity, distribution, and trans-Mediterranean public health challenges. *One health* (Amsterdam, Netherlands), 16, 100547. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2023.100547>

Abdelkadir, K., Palomar, A. M., Portillo, A., Oteo, J. A., Ait-Oudhia, K., & Khelef, D. (2019). Presence of *Rickettsia aeschlimannii*, 'Candidatus *Rickettsia barbariae*' and *Coxiella burnetii* in ticks from livestock in Northwestern Algeria. *Ticks and tick-borne diseases*, 10(4), 924–928. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2019.04.018>

Abdulall, A. K., Zaki, A. M., Raslan, F., & Bendary, H. A. (2023). Prevalence of Tick-Borne Viruses from Ticks Breeding on Camels Imported to Egypt During the Period from January 2019 to April 2021. *Azhar International Journal of Pharmaceutical and Medical Sciences*, 3(1), 64-77.

Adam, I. A., Mahmoud, M. A., & Aradaib, I. E. (2013). A seroepidemiological survey of Crimean Congo hemorrhagic fever among Cattle in North Kordufan State, Sudan. *Virology Journal*, 10, 1-6.

Agag, S., Kaidi, R., & Khelef, D. (2016). Séroprévalence de la fièvre Q chez les bovins de la région de Bejaïa (Algérie). *Revue d'élevage Et De médecine vétérinaire Des Pays Tropicaux*, 69(4), 155–159. <https://doi.org/10.19182/remvt.31200>

Ahata, B., & Akçapınar, G. B. (2023). CCHFV vaccine development, current challenges, limitations, and future directions. *Frontiers in immunology*, 14, 1238882. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2023.1238882>

Ahmed, A., Ali, Y., Salim, B., Dietrich, I., & Zinsstag, J. (2022). Epidemics of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever (CCHF) in Sudan between 2010 and 2020. *Microorganisms*, 10(5), 928. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10050928>

- Ahmed, A., Dietrich, I., LaBeaud, A. D., Lindsay, S. W., Musa, A., & Weaver, S. C. (2020). Risks and challenges of arboviral diseases in Sudan: the urgent need for actions. *Viruses*, 12(1), 81.
- Akıncı, E., Bodur, H., & Leblebicioglu, H. (2013). Pathogenesis of Crimean-Congo hemorrhagic fever. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 13(7), 429–437. <https://doi.org/10.1089/vbz.2012.1061>
- Albayrak, H., Ozan, E., & Kurt, M. (2012). Serosurvey and molecular detection of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus (CCHFV) in northern Turkey. *Tropical animal health and production*, 44(7), 1667–1671. <https://doi.org/10.1007/s11250-012-0122-4>
- Alem, A., & Hadji, N. (1999). ETUDE CLINICO-SEROLOGIQUE DE LA MALADIE DE LYME EN ALGERIE (1996–1999). *Archives de l’Institut Pasteur d’Algérie*, 63.
- Ammam, I., Brunet, C. D., Boukenaoui-Ferrouk, N., Peyroux, J., Berthier, S., Boutonnat, J., . . . Maurin, M. (2022). *Francisella tularensis* PCR detection in Cape hares (*Lepus capensis*) and wild rabbits (*Oryctolagus cuniculus*) in Algeria. *Scientific Reports*, 12(1), 21451. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-25188-0>
- Angelakis, E., & Raoult, D. (2010a). Q Fever. *Veterinary microbiology*, 140(3-4), 297–309. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2009.07.016>
- Angelakis, E., Billeter, S. A., Breitschwerdt, E. B., Chomel, B. B., & Raoult, D. (2010b). Potential for tick-borne bartonellosis. *Emerging infectious diseases*, 16(3), 385–391. <https://doi.org/10.3201/eid1603.081685>
- Angelakis, E., Mediannikov, O., Socolovschi, C., Mouffok, N., Bassene, H., Tall, A., Niangaly, H., Doumbo, O., Znazen, A., Sarih, M., Sokhna, C., & Raoult, D. (2014). *Coxiella burnetii*-positive PCR in febrile patients in rural and urban Africa. *International journal of infectious diseases: IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases*, 28, 107–110. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2014.05.029>
- Ansel, S., Benfodil, K., Cherif, A. M., Abdelli, A., Kaidi, R., Miroud, K., & Ait-Oudhia, K. (2020). *Coxiella Burnetii* in Horses of Algeria : Seroprevalence and Associated Risk Factors. *World's Veterinary Journal*, (4), 602-608. DOI : <https://dx.doi.org/10.54203/scil.2020.wvj72>

Anses. (2023). Analyse des risques pour la santé humaine et animale liés aux tiques du genre *Hyalomma* en France. Avis de l'Anses Rapport d'expertise collective. <https://www.anses.fr/fr/system/files/SABA2020SA0039Ra.pdf>

Aouadi, A., Leulmi, H., Boucheikhchoukh, M., Benakhla, A., Raoult, D., & Parola, P. (2017). Molecular evidence of tick-borne hemoprotozoan-parasites (*Theileria ovis* and *Babesia ovis*) and bacteria in ticks and blood from small ruminants in Northern Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 50, 34–39. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2016.11.008>

Aouadi, N., Benkacimi, L., Zan Diarra, A., Laroche, M., Bérenger, J. M., Bitam, I., & Parola, P. (2022). Microorganisms associated with the North African hedgehog *Atelerix algirus* and its parasitizing arthropods in Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 80, 101726. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2021.101726>

Aradaib, I. E., Erickson, B. R., Karsany, M. S., Khristova, M. L., Elageb, R. M., Mohamed, M. E., & Nichol, S. T. (2011). Multiple Crimean-Congo hemorrhagic fever virus strains are associated with disease outbreaks in Sudan, 2008-2009. *PLoS neglected tropical diseases*, 5(5), e1159. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001159>

Aradaib, I. E., Erickson, B. R., Mustafa, M. E., Khristova, M. L., Saeed, N. S., Elageb, R. M., & Nichol, S. T. (2010). Nosocomial outbreak of Crimean-Congo hemorrhagic fever, Sudan. *Emerging infectious diseases*, 16(5), 837–839. <https://doi.org/10.3201/eid1605.091815>

Arendt, M., Stadler, J., Ritzmann, M., Ade, J., Hoelzle, K., & Hoelzle, L. E. (2024). Hemotrophic Mycoplasmas—Vector Transmission in Livestock. *Microorganisms*, 12(7), 1278. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12071278>

Aslam, S., Latif, M. S., Daud, M., Rahman, Z. U., Tabassum, B., Riaz, M. S., Khan, A., Tariq, M., & Husnain, T. (2016). Crimean-Congo hemorrhagic fever: Risk factors and control measures for the infection abatement. *Biomedical reports*, 4(1), 15–20. <https://doi.org/10.3892/br.2015.545>

Atim, S. A., Niebel, M., Ashraf, S., Vudriko, P., Odongo, S., Balinandi, S., Aber, P., Bameka, R., Ademun, A. R., Masembe, C., Tweyongyere, R., & Thomson, E. C. (2023). Prevalence of Crimean-Congo haemorrhagic fever in livestock following a confirmed human case in Lyantonde district, Uganda. *Parasites & vectors*, 16(1), 7. <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05588-x>

- Ayeh-Kumi, P. F., Owusu, I. A., Tetteh-Quarcoo, P. B., Dayie, N. T. K. D., Adutwum-Ofosu, K. K., Amponsah, S. K., Udofia, E. A., Afutu, E., Attah, S. K., Armah, R., Aryee, R., Kotey, F. C. N., Niriwa, B. P., Opintan, J. A., Donkor, E. S., & Ahenkorah, J. (2022). Preliminary Investigation into Plasmodium-like Piroplasms (*Babesia/Theileria*) among Cattle, Dogs and Humans in A Malaria-Endemic, Resource-Limited Sub-Saharan African City. *Medical sciences (Basel, Switzerland)*, 10(1), 10. <https://doi.org/10.3390/medsci10010010>
- Aziz, M. U., Hussain, S., Song, B., Ghauri, H. N., Zeb, J., & Sparagano, O. A. (2022). Ehrlichiosis in Dogs: A Comprehensive Review about the Pathogen and Its Vectors with Emphasis on South and East Asian Countries. *Veterinary sciences*, 10(1), 21. <https://doi.org/10.3390/vetsci10010021>
- Azzag, N., Haddad, N., Durand, B., Petit, E., Ammouche, A., Chomel, B., & Boulouis, H. J. (2012). Population structure of *Bartonella henselae* in Algerian urban stray cats. *PloS one*, 7(8), e43621. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0043621>
- Azzag, N., Petit, E., Gandoin, C., Bouillin, C., Ghalimi, F., Haddad, N., & Boulouis, H. J. (2015). Prevalence of select vector-borne pathogens in stray and client-owned dogs from Algiers. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 38, 1–7. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2015.01.001>
- Balážová, A., Václavík, T., Baláž, V., & Šíroky, P. (2024). *Borrelia miyamotoi* and *Borrelia burgdorferi* sensu lato widespread in urban areas of the Czech Republic. *Parasites & vectors*, 17(1), 513. <https://doi.org/10.1186/s13071-024-06549-2>
- Barthel, R., Mohareb, E., Younan, R., Gladnishka, T., Kalvatchev, N., Moemen, A., Mansour, S. S., Rossi, C., Schoepp, R., & Christova, I. (2014). Seroprevalance of Crimean-Congo haemorrhagic fever in Bulgarian livestock. *Biotechnology, biotechnological equipment*, 28(3), 540–542. <https://doi.org/10.1080/13102818.2014.931685>
- Bartíková, P., Holíková, V., Kazimírová, M., & Štibrániová, I. (2017). Tick-borne viruses. *Acta virologica*, 61(4), 413–427. https://doi.org/10.4149/av_2017_403
- Bartolini, B., Gruber, C. E., Koopmans, M., Avšič, T., Bino, S., Christova, I., Grunow, R., Hewson, R., Korukluoglu, G., Lemos, C. M., Mirazimi, A., Papa, A., Sanchez-Seco, M. P., Sauer, A. V., Zeller, H., Nisii, C., Capobianchi, M. R., Ippolito, G., Reusken, C. B., & Di Caro, A. (2019).

Laboratory management of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus infections: perspectives from two European networks. *Euro surveillance : bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin*, 24(5), 1800093. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2019.24.5.1800093>

Bautista, J. F. G., de Asís Ramirez, F., & Padilla, A. S. (2022). Ehrlichia, Anaplasma and Related Bacteria. In N. Rezaei (Ed.), *Encyclopedia of Infection and Immunity* (pp. 749-753). Oxford: Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-818731-9.00210-X>

Baziz-Neffah, F., Bitam, I., Kernif, T., Beneldjouzi, A., Boutellis, A., Berenger, J.-M., . . . Doumandji, S. (2015). contribution à la connaissance des ectoparasites d'oiseaux en algérie. *Bulletin de la Société zoologique de France*, 140 (1-4), 81-98.

Becir, F., Chetoui, M. B., Bitam, I., & Bouslama, Z. (2015). Atelerix Algirus Ectoparasites of El-Kala National Park (Algeria). *Int Proc Chem Biol Environ Eng (IPCBEE)*, 84, 147-51. DOI: 10.7763/IPCBEE. 2015. V84. 26

Becir, F., Hannachi, H., Bitam, I., M'Barek Chetoui, & Bouslama, Z. (2012). *Rattus Rattus* Parasites of El-Kala National Park (Algeria). INTECH Open Access Publisher.

Behrooz, A., Sadegh, C., Mohammad, D., Navid, J., Morteza, I., Owrang, E., Mehdi, M., Masoud, M. (2006). Seroepidemiology of Crimean-Congo hemorrhagic fever in the local and imported sheep in Isfahan province, Iran, 2002. *Iranian Journal of Clinical Infectious Diseases*, 1 (1), 19-23

Belarbi, O., Hatteb, S., Ahmed, H. S., Belkhamisa, O., & Daoudi, S. (2017). Méningo-radiculite aiguë révélant une tularémie. *Revue neurologique*, 173, S159. <https://doi.org/10.1016/j.neurol.2017.01.297>

Belhouari, A., Souames, S., Berrama, Z., & Ouchene, N. (2022). Seroprevalence of Q fever among ewes and associated risk factors in Ain Defla region, North-central Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 87, 101853. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2022.101853>

Bellabidi, M., Benaissa, M. H., Bissati-Bouafia, S., Harrat, Z., Brahmi, K., & Kernif, T. (2020). *Coxiella burnetii* in camels (*Camelus dromedarius*) from Algeria: Seroprevalence, molecular

characterization, and ticks (Acari: Ixodidae) vectors. *Acta tropica*, 206, 105443. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2020.105443>

Belobo, J. T. E., Kenmoe, S., Kengne-Nde, C., Emoh, C. P. D., Bowo-Ngandji, A., Tchatchouang, S., Sowe Wobessi, J. N., Mbongue Mikangue, C. A., Tazokong, H. R., Kingue Bebey, S. R., Atembeh Noura, E., Ka'e, A. C., Guiamdjo Simo, R. E., Modiyinji, A. F., Ngongang, D. T., Che, E., Kenfack, S., Nzukui, N. D., Amvongo Adjia, N., Babassagana, I. T., ... Njouom, R. (2021). Worldwide epidemiology of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in humans, ticks and other animal species, a systematic review and meta-analysis. *PLoS neglected tropical diseases*, 15(4), e0009299. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009299>

Benabdellah, A., Mouffok, N., Bensaad, M., Belkadi Kouied, A., & Razik, F. (2007). Mediterranean-spotted fever: clinical and laboratory characteristics of 34 children in Oran (Algeria). *Pathologie-biologie*, 55(10), 539–542. <https://doi.org/10.1016/j.patbio.2007.07.016>

Benaissa, M. H., Ansel, S., Mohamed-Cherif, A., Benfodil, K., Khelef, D., Youngs, C. R., Kaidi, R., & Ait-Oudhia, K. (2017). Seroprevalence and risk factors for *Coxiella burnetii*, the causative agent of Q fever in the dromedary camel (*Camelus dromedarius*) population in Algeria. *The Onderstepoort journal of veterinary research*, 84(1), e1–e7. <https://doi.org/10.4102/ojvr.v84i1.1461>

Benchikh Elfegoun, M. C., Gharbi, M., Djebir, S., & Kohil, K. (2013). Dynamique d'activité saisonnière des tiques ixodidés parasites des bovins dans deux étages bioclimatiques du nord-est algérien. *Revue d'élevage Et De médecine vétérinaire Des Pays Tropicaux*, 66(4), 117–122. <https://doi.org/10.19182/remvt.10150>

Benchikh Elfegoun, M. C., Gharbi, M., Merzekani, Z., & Kohil, K. (2017). Piroplasmoses bovines dans les provinces de Skikda et d'Oum El Bouaghi (nord-est de l'Algérie) : étude épidémiologique et estimation des pertes de production laitière. *Revue d'élevage Et De médecine vétérinaire Des Pays Tropicaux*, 70(3), 105–110. <https://doi.org/10.19182/remvt.31519>

Benchikh Elfegoun, M. C., Kohil, K., Gharbi, M., Afoutni, L., & Benachour, M. L. (2019). Cinétique d'infestation par les tiques des bovins de la région subhumide de Constantine en Algérie. *Revue d'élevage Et De médecine vétérinaire Des Pays Tropicaux*, 72(1), 41–45. <https://doi.org/10.19182/remvt.31726>

- Bendary, H. A., Rasslan, F., Wainwright, M., Alfarraj, S., Zaki, A. M., & Abdulall, A. K. (2022). Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in ticks collected from imported camels in Egypt. *Saudi journal of biological sciences*, 29(4), 2597–2603. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.12.043>
- Bendary, H. A., Rasslan, F., Wainwright, M., Alfarraj, S., Zaki, A. M., & Abdulall, A. K. (2022). Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in ticks collected from imported camels in Egypt. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 29(4), 2597-2603.
- Bendjeddou, M. L., Bitam, I., Abiadh, A., Bouslama, Z., & Amr, Z. S. (2013). New records of arthropod ectoparasites of bats from north-eastern Algeria. *Jordan Journal of Biological Sciences*, 147(916), 1-4.
- Bendjeddou, M. L., Bouslama, Z., Amr, Z. S., & BaniHani, R. (2016). Infestation and seasonal activity of *Ixodes vespertilionis* Koch, 1844 (Acari : Ixodidae) on the Maghreb mouse-eared bat, *Myotis punicus* Felten, 1977, in northeastern Algeria. *Journal of vector ecology : journal of the Society for Vector Ecology*, 41(1), 110–113. <https://doi.org/10.1111/jvec.12201>
- Bendjeddou, M. L., Loumassine, H. A., Scheffler, I., Bouslama, Z., & Amr, Z. (2017). Bat ectoparasites (Nycteribiidae, Streblidae, Siphonaptera, Heteroptera, Mesostigmata, Argasidae, and Ixodidae) from Algeria. *Journal of vector ecology : journal of the Society for Vector Ecology*, 42(1), 13–23. <https://doi.org/10.1111/jvec.12235>
- Bendjoudi, D., Yedou, W., Beneldjouzi, A., Mechouk, N., & Bendjeddou, M. L. (2019). On Bat Ectoparasites (Nycteribiidae, Streblidae, Siphonaptera, Mesostigmata And Ixodidae) From Chrea National Park (Central Atlas Mountains) Algeria. *Bull Soc Zool Fr*, 144, 67-76.
- Benfenatki, A., Benfodil, K., Miroud, K., Zenia, S., Khelef, D., & Ait-Oudhia, K. (2022). Equine piroplasmosis in northern Algeria: Haematological and serological parameters. *Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society*, 73(2), 3971–3978. <https://doi.org/10.12681/jhvms.25493>
- Benredjem, W., Leulmi, H., Bitam, I., Raoult, D., & Parola, P. (2014). *Borrelia garinii* and *Rickettsia monacensis* in *Ixodes ricinus* ticks, Algeria. *Emerging infectious diseases*, 20(10), 1776–1777. <https://doi.org/10.3201/eid2010.140265>

Benslimani, A., Fenollar, F., Lepidi, H., & Raoult, D. (2005). Bacterial zoonoses and infective endocarditis, Algeria. *Emerging infectious diseases*, 11(2), 216–224. <https://doi.org/10.3201/eid1102.040668>

Benslimani, A., Fenollar, F., Lepidi, H., Bourezag, S. E., Bougherbal, R., Issad, M. S., ... & Raoult, D. (2007). Rôle de Bartonella quintana dans les endocardites infectieuses en Algérie. *Revue Francophone des Laboratoires*, 2007(396), 11-16.

Bente, D. A., Forrester, N. L., Watts, D. M., McAuley, A. J., Whitehouse, C. A., & Bray, M. (2013). Crimean-Congo hemorrhagic fever: History, epidemiology, pathogenesis, clinical syndrome and genetic diversity. *Antiviral Research*, 100(1), 159-189. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2013.07.006>

Bento, J. T., Dahmane, A., Santos-Silva, S., Reghaissia, N., Almeida, D., & Mesquita, J. R. (2023). Antibody-Based Assessment of Coxiella burnetii Circulation in Algerian Goat Herds. *Animals : an open access journal from MDPI*, 13(18), 2926. <https://doi.org/10.3390/ani13182926>

Benyahia, H., Diarra, A. Z., Gherissi, D. E., Bérenger, J. M., Benakhla, A., & Parola, P. (2022). Molecular and MALDI-TOF MS characterisation of Hyalomma aegyptium ticks collected from turtles and their associated microorganisms in Algeria. *Ticks and tick-borne diseases*, 13(1), 101858. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2021.101858>

Bernard, C., Holzmüller, P., Bah, M. T., Bastien, M., Combes, B., Jori, F., Grosbois, V., & Vial, L. (2022). Systematic Review on Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Enzootic Cycle and Factors Favoring Virus Transmission: Special Focus on France, an Apparently Free-Disease Area in Europe. *Frontiers in veterinary science*, 9, 932304. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.932304>

Bessas, A., Leulmi, H., Bitam, I., Zaidi, S., Ait-Oudhia, K., Raoult, D., & Parola, P. (2016). Molecular evidence of vector-borne pathogens in dogs and cats and their ectoparasites in Algiers, Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 45, 23–28. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2016.01.002>

Bessas, A., Zaidi, S., Noui, A., Hezil, D., Zenia, S., & Bitam, I. (2022). Molecular detection of vector-borne bacterial pathogens in dromedary camels from Algeria. *African Journal of Clinical and Experimental Microbiology*, 23(2), 201-208. <https://dx.doi.org/10.4314/ajcem.v23i2.11>

- Bhowmick, S., Kasi, K. K., Gethmann, J., Fischer, S., Conraths, F. J., Sokolov, I. M., & Lentz, H. H. K. (2022). Ticks on the Run: A Mathematical Model of Crimean-Congo Haemorrhagic Fever (CCHF)-Key Factors for Transmission. *Epidemiologia (Basel, Switzerland)*, 3(1), 116–134. <https://doi.org/10.3390/epidemiologia3010010>
- Billeter, S. A., Cáceres, A. G., Gonzales-Hidalgo, J., Luna-Caypo, D., & Kosoy, M. Y. (2011). Molecular detection of Bartonella species in ticks from Peru. *Journal of medical entomology*, 48(6), 1257-1260.
- Bitam, I., Kernif, T., Harrat, Z., Parola, P., & Raoult, D. (2009b). First detection of Rickettsia aeschlimannii in Hyalomma aegyptium from Algeria. *Clinical microbiology and infection : the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 15 Suppl 2, 253–254. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2008.02274.x>
- Bitam, I., Parola, P., Matsumoto, K., Rolain, J. M., Baziz, B., Boubidi, S. C., Harrat, Z., Belkaid, M., & Raoult, D. (2006). First molecular detection of R. conorii, R. aeschlimannii, and R. massiliae in ticks from Algeria. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1078, 368–372. <https://doi.org/10.1196/annals.1374.073>
- Bitam, I., Rolain, J. M., Kernif, T., Baziz, B., Parola, P., & Raoult, D. (2009a). Bartonella species detected in rodents and hedgehogs from Algeria. *Clinical microbiology and infection : the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 15 Suppl 2, 102–103. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2008.02180.x>
- Bitam, I., Rolain, J. M., Nicolas, V., Tsai, Y. L., Parola, P., Gundi, V. A., ... & Raoult, D. (2012). A multi-gene analysis of diversity of Bartonella detected in fleas from Algeria. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 35(1), 71-76.
- Bodur, H., Akinci, E., Ascioglu, S., Öngürü, P., & Uyar, Y. (2012). Subclinical infections with Crimean-Congo hemorrhagic fever virus, Turkey. *Emerging infectious diseases*, 18(4), 640–642. <https://doi.org/10.3201/eid1804.111374>
- Boodman, C., Gupta, N., van Griensven, J., & Van Bortel, W. (2024). Bartonella quintana detection among arthropods and their hosts: a systematic review and meta-analysis. *Parasites & Vectors*, 17(1), 328.

Bouaicha, F., Eisenbarth, A., Elati, K., Schulz, A., Ben Smida, B., Bouajila, M., Sassi, L., Rekik, M., Groschup, M. H., & Khamassi Khbou, M. (2021). Epidemiological investigation of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus infection among the one-humped camels (*Camelus dromedarius*) in southern Tunisia. *Ticks and tick-borne diseases*, 12(1), 101601. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101601>

Bouaicha, F., Eisenbarth, A., Elati, K., Schulz, A., Smida, B. B., Bouajila, M., . . . Khbou, M. K. (2021). Epidemiological investigation of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus infection among the one-humped camels (*Camelus dromedarius*) in southern Tunisia. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 12(1), 101601.

Bouchaib, H., & Parola, P. (2023). Fièvres éruptives : Les rickettsioses, une réalité sous-estimée. *Algerian Journal of Medical and Health Research*, 2 (2), 21- 35 .

Bouchaib, H., Eldin, C., Laroche, M., Raoult, D., & Parola, P. (2018). Tick- and flea-borne rickettsioses in Tizi-Ouzou, Algeria: Implications for travel medicine. *Travel medicine and infectious disease*, 26, 51–57. <https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2018.11.005>

Boucheikhchoukh, M., Laroche, M., Aouadi, A., Dib, L., Benakhla, A., Raoult, D., & Parola, P. (2018). MALDI-TOF MS identification of ticks of domestic and wild animals in Algeria and molecular detection of associated microorganisms. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 57, 39–49. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2018.05.002>

Boucheikhchoukh, M., Mechouk, N., Benakhla, A., Raoult, D., & Parola, P. (2019). Molecular evidence of bacteria in *Melophagus ovinus* sheep keds and *Hippobosca equina* forest flies collected from sheep and horses in northeastern Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 65, 103-109.

Boulanger, N., & McCoy, K. (2015). Introduction. In K. D. McCoy & N. Boulanger (éds.), *Tiques et maladies à tiques*. Marseille : IRD Éditions. <https://doi.org/10.4000/books.irdeditions.9012>

Boulanger, N., & McCoy, K. (2017). Chapitre 25. Les tiques (Acari : Ixodida). In G. Duvallet, D. Fontenille, & V. Robert (éds.), *Entomologie médicale et vétérinaire* (1). IRD Éditions. <https://doi.org/10.4000/books.irdeditions.22142>

Boulanger, N., & Stachurski, F. (2016). Contrôle des populations de tiques et prévention : aspects vétérinaires et humains.

Boulanger, N., Boyer, P., Talagrand-Reboul, E., & Hansmann, Y. (2019). Ticks and tick-borne diseases. *Medecine et maladies infectieuses*, 49(2), 87–97. <https://doi.org/10.1016/j.medmal.2019.01.007>

Boularias, G., Azzag, N., Galon, C., Šimo, L., Boulouis, H. J., & Moutailler, S. (2021). High-Throughput Microfluidic Real-Time PCR for the Detection of Multiple Microorganisms in Ixodid Cattle Ticks in Northeast Algeria. *Pathogens* (Basel, Switzerland), 10(3), 362. <https://doi.org/10.3390/pathogens10030362>

Boularias, G., Azzag, N., Gandoin, C., Bouillin, C., Chomel, B., Haddad, N., & Boulouis, H. J. (2020a). *Bartonella bovis* and *Bartonella chomelii* infection in dairy cattle and their ectoparasites in Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 70, 101450. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2020.101450>

Boularias, G., Azzag, N., Gandoin, C., Bouillin, C., Chomel, B., Haddad, N., & Boulouis, H. J. (2020). Bovines Harbor a Diverse Array of Vector-Borne Pathogens in Northeast Algeria. *Pathogens* (Basel, Switzerland), 9(11), 883. <https://doi.org/10.3390/pathogens9110883>

Boulouis, H. J., Chang, C. C., Henn, J. B., Kasten, R. W., & Chomel, B. B. (2005). Factors associated with the rapid emergence of zoonotic *Bartonella* infections. *Veterinary research*, 36(3), 383–410. <https://doi.org/10.1051/vetres:2005009>

Boushab, B. M., Kelly, M., Kébé, H., Bollahi, M. A., & Basco, L. K. (2020). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever, Mauritania. *Emerging infectious diseases*, 26(4), 817–818. <https://doi.org/10.3201/eid2604.191292>

Bouzlama, Z., Soualah-Alila, H., Belabed, A., & Ouali, K. (2009). Etude du système Tiques-Lézard dans le parc national d'El Kala (Nord-Est algérie). *Mésogée*, 65, 73-83.

Bowman, A. S., & Nuttall, P. A. (Eds.) (2008). *Ticks: Biology, Disease and Control*. Cambridge University Press.

- Bray, M. (2007). Comparative Pathogenesis of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever and Ebola Hemorrhagic Fever. In: Ergonul, O., Whitehouse, C.A. (eds) Crimean-Congo Hemorrhagic Fever. Springer, Dordrecht. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-6106-6_17
- Burney, M. I., Ghafoor, A., Saleen, M., Webb, P. A., & Casals, J. (1980). Nosocomial outbreak of viral hemorrhagic fever caused by Crimean Hemorrhagic fever-Congo virus in Pakistan, January 1976. The American journal of tropical medicine and hygiene, 29(5), 941–947. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1980.29.941>
- Burt, F., Goedhals, D. (2015). Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus, an Emerging and Re-Emerging Pathogen. In: Sing, A. (eds) Zoonoses - Infections Affecting Humans and Animals. Springer, Dordrecht. https://doi.org/10.1007/978-94-017-9457-2_39
- Burt, F.J., DVSc, J.T.P., DTVM, R.S. (2007). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in South Africa. In: Ergonul, O., Whitehouse, C.A. (eds) Crimean-Congo Hemorrhagic Fever. Springer, Dordrecht. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-6106-6_11
- Burt, F.J., Goedhals, D. (2023). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus : An Emerging and Re-emerging Pathogen of Public Health Concern. In : Sing, A. (eds) Zoonoses : Infections Affecting Humans and Animals. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-031-27164-9_39
- Buyse, M., & Duron, O. (2020). Two novel Rickettsia species of soft ticks in North Africa: 'Candidatus Rickettsia africaseptentrionalis' and 'Candidatus Rickettsia mauretunica'. Ticks and tick-borne diseases, 11(3), 101376. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101376>
- Çevik, M. A., Erbay, A., Bodur, H., Gülderen, E., Baştuğ, A., Kubar, A., & Akıncı, E. (2008). Clinical and laboratory features of Crimean-Congo hemorrhagic fever: predictors of fatality. International journal of infectious diseases, 12(4), 374-379.
- Chadi, H., Moraga-Fernández, A., Sánchez-Sánchez, M., Chenchouni, H., Fernández de Mera, I. G., Garigliany, M. M., de la Fuente, J., Tennah, S., Sedrati, T., & Ghalimi, F. (2024). Molecular detection and associated risk factors of Anaplasma marginale, A. ovis and A. platys in sheep from Algeria with evidence of the absence of A. phagocytophilum. Acta tropica, 249, 107040. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2023.107040>

- Chaouche, A. T., Bitam, I., Amara, K., & Yahiaoui, I. (2012). Molecular detection of Rickettsia and Borrelia pathogens in the areas of Boumerdes and Tizi Ouzou (Algeria). *Retrovirology*, 9(Suppl 1), P41. <https://doi.org/10.1186/1742-4690-9-S1-P41>
- Chastel, C., & Camicas, J.-L. (1984). Arbovirus transmis par des Tiques et pathogènes pour l'homme ou pour les animaux domestiques. *Bulletin de la Société entomologique de France*, 89(1-2-3-4), 775-794
- Chisholm, K., Dueger, E., Fahmy, N. T., Samaha, H. A. T., Zayed, A., Abdel-Dayem, M., & Villinski, J. T. (2012). Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in ticks from imported livestock, Egypt.
- Chisholm, K., Dueger, E., Fahmy, N. T., Samaha, H. A., Zayed, A., Abdel-Dayem, M., & Villinski, J. T. (2012). Crimean-congo hemorrhagic fever virus in ticks from imported livestock, Egypt. *Emerging infectious diseases*, 18(1), 181–182. <https://doi.org/10.3201/eid1801.111071>
- Chitimia-Dobler, L., Issa, M. H., Ezalden, M. E., Yagoub, I. A., Abdalla, M. A., Bakhiet, A. O., Schaper, S., Rieß, R., Vollmar, P., Grumbach, A., Bestehorn, M., Antwerpen, M., Dobler, G., & Shuaib, Y. A. (2019). Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in Hyalomma impeltatum ticks from North Kordofan, the Sudan. *International journal of infectious diseases : IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases*, 89, 81–83. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2019.09.012>
- Chitimia-Dobler, L., Issa, M. H., Ezalden, M. E., Yagoub, I. A., Abdalla, M. A., Bakhiet, A. O., . . . Grumbach, A. (2019). Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in Hyalomma impeltatum ticks from North Kordofan, the Sudan. *International Journal of Infectious Diseases*, 89, 81-83.
- Connolly-Andersen, A. M. (2010). Pathogenesis of an emerging pathogen: Crimean-Congo hemorrhagic fever virus. Department of Microbiology, Tumor and Cell Biology, Karolinska Institutet, and the Swedish Institute for Infectious Disease Control, Stockholm, Sweden
- Connolly-Andersen, A. M., Douagi, I., Kraus, A. A., & Mirazimi, A. (2009). Crimean Congo hemorrhagic fever virus infects human monocyte-derived dendritic cells. *Virology*, 390(2), 157–162. <https://doi.org/10.1016/j.virol.2009.06.010>

- Dahmani, M., Davoust, B., Benterki, M. S., Fenollar, F., Raoult, D., & Mediannikov, O. (2015a). Development of a new PCR-based assay to detect Anaplasmatidae and the first report of *Anaplasma phagocytophilum* and *Anaplasma platys* in cattle from Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 39, 39–45. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2015.02.002>
- Dahmani, M., Loudahi, A., Mediannikov, O., Fenollar, F., Raoult, D., & Davoust, B. (2015b). Molecular detection of *Anaplasma platys* and *Ehrlichia canis* in dogs from Kabylie, Algeria. *Ticks and tick-borne diseases*, 6(2), 198–203. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2014.12.007>
- Dahourou, L. D., Akio, S., Savadogo, M., Yougbaré, B., Ouoba, L. B., Tapsoba, A. S. R., Zerbo, L. H., Ilboudo, A. K., Abga, R. L., Traoré, A., Dione, M. M., & Bada Alambédji, R. (2024). Serological evidence and factors associated with Crimean-Congo haemorrhagic fever in sheep in Burkina Faso. *Veterinary medicine and science*, 10(2), e1322. Advance online publication. <https://doi.org/10.1002/vms3.1322>
- Dai, S., Min, Y. Q., Li, Q., Feng, K., Jiang, Z., Wang, Z., Zhang, C., Ren, F., Fang, Y., Zhang, J., Zhu, Q., Wang, M., Wang, H., Deng, F., & Ning, Y. J. (2023). Interactome profiling of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus glycoproteins. *Nature communications*, 14(1), 7365. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-43206-1>
- Daněk, O., Hrbatová, A., Volfová, K., Ševčíková, S., Lesiczka, P., Nováková, M., Ghodrati, S., Hrazdilova, K., Veneziano, V., Napoli, E., Otranto, D., Montarsi, F., Mihalca, A. D., Mechouk, N., Adamík, P., Modrý, D., & Zurek, L. (2024). Italian peninsula as a hybridization zone of *Ixodes inopinatus* and *I. ricinus* and the prevalence of tick-borne pathogens in *I. inopinatus*, *I. ricinus*, and their hybrids. *Parasites & vectors*, 17(1), 196. <https://doi.org/10.1186/s13071-024-06271-z>
- Dantas-Torres, F., & Otranto, D. (2016). Best Practices for Preventing Vector-Borne Diseases in Dogs and Humans. *Trends in parasitology*, 32(1), 43–55. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2015.09.004>
- Dantas-Torres, F., Chomel, B. B., & Otranto, D. (2012). Ticks and tick-borne diseases: a One Health perspective. *Trends in parasitology*, 28(10), 437–446. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2012.07.003>

Darwish, M. A., Buck, A., Faris, R., Gad, A., Moustafa, A., El-Khashab, T., Omar, M., Abdel-Hamid, T., & Shope, R. E. (1994). Antibodies to certain arboviruses in humans from a flooded village in Egypt. *The Journal of the Egyptian Public Health Association*, 69(3-4), 239–260.

Darwish, M. A., Imam, I. Z., Omar, F. M., & Hoogstraal, H. (1978). Results of a preliminary seroepidemiological survey for Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in Egypt. *Acta virologica*, 22(1), 77.

Darwish, M., Imam, I., Omar, F., & Hoogstraal, H. (1978). Results of a preliminary seroepidemiological survey for Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in Egypt. *Acta Virologica*, 22(1).

Darwish, M., IZE, I., FM, O., & HOOGSTRAAL, H. (1977). A seroepidemiological survey for crimean. congo hemorrhagic fever virus in humans and domestic animals in egypt.

De Liberato, C., Frontoso, R., Magliano, A., Montemaggiori, A., Autorino, G. L., Sala, M., Bosworth, A., & Scicluna, M. T. (2018). Monitoring for the possible introduction of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in Italy based on tick sampling on migratory birds and serological survey of sheep flocks. *Preventive veterinary medicine*, 149, 47–52. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2017.10.014>

De Meneghi D. (2006). Wildlife, environment and (re)-emerging zoonoses, with special reference to sylvatic tick-borne zoonoses in North-Western Italy. *Annali dell'Istituto superiore di sanita*, 42(4), 405–409.

Dechicha, A.S., Gharbi, S., Kebbal, S., Chatagnon, G., Tainturier, D., Ouzrout, R., & Guetarni, D. (2010). Serological survey of etiological agents associated with abortion in two Algerian dairy cattle breeding farms. *Journal of Veterinary Medicine and Animal Health*, 2, 001-005.

Defaye, B., Moutailler, S., Pasqualini, V., & Quilichini, Y. (2022). Distribution of Tick-Borne Pathogens in Domestic Animals and Their Ticks in the Countries of the Mediterranean Basin between 2000 and 2021: A Systematic Review. *Microorganisms*, 10(6), 1236. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10061236>

Degui, D., Hachid, A., Derrar, F., Messahel, N. E., Bia, T., Mockbel, Y., Trabelsi, M. K., Khardine, A. F., Bellout, L., Benaissa, M. H., Leulmi, H., Lafri, M., Khelef, D., Kaidi, R., Bouguedour, R.,

- Bitam, I., Hakem, A., & Lafri, I. (2024). A survey of the tick-borne disease Crimean-Congo hemorrhagic fever in southern Algeria: First serological evidence in the dromedary camel population. *Veterinary parasitology, regional studies and reports*, 54, 101089. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2024.101089>
- Derdour, S. Y., Hafsi, F., Azzag, N., Tennah, S., Laamari, A., China, B., & Ghalimi, F. (2017). Prevalence of The Main Infectious Causes of Abortion in Dairy Cattle in Algeria. *Journal of veterinary research*, 61(3), 337–343. <https://doi.org/10.1515/jvetres-2017-0044>
- Diarra, A. Z., Kelly, P., Davoust, B., & Parola, P. (2023). Tick-Borne Diseases of Humans and Animals in West Africa. *Pathogens (Basel, Switzerland)*, 12(11), 1276. <https://doi.org/10.3390/pathogens12111276>
- Dib, L., Bitam, I., Bensouilah, M., Parola, P., & Raoult, D. (2009). First description of *Rickettsia monacensis* in *Ixodes ricinus* in Algeria. *Clinical microbiology and infection: the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 15 Suppl 2, 261–262. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2008.02277.x>
- Dib, L., Bitam, I., Tahri, M., Bensouilah, M., & De Meeûs, T. (2008). Competitive exclusion between piroplasmosis and anaplasmosis agents within cattle. *PLoS pathogens*, 4(1), e7. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.0040007>
- Dib, L., Lafri, I., Boucheikhchoukh, M., Dendani, Z., Bitam, I., & Benakhla, A. (2019). Seasonal distribution of *Rickettsia* spp. in ticks in northeast Algeria. *New microbes and new infections*, 27, 48–52. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2018.10.008>
- Dinçer, E., Brinkmann, A., Hekimoğlu, O., Hacıoğlu, S., Földes, K., Karapınar, Z., Polat, P. F., Oğuz, B., Orunç Kılınç, Ö., Hagedorn, P., Özer, N., Özkul, A., Nitsche, A., & Ergünay, K. (2017). Generic amplification and next generation sequencing reveal Crimean-Congo hemorrhagic fever virus AP92-like strain and distinct tick phleboviruses in Anatolia, Turkey. *Parasites & vectors*, 10(1), 335. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2279-1>
- Djerbouh, A., Kernif, T., Beneldjouzi, A., Socolovschi, C., Kechemir, N., Parola, P., Raoult, D., & Bitam, I. (2012). The first molecular detection of *Rickettsia aeschlimannii* in the ticks of camels

from southern Algeria. Ticks and tick-borne diseases, 3(5-6), 374–376. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2012.10.014>

Djiman, T. A., Biguezoton, A. S., & Saegerman, C. (2024). Tick-Borne Diseases in Sub-Saharan Africa: A Systematic Review of Pathogens, Research Focus, and Implications for Public Health. *Pathogens* (Basel, Switzerland), 13(8), 697. <https://doi.org/10.3390/pathogens13080697>

Djouaher, T., Chahed, S., Beneldjouzi, A., Eddaikra, N., & Brahmi, K. (2023). Diversity of hard tick (Acari: Ixodidae) infesting small ruminants in some breeding farms in Tizi-Ouzou area (Northern Algeria) Diversité des tiques dures (Acari: Ixodidae) infestant les petits ruminants dans quelques fermes d'élevage dans la région de Tizi-Ouzou (Nord d'Algérie). *Bulletin de la Société Royale des Sciences de Liège*, 92 (1) .<https://doi.org/10.25518/0037-9565.11396>

Donatien, A., & Lestoquard, F. (1935). Existence en Algerie d'une Rickettsia du chien. *Bull Soc Pathol Exot*, 28(418), 9.

Doss, N., Morrone, A., Forgione, P., Trevisan, G., & Bonin, S. (2024). Review of Lyme Borreliosis in Africa-An Emerging Threat in Africa. *Biology*, 13(11), 897. <https://doi.org/10.3390/biology13110897>

Dworkin, M. S., Schwan, T. G., Anderson, D. E., Jr, & Borchardt, S. M. (2008). Tick-borne relapsing fever. *Infectious disease clinics of North America*, 22(3), 449–viii. <https://doi.org/10.1016/j.idc.2008.03.006>

Elata, A. T., Karsany, M. S., Elageb, R. M., Hussain, M. A., Eltom, K. H., Elbashir, M. I., & Aradaib, I. E. (2011). A nosocomial transmission of crimean-congo hemorrhagic fever to an attending physician in North Kordufan, Sudan. *Virology journal*, 8, 303. <https://doi.org/10.1186/1743-422X-8-303>

El-Bahnasawy, M. M., Sabah, A. A., Saleh, H. A., & Morsy, T. A. (2012). The tick-borne Crimean-Congo hemorrhagic fever in Africa, Asia, Europe, and America: what about Egypt?. *Journal of the Egyptian Society of Parasitology*, 42(2), 373–384. <https://doi.org/10.12816/0006324>

Elbir, H., Raoult, D., & Drancourt, M. (2013). Relapsing fever borreliae in Africa. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 89(2), 288–292. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.12-0691>

Elevli, M., Ozkul, A. A., Civilibal, M., Midilli, K., Gargili, A., & Duru, N. S. (2010). A newly identified Crimean-Congo hemorrhagic fever virus strain in Turkey. *International Journal of Infectious Diseases*, 14, e213-e216. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2009.07.017>

El Ghassem, A., Apolloni, A., Vial, L., Bouvier, R., Bernard, C., Khayar, M. S., Cheikh Ahmed, M., Fausther-Bovendo, H., Beyit, A. D., Yahya, B., Ould El Mamy, M. B., Elbara, A., Bollahi, M. A., Cêtre-Sossah, C., & Ould Mohamed Salem Boukhary, A. (2023). Risk factors associated with Crimean-Congo hemorrhagic fever virus circulation among human, livestock and ticks in Mauritania through a one health retrospective study. *BMC infectious diseases*, 23(1), 764. <https://doi.org/10.1186/s12879-023-08779-8>

Ergönül O. (2006). Crimean-Congo haemorrhagic fever. *The Lancet. Infectious diseases*, 6(4), 203–214. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(06\)70435-2](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(06)70435-2)

Ergonul, O., Celikbas, A., Yildirim, U., Zenciroglu, A., Erdogan, D., Ziraman, I., Saracoglu, F., Demirel, N., Cakmak, O., & Dokuzoguz, B. (2010). Pregnancy and Crimean-Congo haemorrhagic fever. *Clinical microbiology and infection : the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 16(6), 647–650. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2009.02905.x>

Ergünay, K., Dinçer, E., Kar, S., Emanet, N., Yalçinkaya, D., Polat Dinçer, P. F., Brinkmann, A., Hacıoğlu, S., Nitsche, A., Özkul, A., & Linton, Y. M. (2020). Multiple orthonairoviruses including Crimean-Congo hemorrhagic fever virus, Tamdy virus and the novel Meram virus in Anatolia. *Ticks and tick-borne diseases*, 11(5), 101448. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2020.101448>

Esmaeel, S. A., Hussain, K. J., & Al-Taliby, M. A. (2021). Seroprevalence of Crimean Congo Hemorrhagic Fever in cows by ELISA in Mosul city. *Iraqi Journal of Veterinary Sciences*, 35(4), 803-807. <https://doi.org/10.33899/ijvs.2021.128668.1595>

Fanelli, A., & Buonavoglia, D. (2021). Risk of Crimean Congo haemorrhagic fever virus (CCHFV) introduction and spread in CCHF-free countries in southern and Western Europe: A semi-quantitative risk assessment. *One health (Amsterdam, Netherlands)*, 13, 100290. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2021.100290>

- Fotso, A., Angelakis, E., Mouffok, N., Drancourt, M., & Raoult, D. (2015). Blood-Borne Candidatus *Borrelia algerica* in a Patient with Prolonged Fever in Oran, Algeria. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 93(5), 1070–1073. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.15-0124>
- Foughali, A. A., Amairia, S., Bitam, I., Berber, A., & Gharbi, M. (2021a). Knowledge, attitude and perception of bovine piroplasmosis by cattle owners in Constantine, North-East of Algeria, using participatory epidemiology. *Tropical animal health and production*, 53(1), 167. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02608-3>
- Foughali, A. A., Jedidi, M., Dhibi, M., Mhadhbi, M., Sassi, L., Berber, A., Bitam, I., & Gharbi, M. (2021b). Infection by haemopathogens and tick infestation of sheep during summer season in Constantine region, Northeast Algeria. *Veterinary medicine and science*, 7(5), 1769–1777. <https://doi.org/10.1002/vms3.551>
- Foughali, A. A., Mhadhbi, M., Amairia, S., Dhibi, M., Bitam, I., Boukabache, H., Berbar, A., Rjeibi, M. R., & Gharbi, M. (2023). Cattle co-infection patterns by hemopathogens and their phylogenetic analysis during the tick season in Constantine and Mila, Northeast Algeria. *Parasitology research*, 122(10), 2245–2257. <https://doi.org/10.1007/s00436-023-07916-1>
- Foughali, A. A., Ziam, H., Aiza, A., Boulkrout, H., Berber, A., Bitam, I., & Gharbi, M. (2021c). Cross-sectional survey of cattle haemopathogens in Constantine, Northeast Algeria. *Veterinary Medicine and Science*, 7(4), 1237-1244
- Fournier, P. E., Gouriet, F., Brouqui, P., Lucht, F., & Raoult, D. (2005). Lymphangitis-associated rickettsiosis, a new rickettsiosis caused by *Rickettsia sibirica mongolotimonae*: seven new cases and review of the literature. *Clinical infectious diseases : an official publication of the Infectious Diseases Society of America*, 40(10), 1435–1444. <https://doi.org/10.1086/429625>
- Frank, M. G., Weaver, G., Raabe, V., & State of the Clinical Science Working Group of the National Emerging Pathogens Training and Education Center's Special Pathogens Research Network (2024). Crimean Congo Hemorrhagic Fever Virus for Clinicians-Virology, Pathogenesis, and Pathology. *Emerging infectious diseases*, 30(5), 847–853. <https://doi.org/10.3201/eid3005.231646>

- Freitas, N., Legros, V., & Cosset, F. L. (2022). Crimean-Congo hemorrhagic fever: a growing threat to Europe. *Comptes rendus biologies*, 345(1), 17–36. <https://doi.org/10.5802/crbiol.78>
- Garrison, A. R., Smith, D. R., & Golden, J. W. (2019). Animal Models for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Human Disease. *Viruses*, 11(7), 590. <https://doi.org/10.3390/v11070590>
- Ghaoui, H., Achour, N., Saad-Djaballah, A., Belacel, S. I., Bitam, I., & Fournier, P. E. (2023). Q Fever in Unexplained Febrile Illness in Northern Algeria. *Microbiology Research*, 14(4), 1589-1595. <https://doi.org/10.3390/microbiolres14040109>
- Ghaoui, H., Bitam, I., Ait-Oudhia, K., Achour, N., Saad-Djaballah, A., Saadnia, F. Z., Kedjour, S., Fournier, P. E., & Raoult, D. (2018). Coxiella burnetii infection with women's febrile spontaneous abortion reported in Algiers. *New microbes and new infections*, 26, 8–14. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2018.08.003>
- Ghaoui, H., Bitam, I., Zaidi, S., Achour, N., Zenia, S., Idres, T., & Fournier, P. E. (2024). Molecular detection and MST genotyping of Coxiella burnetii in ruminants and stray dogs and cats in Northern Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 106, 102126. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2024.102126>
- Ghasemian, S. O., Fazlalipour, M., Hosseini, G., Pouryaievali, M. H., Azad-Manjiri, S., Khakifirouz, S., Vasmehjani, A. A., & Salehi-Vaziri, M. (2021). Serosurvey of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in livestock, Kohgiluyeh and Boyer-Ahmad, Iran, 2017. *Journal of vector borne diseases*, 58(1), 70–73. <https://doi.org/10.4103/0972-9062.313958>
- Gonzalez, J. P., Camicas, J. L., Cornet, J. P., & Wilson, M. L. (1998). Biological and clinical responses of west African sheep to Crimean-Congo haemorrhagic fever virus experimental infection. *Research in virology*, 149(6), 445–455. [https://doi.org/10.1016/s0923-2516\(99\)80013-2](https://doi.org/10.1016/s0923-2516(99)80013-2)
- Gonzalez, J. P., LeGuenno, B., Guillaud, M., & Wilson, M. L. (1990). A fatal case of Crimean-Congo haemorrhagic fever in Mauritania: virological and serological evidence suggesting epidemic transmission. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 84(4), 573–576. [https://doi.org/10.1016/0035-9203\(90\)90045-g](https://doi.org/10.1016/0035-9203(90)90045-g)

- Grabowski, J. M., Offerdahl, D. K., & Bloom, M. E. (2018). The Use of Ex Vivo Organ Cultures in Tick-Borne Virus Research. *ACS infectious diseases*, 4(3), 247–256. <https://doi.org/10.1021/acsinfecdis.7b00274>
- Guglielmone A.A., Robbins R.G., Apanaskevich D.A., Petney T.N., Estrada-Peña A., Horak I.G., Shao R., et al., . (2010). The Argasidae, Ixodidae and Nuttalliellidae (Acari: Ixodidae) of the world: a list of valid species names. *Zootaxa*. 2528: 1-28 DOI: <https://doi.org/10.11646/zootaxa.2528.1.1>
- Guglielmone, A.A., Robbins, R.G., Apanaskevich, D.A., Petney, T.N., Estrada-Peña, A., Horak, I.G. (2014). Introduction. In: *The Hard Ticks of the World*. Springer, Dordrecht. https://doi.org/10.1007/978-94-007-7497-1_1
- Guidoum, K. A., Carrera-Faja, L., Espunyes, J., Pailler-García, L., Benallou, B., Bouabdelli, S., Smadi, M. A., Semara, L., Cabezón, O., & Napp, S. (2023). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Seropositivity among Dromedary Camels, Algeria, 2020-2021. *Emerging infectious diseases*, 29(12), 2546–2548. <https://doi.org/10.3201/eid2912.230587>
- Hamlili, F. Z., Maureen, L., Diarra, A. Z., Lafri, I., Gassen, B., Boutefna, B., Davoust, B., Bitam, I., & Parola, P. (2022). MALDI-TOF MS Identification of Dromedary Camel Ticks and Detection of Associated Microorganisms, Southern Algeria. *Microorganisms*, 10(11), 2178. <https://doi.org/10.3390/microorganisms10112178>
- Hartlaub, J., Daodu, O. B., Sadeghi, B., Keller, M., Olopade, J., Oluwayelu, D., & Groschup, M. H. (2021). Cross-Reaction or Co-Infection ? Serological Discrimination of Antibodies Directed against Dugbe and Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Orthonairovirus in Nigerian Cattle. *Viruses*, 13(7), 1398. <https://doi.org/10.3390/v13071398>
- Hassanein, K. M., & El-Azazy, O. M. (2000). Isolation of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus from ticks on imported Sudanese sheep in Saudi Arabia. *Annals of Saudi medicine*, 20(2), 153-154.
- Hassanein, K., El-Azazy, O., & Yousef, H. (1997). Detection of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus antibodies in humans and imported livestock in Saudi Arabia. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 91(5), 536-537.

- Haut Conseil de la santé publique [HCSP]. (2014). Borréliose de Lyme – Rapport du groupe de travail (Version revue septembre 2014). Ministère des Affaires sociales et de la Santé. https://sante.gouv.fr/IMG/pdf/rapport_hcsp_borreliose_lyme-28-03-2014_version_revue_sept_2014.pdf
- Hawman, D. W., & Feldmann, H. (2023). Crimean-Congo haemorrhagic fever virus. *Nature reviews. Microbiology*, 21(7), 463–477. <https://doi.org/10.1038/s41579-023-00871-9>
- Hewson R. (2007). Molecular Epidemiology, Genomics, and Phylogeny of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus. *Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: A Global Perspective*, 45–55. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-6106-6_5
- Hind, F., Hayette, B., Djemaa, D., & Moussa, H. (2022). Contribution to the knowledge of ectoparasites of swallows in a semi arid region of Algeria. *Journal of Entomological Research*, 46(2), 428-433.
- Hoogstraal H. (1979). The epidemiology of tick-borne Crimean-Congo hemorrhagic fever in Asia, Europe, and Africa. *Journal of medical entomology*, 15(4), 307–417. <https://doi.org/10.1093/jmedent/15.4.307>
- Hoogstraal, H. and Kaiser, M. N. (1959). Ticks (Ixodoidea) of Arabia, With special reference to the Yemen. *Fieldiana: Zoology* 39: 297–322.
- Hornok, S., Meyer-Kayser, E., Kontschán, J., Takács, N., Plantard, O., Cullen, S., Gaughran, A., Szekeres, S., Majoros, G., Beck, R., Boldogh, S. A., Horváth, G., Kutasi, C., & Sándor, A. D. (2021). Morphology of Pholeoixodes species associated with carnivores in the western Palearctic: Pictorial key based on molecularly identified Ixodes (Ph.) canisuga, I. (Ph.) hexagonus and I. (Ph.) kaiseri males, nymphs and larvae. *Ticks and tick-borne diseases*, 12(4), 101715. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2021.101715>
- Hornok, S., Sándor, A. D., Beck, R., Farkas, R., Beati, L., Kontschán, J., Takács, N., Földvári, G., Silaghi, C., Meyer-Kayser, E., Hodžić, A., Tomanović, S., Abdullah, S., Wall, R., Estrada-Peña, A., Duscher, G. G., & Plantard, O. (2017). Contributions to the phylogeny of Ixodes (Pholeoixodes) canisuga, I. (Ph.) kaiseri, I. (Ph.) hexagonus and a simple pictorial key for the

identification of their females. *Parasites & vectors*, 10(1), 545. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2424-x>

Horton, K. C., Wasfy, M., Samaha, H., Abdel-Rahman, B., Safwat, S., Abdel Fadeel, M., . . . Dueger, E. (2014). Serosurvey for zoonotic viral and bacterial pathogens among slaughtered livestock in Egypt. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 14(9), 633-639.

Hua, B. L., Scholte, F. E., Ohlendorf, V., Kopp, A., Marklewitz, M., Drosten, C., Nichol, S. T., Spiropoulou, C., Junglen, S., & Bergeron, É. (2020). A single mutation in Crimean-Congo hemorrhagic fever virus discovered in ticks impairs infectivity in human cells. *eLife*, 9, e50999. <https://doi.org/10.7554/eLife.50999>

Hubálek, Z., & Rudolf, I. (2012). Tick-borne viruses in Europe. *Parasitology research*, 111(1), 9–36. <https://doi.org/10.1007/s00436-012-2910-1>

Ibrahim, A. M., Adam, I. A., Osman, B. T., & Aradaib, I. E. (2015). Epidemiological survey of Crimean Congo hemorrhagic fever virus in cattle in East Darfur State, Sudan. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 6(4), 439-444.

Jabbari, A., Tabasi, S., Abbasi, A., & Alijanpour, E. (2012). Crimean-congo hemorrhagic fever: treatment and control strategy in admitted patients. *Caspian journal of internal medicine*, 3(2), 443–444.

Jahromi, M. K. (2014). Crimean-Congo hemorrhagic fever-treatment and preventive strategies. *International Journal of Infection*, 1(2):e20310. <https://doi.org/10.17795/iji-20310>.

Johnson, N. (2023). *Ticks: Biology, Ecology, and Diseases*: Elsevier.

JORA. (2012). Décret exécutif n° 12-235 du 3 Rajab 1433 correspondant au 24 mai 2012 fixant la liste des espèces animales non domestiques protégés. *Journal officiel de la République Algérienne*, n° 35. [<https://www.joradp.dz/FTP/jo-francais/2012/F2012035.pdf>].

Kasi, K. K., Sas, M. A., Sauter-Louis, C., von Arnim, F., Gethmann, J. M., Schulz, A., Wernike, K., Groschup, M. H., & Conraths, F. J. (2020). Epidemiological investigations of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus infection in sheep and goats in Balochistan, Pakistan. *Ticks and tick-borne diseases*, 11(2), 101324. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2019.101324>

Kautman, M., Tiar, G., Papa, A., & Široký, P. (2016). AP92-like Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in *Hyalomma aegyptium* Ticks, Algeria. *Emerging infectious diseases*, 22(2), 354–356. <https://doi.org/10.3201/eid2202.151528>

Kazimírová, M., Thangamani, S., Bartíková, P., Hermance, M., Holíková, V., Štibrániová, I., & Nuttall, P. A. (2017). Tick-Borne Viruses and Biological Processes at the Tick-Host-Virus Interface. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 7, 339. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00339>

Kernif, T., Aissi, M., Doumandji, S. E., Chomel, B. B., Raoult, D., & Bitam, I. (2010). Molecular evidence of Bartonella infection in domestic dogs from Algeria, North Africa, by polymerase chain reaction (PCR). *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 83(2), 298–300. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.2010.09-0052>

Kernif, T., Djerbouh, A., Mediannikov, O., Ayach, B., Rolain, J. M., Raoult, D., Parola, P., & Bitam, I. (2012a). Rickettsia africae in Hyalomma dromedarii ticks from sub-Saharan Algeria. *Ticks and tick-borne diseases*, 3(5-6), 377–379. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2012.10.013>

Kernif, T., Messaoudene, D., Ouahioune, S., Parola, P., Raoult, D., & Bitam, I. (2012b). Spotted fever group rickettsiae identified in Dermacentor marginatus and Ixodes ricinus ticks in Algeria. *Ticks and tick-borne diseases*, 3(5-6), 380–381. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2012.10.012>

Khalidi, M., Socolovschi, C., Benyettou, M., Barech, G., Biche, M., Kernif, T., Raoult, D., & Parola, P. (2012). Rickettsiae in arthropods collected from the North African Hedgehog (Atelerix algirus) and the desert hedgehog (Paraechinus aethiopicus) in Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 35(2), 117–122. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2011.11.007>

Khaled, H., Sidi-Boumedine, K., Merdja, S., Dufour, P., Dahmani, A., Thiéry, R., Rousset, E., & Bouyoucef, A. (2016). Serological and molecular evidence of Q fever among small ruminant flocks in Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 47, 19–25. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2016.05.002>

Khamassi Khbou, M., Romdhane, R., Bouaicha Zaafouri, F., Bouajila, M., Sassi, L., Appelberg, S. K., Schulz, A., Mirazimi, A., Groschup, M. H., Rekik, M., Benzarti, M., & Gharbi, M. (2021).

Presence of antibodies to Crimean Congo haemorrhagic fever virus in sheep in Tunisia, North Africa. *Veterinary medicine and science*, 7(6), 2323–2329. <https://doi.org/10.1002/vms3.597>

Khamassi Khbou, M., Romdhane, R., Bouaicha Zaafour, F., Bouajila, M., Sassi, L., Appelberg, S. K., . . . Rekik, M. (2021). Presence of antibodies to Crimean Congo haemorrhagic fever virus in sheep in Tunisia, North Africa. *Veterinary Medicine and Science*, 7(6), 2323-2329.

Khelfaoui, F., Kebaci, A., & Benyacoub, S. (2018). New data on Insecta and Acarina parasitizing bats (Mammalia: Chiroptera) in Numidia, eastern Algeria. *Bull Soc Zool Fr*, 143(2), 63-73.

Kim, Y., Kim, H., Choi, J. H., Cho, H. C., Ji, M. J., Park, Y. J., ... & Choi, K. S. (2024). Preliminary report of *Mycoplasma Wenynii* and *Candidatus Mycoplasma haemobos* infection in Korean native cattle. *BMC Veterinary Research*, 20(1), 121.

Kiouani, A., Azzag, N., Tennah, S., & Ghalmi, F. (2020). Infection with *Babesia canis* in dogs in the Algiers region: Parasitological and serological study. *Veterinary World*, 13(7), 1351.

Koepfli, K. P., Pollinger, J., Godinho, R., Robinson, J., Lea, A., Hendricks, S., Schweizer, R. M., Thalmann, O., Silva, P., Fan, Z., Yurchenko, A. A., Dobrynin, P., Makunin, A., Cahill, J. A., Shapiro, B., Álvares, F., Brito, J. C., Geffen, E., Leonard, J. A., Helgen, K. M., ... Wayne, R. K. (2015). Genome-wide Evidence Reveals that African and Eurasian Golden Jackals Are Distinct Species. *Current biology : CB*, 25(16), 2158–2165. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2015.06.060>

Kohl, C., Eldegail, M., Mahmoud, I., Schrick, L., Radonic, A., Emmerich, P., Rieger, T., Gunther, S., Nitsche, A., Osman, A. (2016). Crimean congo hemorrhagic fever, 2013 and 2014 Sudan. *International Journal of Infectious Diseases*, 53, 9. doi: 10.1016/j.ijid.2016.11.027

Kosoy, M., Morway, C., Sheff, K. W., Bai, Y., Colborn, J., Chalcraft, L., Dowell, S. F., Peruski, L. F., Maloney, S. A., Baggett, H., Sutthirattana, S., Sidhirat, A., Maruyama, S., Kabeya, H., Chomel, B. B., Kasten, R., Popov, V., Robinson, J., Kruglov, A., & Petersen, L. R. (2008). *Bartonella tamiae* sp. nov., a newly recognized pathogen isolated from three human patients from Thailand. *Journal of clinical microbiology*, 46(2), 772–775. <https://doi.org/10.1128/JCM.02120-07>

- Kouhpayeh, H. (2019). An overview of complications and mortality of Crimean-Congo hemorrhagic fever. *International Journal of Infection*, 6(2):e91707. <https://doi.org/10.5812/iji.91707>.
- Kriz, B., Benes, C., Danielová, V., & Daniel, M. (2004). Socio-economic conditions and other anthropogenic factors influencing tick-borne encephalitis incidence in the Czech Republic. *International journal of medical microbiology : IJMM*, 293 Suppl 37, 63–68. [https://doi.org/10.1016/s1433-1128\(04\)80010-x](https://doi.org/10.1016/s1433-1128(04)80010-x)
- Kruse, H., Kirkemo, A. M., & Handeland, K. (2004). Wildlife as source of zoonotic infections. *Emerging infectious diseases*, 10(12), 2067–2072. <https://doi.org/10.3201/eid1012.040707>
- Kuehnert, P. A., Stefan, C. P., Badger, C. V., & Ricks, K. M. (2021). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV): A Silent but Widespread Threat. *Current tropical medicine reports*, 8(2), 141–147. <https://doi.org/10.1007/s40475-021-00235-4>
- Kumar, A., O'Bryan, J., & Krause, P. J. (2021). The Global Emergence of Human Babesiosis. *Pathogens (Basel, Switzerland)*, 10(11), 1447. <https://doi.org/10.3390/pathogens10111447>
- Laamari, A., Azzag, N., Tennah, S., Derdour, S. Y., China, B., Bouabdallah, R., & Ghalmi, F. (2020). Seroprevalence of Antibodies Against *Anaplasma phagocytophilum* and *Borrelia burgdorferi* in Horses (*Equus Caballus*) from Northern Algeria. *Journal of veterinary research*, 64(3), 413–419. <https://doi.org/10.2478/jvetres-2020-0045>
- Laatamna, A., Strube, C., Bakkes, D. K., Schaper, S., Aziza, F. Z., Ben Chelef, H., Amrane, N. E. H., Bedraoui, R., Dobler, G., & Chitimia-Dobler, L. (2022). Molecular detection of tick-borne pathogens in *Rhipicephalus sanguineus sensu stricto* collected from dogs in the steppe and high plateau regions of Algeria. *Acta tropica*, 234, 106582. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2022.106582>
- Labuda, M., & Nuttall, P. A. (2008). Viruses transmitted by ticks. In A. S. Bowman & P. A. Nuttall (Eds.), *Ticks: Biology, Disease and Control* (pp. 253–280). chapter, Cambridge: Cambridge University Press.

- Lacheheb, A., & Raoult, D. (2009). Seroprevalence of Q-fever in Algeria. *Clinical microbiology and infection : the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 15 Suppl 2, 167–168. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2008.02211.x>
- Lacheheb, Mechakra, S., Laouamri, S., Touabti, A., Hamouda, R. A., Hamdi-Chérif, M., & Jaulhac, B. (2008). R-08 Première étude de séroprévalence de la maladie de Lyme en Algérie réalisée dans la wilaya (département) de Sétif. *Médecine et Maladies Infectieuses*, 38, S180. [https://doi.org/10.1016/S0399-077X\(08\)73221-9](https://doi.org/10.1016/S0399-077X(08)73221-9)
- Lafri, I., El Hamzaoui, B., Bitam, I., Leulmi, H., Lalout, R., Mediannikov, O., Chergui, M., Karakellah, M., Raoult, D., & Parola, P. (2017). Detection of relapsing fever *Borrelia* spp., *Bartonella* spp. and *Anaplasmataceae* bacteria in argasid ticks in Algeria. *PLoS neglected tropical diseases*, 11(11), e0006064. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006064>
- Lafri, I., Leulmi, H., Baziz-Neffah, F., Lalout, R., Mohamed, C., Mohamed, K., ... & Bitam, I. (2015). Detection of a novel *Rickettsia* sp. in soft ticks (Acari: Argasidae) in Algeria. *Microbes and Infection*, 17(11-12), 859-861.
- Lesiczka, P. M., Rudenko, N., Golovchenko, M., Juránková, J., Daněk, O., Modrý, D., & Hrazdilová, K. (2023). Red fox (*Vulpes vulpes*) play an important role in the propagation of tick-borne pathogens. *Ticks and tick-borne diseases*, 14(1), 102076. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2022.102076>
- Leulmi, H., Aouadi, A., Bitam, I., Bessas, A., Benakhla, A., Raoult, D., & Parola, P. (2016). Detection of *Bartonella tamiae*, *Coxiella burnetii* and *rickettsiae* in arthropods and tissues from wild and domestic animals in northeastern Algeria. *Parasites & vectors*, 9, 27. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1316-9>
- Li, H., Pinette, M., Smith, G., Goolia, M., Handel, K., Nebroski, M., Lung, O., & Pickering, B. S. (2024). Distinguishing host responses, extensive viral dissemination and long-term viral RNA persistence in domestic sheep experimentally infected with Crimean-Congo haemorrhagic fever virus Kosovo Hoti. *Emerging microbes & infections*, 13(1), 2302103. <https://doi.org/10.1080/22221751.2024.2302103>

- Liyanaarachchi, D. R., Rajakaruna, R. S., Dikkumbura, A. W., & Rajapakse, R. P. (2015). Ticks infesting wild and domestic animals and humans of Sri Lanka with new host records. *Acta tropica*, 142, 64–70. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2014.11.001>
- Lorusso, V., Lia, R. P., Dantas-Torres, F., Mallia, E., Ravagnan, S., Capelli, G., & Otranto, D. (2011). Ixodid ticks of road-killed wildlife species in southern Italy: new tick-host associations and locality records. *Experimental & applied acarology*, 55(3), 293–300. <https://doi.org/10.1007/s10493-011-9470-4>
- Lotfi D, Karima K, Mohamed G. (2023). Ticks (Acari: Ixodidae) infesting cattle in three northeastern Algeria regions during the summer season. *Bulg. J. Vet. Med.* [https://doi: 10.15547/bjvm.2022-0127](https://doi.org/10.15547/bjvm.2022-0127)
- Lotfi, D., & Karima, K. (2021). Identification and incidence of hard tick species during summer season 2019 in Jijel Province (northeastern Algeria). *Journal of parasitic diseases : official organ of the Indian Society for Parasitology*, 45(1), 211–217. <https://doi.org/10.1007/s12639-020-01296-4>
- Louni, M. & Hammoud, A. (2018a). *Borrelia recurrentis* and *Bartonella quintana* in Schoolchildren Head-lice in Algeria. In *List of publications and participation conferences*, p. 75–76.
- Louni, M., Mana, N., Bitam, I., Dahmani, M., Parola, P., Fenollar, F., ... & Mediannikov, O. (2018b). Body lice of homeless people reveal the presence of several emerging bacterial pathogens in northern Algeria. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 12(4), e0006397.
- Maia, J. P., Álvares, F., Boratyński, Z., Brito, J. C., Leite, J. V., & Harris, D. J. (2014). Molecular assessment of Hepatozoon (Apicomplexa: Adeleorina) infections in wild canids and rodents from North Africa, with implications for transmission dynamics across taxonomic groups. *Journal of Wildlife Diseases*, 50(4), 837-848.
- Mainardi, J. L., Drancourt, M., Roland, J. M., Gestin, J. L., Raoult, D., Acar, J. F., & Goldstein, F. W. (1996). *Bartonella* (Rochalimaea) quintana endocarditis in an Algerian farmer. *Clinical microbiology and infection : the official publication of the European Society of Clinical*

Microbiology and Infectious Diseases, 1(4), 275–276. [https://doi.org/10.1016/s1198-743x\(15\)60288-9](https://doi.org/10.1016/s1198-743x(15)60288-9)

Maltezou, H. C., & Papa, A. (2010). Crimean-Congo hemorrhagic fever: risk for emergence of new endemic foci in Europe ? Travel medicine and infectious disease, 8(3), 139–143. <https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2010.04.008>

Manoj, R. R. S., Mendoza-Roldan, J. A., Latrofa, M. S., Remesar, S., Brianti, E., & Otranto, D. (2021). Molecular detection of zoonotic blood pathogens in ticks from illegally imported turtles in Italy. Acta tropica, 222, 106038. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2021.106038>

Mans, B. J., Pienaar, R., & Latif, A. A. (2015). A review of Theileria diagnostics and epidemiology. International journal for parasitology. Parasites and wildlife, 4(1), 104–118. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2014.12.006>

Mansfield, K. L., Jizhou, L., Phipps, L. P., & Johnson, N. (2017). Emerging Tick-Borne Viruses in the Twenty-First Century. Frontiers in cellular and infection microbiology, 7, 298. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00298>

Manuguerra, J. C., & Vanhomwegen, J. (2024). 5. Crimean-Congo Haemorrhagic Fever. WOA H Manual of Diagnostic Tests and Vaccines for Terrestrial Animals, thirteenth edition 2024.

Mariner, J. C., Morrill, J., & Ksiazek, T. G. (1995). Antibodies to hemorrhagic fever viruses in domestic livestock in Niger : Rift Valley fever and Crimean-Congo hemorrhagic fever. The American journal of tropical medicine and hygiene, 53(3), 217–221. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1995.53.217>

Matei, I. A., Estrada-Peña, A., Cutler, S. J., Vayssier-Taussat, M., Varela-Castro, L., Potkonjak, A., Zeller, H., & Mihalca, A. D. (2019). A review on the eco-epidemiology and clinical management of human granulocytic anaplasmosis and its agent in Europe. Parasites & vectors, 12(1), 599. <https://doi.org/10.1186/s13071-019-3852-6>

Maurin, M., & Pelloux, I. (2014). Francisella tularensis et la tularémie. Revue Francophone des Laboratoires, 2014(464), 31-35. [https://doi.org/10.1016/S1773-035X\(14\)72572-9](https://doi.org/10.1016/S1773-035X(14)72572-9)

- Mazzola, L. T., & Kelly-Cirino, C. (2019). Diagnostic tests for Crimean-Congo haemorrhagic fever: a widespread tickborne disease. *BMJ global health*, 4(Suppl 2), e001114. <https://doi.org/10.1136/bmjgh-2018-001114>
- McCarthy, M. C., Haberberger, R. L., Salib, A. W., Soliman, B. A., El-Tigani, A., Khalid, I. O., & Watts, D. M. (1996). Evaluation of arthropod-borne viruses and other infectious disease pathogens as the causes of febrile illnesses in the Khartoum Province of Sudan. *Journal of medical virology*, 48(2), 141–146. [https://doi.org/10.1002/\(SICI\)1096-9071\(199602\)48:2<141 : AID-JMV4>3.0.CO ;2-9](https://doi.org/10.1002/(SICI)1096-9071(199602)48:2<141 : AID-JMV4>3.0.CO ;2-9)
- Mechouk, N., Deak, G., Boucheikhchoukh, M., Bouslama, Z., & Mihalca, A. D. (2024b). A new canid host for subcutaneous ticks: A report from Algeria in an African golden wolf (*Canis lupaster*). *Veterinary parasitology, regional studies and reports*, 55, 101109. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2024.101109>
- Mechouk, N., Ionică, A. M., Cazan, C. D., Deak, G., Boucheikhchoukh, M., Bendjeddou, M. L., Bouslama, Z., & Mihalca, A. D. (2024a). Molecular evidence of *Borrelia lusitaniae* from questing *Ixodes* ticks in Algeria. *Veterinary parasitology, regional studies and reports*, 53, 101062. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2024.101062>
- Mechouk, N., Mihalca, A. D., Deak, G., & Bouslama, Z. (2022). Synopsis of the ticks of Algeria with new hosts and localities records. *Parasites & vectors*, 15(1), 302. <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05424-2>
- Meddour, S., Mlik, R., Dik, B., Hastriter, M. W., & Sekour, M. (2022). Ectoparasites of the common gundi (*Ctenodactylus gundi* Rothmann) from the Aures Region, Algeria. *Annals of Parasitology*, 68(3).
- Medkour, H., Laidoudi, Y., Lafri, I., Davoust, B., Mekroud, A., Bitam, I., & Mediannikov, O. (2020). Canine vector-borne protozoa: Molecular and serological investigation for *Leishmania* spp., *Trypanosoma* spp., *Babesia* spp., and *Hepatozoon* spp. in dogs from Northern Algeria. *Veterinary parasitology, regional studies and reports*, 19, 100353. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2019.100353>

- Medlock, J. M., & Leach, S. A. (2015). Effect of climate change on vector-borne disease risk in the UK. *The Lancet. Infectious diseases*, 15(6), 721–730. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(15\)70091-5](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(15)70091-5)
- Menadi, S. E., Mura, A., Santucci, C., Ghalmi, F., Hafsi, F., & Masala, G. (2020). Seroprevalence and risk factors of *Coxiella burnetii* infection in cattle in northeast Algeria. *Tropical animal health and production*, 52(3), 935–942. <https://doi.org/10.1007/s11250-019-02083-x>
- Mendoza, E. J., Warner, B., Safronetz, D., & Ranadheera, C. (2018). Crimean-Congo haemorrhagic fever virus : Past, present and future insights for animal modelling and medical countermeasures. *Zoonoses and public health*, 65(5), 465–480. <https://doi.org/10.1111/zph.12469>
- Messina, J. P., & Wint, G. R. W. (2023). The Spatial Distribution of Crimean–Congo Haemorrhagic Fever and Its Potential Vectors in Europe and Beyond. *Insects*, 14(9), 771. <https://doi.org/10.3390/insects14090771>
- Messina, J. P., Pigott, D. M., Golding, N., Duda, K. A., Brownstein, J. S., Weiss, D. J., Gibson, H., Robinson, T. P., Gilbert, M., William Wint, G. R., Nuttall, P. A., Gething, P. W., Myers, M. F., George, D. B., & Hay, S. I. (2015). The global distribution of Crimean-Congo hemorrhagic fever. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 109(8), 503–513. <https://doi.org/10.1093/trstmh/trv050>
- Mhamadi, M., Badji, A., Dieng, I., Gaye, A., Ndiaye, E. H., Ndiaye, M., Mhamadi, M., Touré, C. T., Mbaye, M. R., Barry, M. A., Ndiaye, O., Faye, B., Ba, F. A., Diop, B., Ndiaye, M., Fall, M., Sagne, S. N., Fall, G., Loucoubar, C., Fausther-Bovendo, H., ... Faye, O. (2022). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus Survey in Humans, Ticks, and Livestock in Agnam (Northeastern Senegal) from February 2021 to March 2022. *Tropical medicine and infectious disease*, 7(10), 324. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed7100324>
- MICLAT. (2022). Monographie de la wilaya de Bordj Bou Arreridj. Consulté le 22 décembre 2024, à partir de <https://interieur.gov.dz/Monographie/charte.php?lang=fr>
- Midilli, K., Gargili, A., Ergonul, O., Elevli, M., Ergin, S., Turan, N., Sengöz, G., Ozturk, R., & Bakar, M. (2009). The first clinical case due to AP92 like strain of Crimean-Congo Hemorrhagic

Fever virus and a field survey. BMC infectious diseases, 9, 90. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-9-90>

Ministère de l'Environnement et des Énergies Renouvelables [MEER]. (2016). Stratégie et Plan d'Actions Nationaux pour la Biodiversité 2016-2030 : La biodiversité pour le développement économique et social durable et l'adaptation au changement climatique. Ministère de l'Environnement et des Énergies Renouvelables. Consulté le 2 septembre 2024, à l'adresse <https://www.undp.org/fr/algeria/publications/strategie-et-plan-daction-nationale-pour-la-biodiversite-2016-2030>

Mohamed, M., Said, A. R., Murad, A., & Graham, R. (2008). A serological survey of Crimean-Congo haemorrhagic fever in animals in the Sharkia Governorate of Egypt. *Veterinaria italiana*, 44(3), 513–517.

Mohamed, M., Said, A.-R., Murad, A., & Graham, R. (2008). A serological survey of Crimean-Congo haemorrhagic fever in animals in the Sharkia Governorate of Egypt. *Vet Ital*, 44(3), 513-517.

Mokrani, K., Tebbal, S., Raoult, D., & Fournier, P. E. (2012). Human rickettsioses in the Batna area, eastern Algeria. *Ticks and tick-borne diseases*, 3(5-6), 364–366. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2012.10.017>

Mokrani, N., Parola, P., Tebbal, S., Dalichaouche, M., Aouati, A., & Raoult, D. (2008). *Rickettsia aeschlimannii* infection, Algeria. *Emerging infectious diseases*, 14(11), 1814–1815. <https://doi.org/10.3201/eid1411.071221>

Mori, E., Sforzi, A., Menchetti, M., Mazza, G., Lovari, S., & Pisanu, B. (2015). Ectoparasite load in the crested porcupine *Hystrix cristata* Linnaeus, 1758 in Central Italy. *Parasitology research*, 114(6), 2223–2229. <https://doi.org/10.1007/s00436-015-4413-3>

Morillon, M., & Tolou, H. (1998). Les fièvres hémorragiques virales. *La Lettre de l'infectiologue*, 13(9).

Morrill, J., Soliman, A., Imam, I., Botros, B., Moussa, M., & Watts, D. (1990). Serological evidence of Crimean-Congo haemorrhagic fever viral infection among camels imported into Egypt. *The Journal of tropical medicine and hygiene*, 93(3), 201-204.

- Mostafavi, E., Pourhossein, B., Esmaeili, S., Bagheri Amiri, F., Khakifirouz, S., Shah-Hosseini, N., & Tabatabaei, S. M. (2017). Seroepidemiology and risk factors of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever among butchers and slaughterhouse workers in southeastern Iran. *International journal of infectious diseases : IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases*, 64, 85–89. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2017.09.008>
- Mouffok, N., Benabdellah, A., Richet, H., Rolain, J. M., Razik, F., Belamadani, D., Abidi, S., Bellal, R., Gouriet, F., Midoun, N., Brouqui, P., & Raoult, D. (2006). Reemergence of rickettsiosis in Oran, Algeria. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1078, 180–184. <https://doi.org/10.1196/annals.1374.033>
- Mouffok, N., Parola, P., Lepidi, H., & Raoult, D. (2009). Mediterranean spotted fever in Algeria-new trends. *International journal of infectious diseases : IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases*, 13(2), 227–235. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2008.06.035>
- Mouffok, N., Socolovschi, C., Renvoise, A., Parola, P., & Raoult, D. (2011). Diagnosis of rickettsioses from eschar swab samples, Algeria. *Emerging infectious diseases*, 17(10), 1968–1969. <https://doi.org/10.3201/eid1710.110332>
- Moutailler, S., George, J.-C., Hansmann, Y., Degeilh, B., Joncour, G., Jourdain, E., Malandrin, L., Umhang, G., Vayssier Taussat, M., Vial, L., Bonnet, S., & Boulanger, N. (2015). 7. Principales maladies transmises par les tiques : épidémiologie, clinique et diagnostic. In K. D. McCoy & N. Boulanger (éds.), *Tiques et maladies à tiques* (1). IRD Éditions. <https://doi.org/10.4000/books.irdeditions.9047>
- Moming, A., Bai, Y., Wang, J., Zhang, Y., Tang, S., Fan, Z., Deng, F., & Shen, S. (2024). The Known and Unknown of Global Tick-Borne Viruses. *Viruses*, 16(12), 1807. <https://doi.org/10.3390/v16121807>
- Moutailler, S., Valiente Moro, C., Vaumourin, E., Michelet, L., Tran, F. H., Devillers, E., Cosson, J. F., Gasqui, P., Van, V. T., Mavingui, P., Vourc'h, G., & Vayssier-Taussat, M. (2016). Co-infection of Ticks: The Rule Rather Than the Exception. *PLoS neglected tropical diseases*, 10(3), e0004539. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004539>

Moutou, F. (2004). Faune sauvage et risques zoonotiques. Bulletin de l'Académie vétérinaire de France, 157(3), 95-99. DOI : 10.4267/2042/47729

Mueller, A. K., Kohlhepp, F., Hammerschmidt, C., & Michel, K. (2010). Invasion of mosquito salivary glands by malaria parasites: prerequisites and defense strategies. International journal for parasitology, 40(11), 1229–1235. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2010.05.005>

Nabeth, P., Cheikh, D. O., Lo, B., Faye, O., Vall, I. O., Niang, M., Wague, B., Diop, D., Diallo, M., Diallo, B., Diop, O. M., & Simon, F. (2004). Crimean-Congo hemorrhagic fever, Mauritania. Emerging infectious diseases, 10(12), 2143–2149. <https://doi.org/10.3201/eid1012.040535>

Narladkar B. W. (2018). Projected economic losses due to vector and vector-borne parasitic diseases in livestock of India and its significance in implementing the concept of integrated practices for vector management. Veterinary world, 11(2), 151–160. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2018.151-160>

Nasirian H. (2020). New aspects about Crimean-Congo hemorrhagic fever (CCHF) cases and associated fatality trends : A global systematic review and meta-analysis. Comparative immunology, microbiology and infectious diseases, 69, 101429. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2020.101429>

Norte, A. C., Boyer, P. H., Castillo-Ramirez, S., Chvostáč, M., Brahami, M. O., Rollins, R. E., Woudenberg, T., Didyk, Y. M., Derdakova, M., Nuncio, M. S., Carvalho, I. L., Margos, G., & Fingerle, V. (2021). The Population Structure of *Borrelia lusitaniae* Is Reflected by a Population Division of Its Ixodes Vector. Microorganisms, 9(5), 933. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9050933>

Noureddine, M., Ionică, A., Cazan, C. D., Deak, G., Bouslama, Z., Boucheikhchoukh, M., . . . Mihalca, A. (2023). First molecular evidence of *Borrelia lusitaniae* from sympatric *Ixodes* questing ticks in Algeria. DOI : 10.13140/RG.2.2.31697.30566

Nurettin, C., Engin, B., Sukru, T., Munir, A., Zati, V., & Aykut, O. (2022). The Seroprevalence of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Wild and Domestic Animals : An Epidemiological Update for Domestic Animals and First Seroevidence in Wild Animals from Turkiye. Veterinary sciences, 9(9), 462. <https://doi.org/10.3390/vetsci9090462>

ONS., 2021. La production Agricole Campagne 2020/2021. Document n°990. Direction Technique chargée des Statistiques Régionales et de la Cartographie / Direction des publications et de la Diffusion / Office National des Statistiques. Alger, Algérie. https://www.ons.dz/IMG/pdf/ProdAgricol2020_2021.pdf. (consulté 10 Déc 2022)

Ostfeld, R. (2011). A Systems Approach to Understanding Tick-Borne Diseases: People, Animals, and Ecosystems In: An Overview of Tick-Borne Diseases.15-23 Critical needs and gaps in understanding prevention, amelioration, and resolution of lyme and other tick-borne diseases: the short-term and long-term outcomes: workshop report. National Academies Press.

Ouchene, N., Nebbak, A., Ouchene-Khelifi, N. A., Dahmani, A., Zeroual, F., Khelef, D., Bitam, I., Benakhla, A., & Parola, P. (2020). Molecular detection of avian spirochete *Borrelia anserina* in *Argas persicus* ticks in Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 68, 101408. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2019.101408>

Palomar, A. M., Portillo, A., Santibáñez, P., Mazuelas, D., Arizaga, J., Crespo, A., Gutiérrez, Ó., Cuadrado, J. F., & Oteo, J. A. (2013). Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in ticks from migratory birds, Morocco. *Emerging infectious diseases*, 19(2), 260–263. <https://doi.org/10.3201/eid1902.121193>

Panayotova, E., Papa, A., Trifonova, I., & Christova, I. (2016). Crimean-Congo hemorrhagic fever virus lineages Europe 1 and Europe 2 in Bulgarian ticks. *Ticks and tick-borne diseases*, 7(5), 1024–1028. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2016.05.010>

Papa, A., Chaligiannis, I., Kontana, N., Sourba, T., Tsioka, K., Tsatsaris, A., & Sotiraki, S. (2014). A novel AP92-like Crimean-Congo hemorrhagic fever virus strain, Greece. *Ticks and tick-borne diseases*, 5(5), 590–593. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2014.04.008>

Papa, A., Markatou, F., Maltezou, H. C., Papadopoulou, E., Terzi, E., Ventouri, S., Pervanidou, D., Tsiodras, S., & Maltezos, E. (2018a). Crimean-Congo haemorrhagic fever in a Greek worker returning from Bulgaria, June 2018. *Euro surveillance : bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin*, 23(35), 1800432. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.35.1800432>

- Papa, A., Papadimitriou, E., & Christova, I. (2011). The Bulgarian vaccine Crimean-Congo haemorrhagic fever virus strain. *Scandinavian journal of infectious diseases*, 43(3), 225–229. <https://doi.org/10.3109/00365548.2010.540036>
- Papa, A., Papadopoulou, E., Tsioka, K., Kontana, A., Pappa, S., Melidou, A., & Giadinis, N. D. (2018b). Isolation and whole-genome sequencing of a Crimean-Congo hemorrhagic fever virus strain, Greece. *Ticks and tick-borne diseases*, 9(4), 788–791. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2018.02.024>
- Papa, A., Tsergouli, K., Tsioka, K., & Mirazimi, A. (2017). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever : Tick-Host-Virus Interactions. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 7, 213. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2017.00213>
- Papadopoulos, O. t., & Koptopoulos, G. (1980). Crimean-Congo hemorrhagic fever (CCHF) in Greece: isolation of the virus from Rhipicephalus bursa ticks and a preliminary serological survey. *Zentbl Bakteriol Hyg Abt, 1(Suppl 9)*, 189-193.
- Parola, P., Paddock, C. D., Socolovschi, C., Labruna, M. B., Mediannikov, O., Kernif, T., Abdad, M. Y., Stenos, J., Bitam, I., Fournier, P. E., & Raoult, D. (2013). Update on tick-borne rickettsioses around the world: a geographic approach. *Clinical microbiology reviews*, 26(4), 657–702. <https://doi.org/10.1128/CMR.00032-13>
- Patel, A. A., Dalal, Y. D., Parikh, A., Gandhi, R., & Shah, A. (2023). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever: An Emerging Viral Infection in India, Revisited and Lessons Learned. *Cureus*, 15(8), e43315. <https://doi.org/10.7759/cureus.43315>
- Pérez-Eid, C. (2004). Émergence des maladies transmises par les tiques en zone tempérée . *Annales de Biologie Clinique*, 62(2):149-154.
- Pérez-Eid, C. (2007). Les tiques : identification, biologie, importance médicale et vétérinaire. Lavoisier.
- Pexara, A., Solomakos, N., & Govaris, A. (2018). Q fever and seroprevalence of Coxiella burnetii in domestic ruminants. *Veterinaria italiana*, 54(4), 265–279. <https://doi.org/10.12834/VetIt.1113.6046.3>

- Pierrou, M., Mimoune, G., & Vastel, G. (1956). Une importante épidémie de fièvre Q (175 cas) observée à Batna (Algérie) [An extensive epidemic of Q fever (175 cases) studied at Batna (Algeria)]. *La Presse medicale*, 64(21), 471–473.
- Piesman, J., & Gern, L. (2004). Lyme borreliosis in Europe and North America. *Parasitology*, 129 Suppl, S191–S220. <https://doi.org/10.1017/s0031182003004694>
- Podsiadly, E., Karbowiak, G., & Tylewska-Wierzbanska, S. (2009). Presence of Bartonella spp. in Ixodidae ticks. *Clinical Microbiology and Infection*, 15, 120-121.
- Portillo, A., Palomar, A. M., Santibáñez, P., & Oteo, J. A. (2021). Epidemiological Aspects of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Western Europe : What about the Future ? *Microorganisms*, 9(3), 649. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9030649>
- Pshenichnaya, N. Y., & Nenadskaya, S. A. (2015). Probable Crimean-Congo hemorrhagic fever virus transmission occurred after aerosol-generating medical procedures in Russia: nosocomial cluster. *International journal of infectious diseases : IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases*, 33, 120–122. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2014.12.047>
- Pshenichnaya, N. Y., Sydenko, I. S., Klinovaya, E. P., Romanova, E. B., & Zhuravlev, A. S. (2016). Possible sexual transmission of Crimean-Congo hemorrhagic fever. *International journal of infectious diseases : IJID : official publication of the International Society for Infectious Diseases*, 45, 109–111. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2016.02.1008>
- Qiu, Y., Squarre, D., Nakamura, Y., Lau, A. C. C., Moonga, L. C., Kawai, N., Ohnuma, A., Hayashida, K., Nakao, R., Yamagishi, J., Sawa, H., Namangala, B., & Kawabata, H. (2021). Evidence of Borrelia theileri in Wild and Domestic Animals in the Kafue Ecosystem of Zambia. *Microorganisms*, 9(11), 2405. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9112405>
- Raabe V. N. (2020). Diagnostic Testing for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever. *Journal of clinical microbiology*, 58(4), e01580-19. <https://doi.org/10.1128/JCM.01580-19>
- Rahal, M., Tahir, D., Eldin, C., Bitam, I., Raoult, D., & Parola, P. (2018). Genotyping of Coxiella burnetii detected in placental tissues from aborted dairy cattle in the north of Algeria. *Comparative immunology, microbiology and infectious diseases*, 57, 50–54. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2018.06.001>

Randa, M. L. I. K., Meddour, S., Bilal, D. I. K., Souttou, K., & Sekour, M. (2022). First report of ectoparasites from black rats (*Rattus rattus* Linnaeus, 1758) in oasis regions from Algeria. *Notulae Scientia Biologicae*, 14(1), 11013-11013.

Rar, V. A., Fomenko, N. V., Dobrotvorsky, A. K., Livanova, N. N., Rudakova, S. A., Fedorov, E. G., ... & Morozova, O. V. (2005). Tickborne pathogen detection, western Siberia, Russia. *Emerging infectious diseases*, 11(11), 1708.

Rasikh, A. S., Aram, M. M., & Noory, A. T. (2023). Clinical and Epidemiological Characteristics of 30 Fatal Cases of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in Kabul, Afghanistan: A Retrospective Observational Study. *Infection and drug resistance*, 16, 3469–3476. <https://doi.org/10.2147/IDR.S410955>

Raut, A.A. et al. (2020). Crimean-Congo Haemorrhagic Fever Virus. In: Malik, Y., Singh, R., Yadav, M. (eds) *Emerging and Transboundary Animal Viruses . Livestock Diseases and Management*. Springer, Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-15-0402-0_11

Reed K. D. (2002). Laboratory testing for Lyme disease: possibilities and practicalities. *Journal of clinical microbiology*, 40(2), 319–324. <https://doi.org/10.1128/JCM.40.2.319-324.2002>

Refojos, C. R., zabala, J., zuberogoitia, I., et barral, M. (2006). Ectoparasitic charge of small carnivores and its sanitary implications.

Reghaissia, N., Dahmane, A., Boularias, G., Ghalmi, F., & Azzag, N. (2020). Epidemiological and Comparative Diagnostic Study of Spp. Infection in Goats from North-Eastern Algeria. *Folia Veterinaria*, 64(3), 61-74. <https://doi.org/10.2478/fv-2020-0028>

Rehman, A., Nijhof, A. M., Sauter-Louis, C., Schauer, B., Staubach, C., & Conraths, F. J. (2017). Distribution of ticks infesting ruminants and risk factors associated with high tick prevalence in livestock farms in the semi-arid and arid agro-ecological zones of Pakistan. *Parasites & vectors*, 10(1), 190. <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2138-0>

Reynard, O., Ritter, M., Martin, B., & Volchkov, V. (2021). La fièvre hémorragique de Crimée-Congo, une future problématique de santé en France ? [Crimean-Congo hemorrhagic fever, a future health problem in France?]. *Medecine sciences : M/S*, 37(2), 135–140. <https://doi.org/10.1051/medsci/2020277>

- Rjeibi, M. R., Ayadi, O., Rekik, M., & Gharbi, M. (2018). Molecular survey and genetic characterization of *Anaplasma centrale*, *A. marginale* and *A. bovis* in cattle from Algeria. *Transboundary and emerging diseases*, 65(2), 456–464. <https://doi.org/10.1111/tbed.12725>
- Rosalino, L. M., Rodrigues, M., Santos-Silva, M., & Santos-Reis, M. (2007). Unusual findings on host-tick interactions through carnivore scat analysis. *Experimental & applied acarology*, 43(4), 293–302. <https://doi.org/10.1007/s10493-007-9119-5>
- Rousselle, C., Floret, D., Cochat, P., Reignier, F., & Wright, C. (1989). Encéphalite aiguë à *Borrelia burgdorferi* (maladie de Lyme) chez un enfant algérien [Acute *Borrelia burgdorferi* encephalitis (Lyme disease) in an Algerian child]. *Pédiatrie*, 44(4), 265–269.
- Ryan, E. T., Hill, D. R., Solomon, T., Aronson, N., & Endy, T. P. (2019). *Hunter's tropical medicine and emerging infectious diseases*: Elsevier Health Sciences
- Sadeddine, R., Diarra, A. Z., Laroche, M., Mediannikov, O., Righi, S., Benakhla, A., Dahmana, H., Raoult, D., & Parola, P. (2020). Molecular identification of protozoal and bacterial organisms in domestic animals and their infesting ticks from north-eastern Algeria. *Ticks and tick-borne diseases*, 11(2), 101330. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2019.101330>
- Safronetz, D., Sacko, M., Sogoba, N., Rosenke, K., Martellaro, C., Traoré, S., Cissé, I., Maiga, O., Boisen, M., Nelson, D., Oottamasathien, D., Millett, M., Garry, R. F., Branco, L. M., Doumbia, S., Feldmann, H., & Traoré, M. S. (2016). Vectorborne Infections, Mali. *Emerging infectious diseases*, 22(2), 340–342. <https://doi.org/10.3201/eid2202.150688>
- Saijo, M. (2007). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever in the Xinjiang Uygur Autonomous Region of Western China. In: Ergonul, O., Whitehouse, C.A. (eds) *Crimean-Congo Hemorrhagic Fever*. Springer, Dordrecht. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-6106-6_10
- Saijo, M., Tang, Q., Shimayi, B., Han, L., Zhang, Y., Asiguma, M., Tianshu, D., Maeda, A., Kurane, I., & Morikawa, S. (2004). Possible horizontal transmission of crimean-congo hemorrhagic Fever virus from a mother to her child. *Japanese journal of infectious diseases*, 57(2), 55–57.
- Sakraoui, F., Boukheroufa, M., Sakraoui, W., & Madoui, M. B. E. (2014). Ectoparasitic ecology of Algerian hedgehog *Ateleris algirus* (Lereboullet, 1842) (Erinaceidae, Mammalia) in some

localities of Edough Montain (W. Annaba, Northeast Algeria). *Advances in Environmental Biology*, 8(21):217-221

Salehi-Vaziri, M., Baniasadi, V., Jalali, T., Mirghiasi, S. M., Azad-Manjiri, S., Zarandi, R., Mohammadi, T., Khakifirouz, S., & Fazlalipour, M. (2016). The First Fatal Case of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Caused by the AP92-Like Strain of the Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus. *Japanese journal of infectious diseases*, 69(4), 344–346. <https://doi.org/10.7883/yoken.JJID.2015.533>

Sándor, A.D. (2017). *Ixodes hexagonus* Leach, 1815 (Figs. 49–51). In: Estrada-Peña, A., Mihalca, A., Petney, T. (eds) *Ticks of Europe and North Africa*. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-63760-0_30

Sas, M. A., Comtet, L., Donnet, F., Mertens, M., Vatansever, Z., Tordo, N., Pourquier, P., & Groschup, M. H. (2018). A novel double-antigen sandwich ELISA for the species-independent detection of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus-specific antibodies. *Antiviral research*, 151, 24–26. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2018.01.006>

Schulz, A., Barry, Y., Stoek, F., Ba, A., Schulz, J., Haki, M. L., Sas, M. A., Doumbia, B. A., Kirkland, P., Bah, M. Y., Eiden, M., & Groschup, M. H. (2021). Crimean-Congo hemorrhagic fever virus antibody prevalence in Mauritanian livestock (cattle, goats, sheep and camels) is stratified by the animal's age. *PLoS neglected tropical diseases*, 15(4), e0009228. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009228>

Schuster, I., Mertens, M., Mrenoshki, S., Staubach, C., Mertens, C., Brüning, F., Wernike, K., Hechinger, S., Berxholi, K., Mitrov, D., & Groschup, M. H. (2016). Sheep and goats as indicator animals for the circulation of CCHFV in the environment. *Experimental & applied acarology*, 68(3), 337–346. <https://doi.org/10.1007/s10493-015-9996-y>

Sebkhi, K., Adaouri, M. ., Triki, S., Lebied, M., Houari, A. ., Bourada, A., & Sebbagh, L. (2024). Évaluation des performances reproductives et productives d'un croisement génétique alternatif entre deux races ovines locales, Ouled Djellal et D'man. *Revue d'élevage Et De médecine vétérinaire Des Pays Tropicaux*, 77, 1–6. <https://doi.org/10.19182/remvt.37249>

- Seddouki, K., Kouied, A. B., Razik, F., & Benabdellah, A. (2009). O-12 Étude de la relation du climat et la Fièvre Boutonneuse Méditerranéenne au Nord Ouest algérien. *Médecine et Maladies Infectieuses*, 39, S66. [https://doi.org/10.1016/S0399-077X\(09\)74484-1](https://doi.org/10.1016/S0399-077X(09)74484-1)
- Senaoui, C., Boukheroufa, M., boukheroufa - sakraoui, F., & Sakraoui, W. (2020). Preferential fixation sites and relative frequencies of ectoparasites at *Atelerix algirus* (Lereboullet, 1842) in a locality on the North East of Algeria, *Ecol Environ Conserv*, 26, 926-930.
- Shahhosseini, N., Wong, G., Babuadze, G., Camp, J. V., Ergonul, O., Kobinger, G. P., Chinikar, S., & Nowotny, N. (2021). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Asia, Africa and Europe. *Microorganisms*, 9(9), 1907. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9091907>
- Shayan, S., Bokaeian, M., Shahrivar, M. R., & Chinikar, S. (2015). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever. *Laboratory medicine*, 46(3), 180–189. <https://doi.org/10.1309/LMN1P2FRZ7BKZSCO>
- Sherifi, K., Rexhepi, A., Berxholi, K., Mehmedi, B., Gecaj, R. M., Hoxha, Z., Joachim, A., & Duscher, G. G. (2018). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus and *Borrelia burgdorferi* sensu lato in Ticks from Kosovo and Albania. *Frontiers in veterinary science*, 5, 38. <https://doi.org/10.3389/fvets.2018.00038>
- Shi, H., Duan, L., Liu, F., Hu, Y., Shi, Z., Chen, X., ... & Yao, L. (2019). Rhipicephalus (Boophilus) microplus ticks as reservoir and vector of ‘Candidatus Mycoplasma haemobos’ in China. *Veterinary Parasitology*, 274, 108929.
- Shi, J., Hu, Z., Deng, F., & Shen, S. (2018). Tick-Borne Viruses. *Virologica Sinica*, 33(1), 21–43. <https://doi.org/10.1007/s12250-018-0019-0>
- Sidhoum, N. R., Boucheikhchoukh, M., Azzouzi, C., Mechouk, N., Culda, C. A., Ionică, A. M., Balmos, O. M., Mihalca, A. D., & Deak, G. (2024). Molecular survey of flea-borne pathogens in fleas associated with carnivores from Algeria and an Artificial Neural Network-based risk analysis of flea-borne diseases. *Research in veterinary science*, 171, 105235. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2024.105235>
- Široký, P., Petrzelková, K. J., Kamler, M., Mihalca, A. D., & Modrý, D. (2006). *Hyalomma aegyptium* as dominant tick in tortoises of the genus *Testudo* in Balkan countries, with notes on

its host preferences. *Experimental & applied acarology*, 40(3-4), 279–290. <https://doi.org/10.1007/s10493-006-9036-z>

Socolovschi, C., Bitam, I., Raoult, D., & Parola, P. (2009). Transmission of *Rickettsia conorii* in naturally infected *Rhipicephalus sanguineus*. *Clinical microbiology and infection : the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 15 Suppl 2, 319–321. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2008.02257.x>

Socolovschi, C., Doudier, B., Pages, F., & Parola, P. (2008). Tiques et maladies transmises à l'homme en Afrique [Ticks and human tick-borne diseases in Africa]. *Medecine tropicale : revue du Corps de sante colonial*, 68(2), 119–133.

Sonenshine, D. E., & Mather, T. N. (1994). *Ecological dynamics of tick-borne zoonoses* : Oxford University Press.

Soualah-Alila, H., Bouslama, Z., Amr, Z., & Hani, R. B. (2015). Tick infestations (Acari: Ixodidae) on three lizard species from Seraidi (Annaba District), northeastern Algeria. *Experimental and Applied Acarology*, 67(1), 159-163. [10.1007/s10493-015-9932-1](https://doi.org/10.1007/s10493-015-9932-1)

Soualah-Alila, H. (2013). *Étude du système « tiques-lézards-agents pathogènes » dans le parc national d'El Kala (Nord-Est algérien)* [Thèse de doctorat, Université Badji Mokhtar – Annaba].

Spengler, J. R., Bergeron, É., & Rollin, P. E. (2016). Seroepidemiological Studies of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus in Domestic and Wild Animals. *PLoS neglected tropical diseases*, 10(1), e0004210. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0004210>

Stockman, S. (1918). Louping-ill. *Journal of Comparative Pathology and Therapeutics*, 31, 137-193. doi: [https://doi.org/10.1016/S0368-1742\(18\)80019-4](https://doi.org/10.1016/S0368-1742(18)80019-4)

Suliman, H. M., Adam, I. A., Saeed, S. I., Abdelaziz, S. A., Haroun, E. M., & Aradaib, I. E. (2017). Crimean Congo hemorrhagic fever among the one-humped camel (*Camelus dromedaries*) in Central Sudan. *Virology Journal*, 14(1), 1-7.

Tahir, D., Meyer, L., Fourie, J., Jongejan, F., Mather, T., Choumet, V., Blagburn, B., Straubinger, R. K., & Varloud, M. (2020). Interrupted Blood Feeding in Ticks: Causes and Consequences. *Microorganisms*, 8(6), 910. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8060910>

- Tantawi, H. H., Shony, M. O., & Al-Tikriti, S. K. (1981). Antibodies to Crimean-Congo haemorrhagic fever virus in domestic animals in Iraq: a seroepidemiological survey. *International journal of zoonoses*, 8(2), 115–120.
- Taraku, A., Bizhga, B., Korro, K., Berxholi, K., Lugaj, A., & Groschup, M. H. (2015). Sheep as the Hosts of the CCHF and Tick in Kosovo. *ANGLISTICUM. Journal of the Association-Institute for English Language and American Studies*, 4, 151-156.
- Tasdelen Fisgin, N., Fisgin, T., Tanyel, E., Doganci, L., Tulek, N., Guler, N., & Duru, F. (2008). Crimean-Congo hemorrhagic fever: five patients with hemophagocytic syndrome. *American journal of hematology*, 83(1), 73–76. <https://doi.org/10.1002/ajh.20969>
- Tekelioğlu, B. K., Ozan, E., Ütük, A. E., Atlı, A. H., et al. (2021). Seroepidemiological survey of the Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus (CCHFV) infection amongst domestic ruminants in Adana province, East Mediterranean, Turkey. *Journal of Advances in VetBio Science and Techniques*, 6(3), 228-238. <https://doi.org/10.31797/vetbio.997150>
- Temur, A. I., Kuhn, J. H., Pecor, D. B., Apanaskevich, D. A., & Keshtkar-Jahromi, M. (2021). Epidemiology of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever (CCHF) in Africa-Underestimated for Decades. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 104(6), 1978–1990. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.20-1413>
- Thomas, R. J., Dumler, J. S., & Carlyon, J. A. (2009). Current management of human granulocytic anaplasmosis, human monocytic ehrlichiosis and Ehrlichia ewingii ehrlichiosis. *Expert review of anti-infective therapy*, 7(6), 709–722. <https://doi.org/10.1586/eri.09.44>
- Thrusfield, M. (2007) *Veterinary epidemiology*. 3rd Edition, Blackwell Science Ltd., Oxford.
- Tiar, G., Tiar-Saadi, M., Benyacoub, S., Rouag, R., & Široký, P. (2016). The dependence of Hyalomma aegyptium on its tortoise host Testudo graeca in Algeria. *Medical and veterinary entomology*, 30(3), 351–359. <https://doi.org/10.1111/mve.12175>
- Tien-Nguyen, L., & Bélec, L. (1993). Endocardite à Coxiella burnetii sur bioprothèse valvulaire: revue de la littérature à propos d'un cas [Coxiella burnetii endocarditis on a bioprosthetic valve: review of the literature apropos of a case]. *La Revue de medecine interne*, 14(9), 851–855. [https://doi.org/10.1016/s0248-8663\(05\)81143-9](https://doi.org/10.1016/s0248-8663(05)81143-9)

Tissot-Dupont, H., & Raoult, D. (2008). Q fever. *Infectious disease clinics of North America*, 22(3), 505–ix. <https://doi.org/10.1016/j.idc.2008.03.002>

Tołkacz, K., Kowalec, M., Alsarraf, M., Grzybek, M., Dwużnik-Szarek, D., Behnke, J. M., & Bajer, A. (2023). Candidatus *Neoehrlichia mikurensis* and *Hepatozoon* sp. in voles (*Microtus* spp.): occurrence and evidence for vertical transmission. *Scientific Reports*, 13(1), 1733.

Toma, B., Dufour, B., Bénet, J.J., Sanaa, M., Shaw, A., Moutou, F., (2009) : *Epidémiologie appliquée à la lutte collective contre les maladies animales transmissibles majeures*. 3ème édition, AEEMA 2010

Tonbak, S., Aktas, M., Altay, K., Azkur, A. K., Kalkan, A., Bolat, Y., Dumanli, N., & Ozdarendeli, A. (2006). Crimean-Congo hemorrhagic fever virus: genetic analysis and tick survey in Turkey. *Journal of clinical microbiology*, 44(11), 4120–4124. <https://doi.org/10.1128/JCM.00644-06>

Trape, J. F., Diatta, G., Arnathau, C., Bitam, I., Sarih, M., Belghyti, D., Bouattour, A., Elguero, E., Vial, L., Mané, Y., Baldé, C., Prugnonle, F., Chauvancy, G., Mahé, G., Granjon, L., Duplantier, J. M., Durand, P., & Renaud, F. (2013). The epidemiology and geographic distribution of relapsing fever borreliosis in West and North Africa, with a review of the *Ornithodoros erraticus* complex (Acari: Ixodida). *PloS one*, 8(11), e78473. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0078473>

Tsao, J. I., Hamer, S. A., Han, S., Sidge, J. L., & Hickling, G. J. (2021). The contribution of wildlife hosts to the rise of ticks and tick-borne diseases in North America. *Journal of medical entomology*, 58(4), 1565-1587.

Tsergouli, K., Karampatakis, T., Haidich, A. B., Metallidis, S., & Papa, A. (2020). Nosocomial infections caused by Crimean-Congo haemorrhagic fever virus. *The Journal of hospital infection*, 105(1), 43–52. <https://doi.org/10.1016/j.jhin.2019.12.001>

Tuncer, P., Yesilbag, K., Alpay, G., Dincer, E., et al. (2014). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever infection in domestic animals in Marmara region, Western Turkey. *Ankara Üniversitesi Veteriner Fakültesi Dergisi*, 61(1), 49-53. https://doi.org/10.1501/Vetfak_0000002604

Uiterwijk, M., Vojta, L., Šprem, N., Beck, A., Jurković, D., Kik, M., Duscher, G. G., Hodžić, A., Reljić, S., Sprong, H., & Beck, R. (2023). Diversity of *Hepatozoon* species in wild mammals and ticks in Europe. *Parasites & vectors*, 16(1), 27. <https://doi.org/10.1186/s13071-022-05626-8>

- Uyar, Y., Christova, I., & Papa, A. (2011). Current situation of Crimean Congo hemorrhagic fever (CCHF) in Anatolia and Balkan Peninsula. *Turk Hij Den Biyol Derg*, 68(3), 139-151. <https://doi.org/10.5505/TurkHijyen.2011.60352>.
- Vada, R., Zanet, S., Occhibove, F., Fantini, E., Palencia, P., & Ferroglio, E. (2024). Relating wildlife camera trap data to tick abundance: Testing the relationship in different habitats. *Animals*, 14(18), 2749. <https://doi.org/10.3390/ani14182749>
- Vanhomwegen, J., Alves, M. J., Zupanc, T. A., Bino, S., Chinikar, S., Karlberg, H., Korukluoğlu, G., Korva, M., Mardani, M., Mirazimi, A., Mousavi, M., Papa, A., Saksida, A., Sharifi-Mood, B., Sidira, P., Tsergouli, K., Wölfel, R., Zeller, H., & Dubois, P. (2012). Diagnostic assays for Crimean-Congo hemorrhagic fever. *Emerging infectious diseases*, 18(12), 1958–1965. <https://doi.org/10.3201/eid1812.120710>
- Viviano, A., Huffman, M. A., Senini, C., & Mori, E. (2022). Do porcupines self-medicate? The seasonal consumption of plants with antiparasitic properties coincides with that of parasite infections in *Hystrix cristata* of Central Italy. *European Journal of Wildlife Research*, 68(6), 72. <https://doi.org/10.1007/s10344-022-01620-8>
- Wang, L., Li, D., Liu, Y., Zhang, L., Peng, G., Xu, Z., Jia, H., & Song, C. (2023). Development of an effective one-step double-antigen sandwich ELISA based on p72 to detect antibodies against African swine fever virus. *Frontiers in veterinary science*, 10, 1160583. <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1160583>
- Wasfi, F., Dowall, S., Ghabbari, T., Bosworth, A., Chakroun, M., Varghese, A., Tiouiri, H., Ben Jemaa, M., Znazen, A., Hewson, R., Zhioua, E., & Letaief, A. (2016). Sero-epidemiological survey of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in Tunisia. *Parasite (Paris, France)*, 23, 10. <https://doi.org/10.1051/parasite/2016010>
- Watts, D. M., el-Tigani, A., Botros, B. A., Salib, A. W., Olson, J. G., McCarthy, M., & Ksiazek, T. G. (1994). Arthropod-borne viral infections associated with a fever outbreak in the northern province of Sudan. *The Journal of tropical medicine and hygiene*, 97(4), 228–230.
- Weidmann, M., Avsic-Zupanc, T., Bino, S., Bouloy, M., Burt, F., Chinikar, S., Christova, I., Dedushaj, I., El-Sanousi, A., Elaldi, N., Hewson, R., Hufert, F. T., Humolli, I., Jansen van Vuren,

- P., Koçak Tufan, Z., Korukluoglu, G., Lyssen, P., Mirazimi, A., Neyts, J., Niedrig, M., ... Zeller, H. (2016). Biosafety standards for working with Crimean-Congo hemorrhagic fever virus. *The Journal of general virology*, 97(11), 2799–2808. <https://doi.org/10.1099/jgv.0.000610>
- Whitehouse C. A. (2004). Crimean-Congo hemorrhagic fever. *Antiviral research*, 64(3), 145–160. <https://doi.org/10.1016/j.antiviral.2004.08.001>
- Whitehouse, C. (2008). Crimean–Congo Hemorrhagic Fever Virus and Other Nairoviruses. In A. Press (Ed.), *Desk Encyclopedia of Human and Medical Virology* (pp. 365-372): Elsevier Science.
- Whitehouse, C.A. (2007). Risk Groups and Control Measures for Crimean-Congo Hemorrhagic Fever. In: Ergonul, O., Whitehouse, C.A. (eds) *Crimean-Congo Hemorrhagic Fever*. Springer, Dordrecht. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-6106-6_20
- Wilson, M. L., Gonzalez, J. P., Cornet, J. P., & Camicas, J. L. (1991). Transmission of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus from experimentally infected sheep to *Hyalomma truncatum* ticks. *Research in virology*, 142(5), 395–404. [https://doi.org/10.1016/0923-2516\(91\)90007-p](https://doi.org/10.1016/0923-2516(91)90007-p)
- Wilson, M. L., LeGuenno, B., Guillaud, M., Desoutter, D., Gonzalez, J. P., & Camicas, J. L. (1990 b). Distribution of Crimean-Congo hemorrhagic fever viral antibody in Senegal: environmental and vectorial correlates. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 43(5), 557–566. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.1990.43.557>
- Wilson, M.L. et al. (1990 a). Epidemiology of Crimean-Congo hemorrhagic fever in Senegal: temporal and spatial patterns. In : Calisher, C.H. (eds) *Hemorrhagic Fever with Renal Syndrome, Tick- and Mosquito-Borne Viruses*. *Archives of Virology Supplementum*, vol 1. Springer, Vienna. https://doi.org/10.1007/978-3-7091-9091-3_35
- World Health Organization [WHO]. (2024). Vector-borne diseases. World Health Organization. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/vector-borne-diseases>
- Yadav, P. D., Patil, D. Y., Shete, A. M., Kokate, P., Goyal, P., Jadhav, S., Sinha, S., Zawar, D., Sharma, S. K., Kapil, A., Sharma, D. K., Upadhyay, K. J., & Mourya, D. T. (2016). Nosocomial infection of CCHF among health care workers in Rajasthan, India. *BMC infectious diseases*, 16(1), 624. <https://doi.org/10.1186/s12879-016-1971-7>

- Yousaf, M. Z., Ashfaq, U. A., Anjum, K. M., & Fatima, S. (2018). Crimean-Congo Hemorrhagic Fever (CCHF) in Pakistan : The "Bell" is Ringing Silently. *Critical reviews in eukaryotic gene expression*, 28(2), 93–100. <https://doi.org/10.1615/CritRevEukaryotGeneExpr.2018020593>
- Zeller, H. (2007). Laboratory Diagnosis of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever. In: Ergonul, O., Whitehouse, C.A. (eds) *Crimean-Congo Hemorrhagic Fever*. Springer, Dordrecht. https://doi.org/10.1007/978-1-4020-6106-6_18
- Zeroual, F., Bitam, I., Ouchene, N., Leulmi, H., Aouadi, A., & Benakhla, A. (2014). Identification and seasonal dynamics of ticks on wild boar (*Sus scrofa*) in the extreme north-east of Algeria. *Bull Soc Zool Fr*, 139, 245-253.
- Zeroual, F., Leulmi, H., Benakhla, A., Raoult, D., Parola, P., & Bitam, I. (2018b). Molecular Evidence of *Rickettsia slovaca* in Wild Boar Lice, in Northeastern Algeria. *Vector borne and zoonotic diseases (Larchmont, N.Y.)*, 18(2), 114–116. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2165>
- Zeroual, F., Leulmi, H., Bitam, I., & Benakhla, A. (2018a). Molecular evidence of *Rickettsia slovaca* in spleen of wild boars in northeastern Algeria. *New microbes and new infections*, 24, 17–20. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2018.03.008>
- Zhioua, E., Dachraoui, K., Younsi, H., Said, M. B., Selmi, S., Sgahier, S., ... & Dowall, S. (2024). Epidemiology of Crimean-Congo hemorrhagic fever virus in Tunisia, North Africa: a One Health approach toward prevention and control. *IJID One Health*, 2, 100023. <https://doi.org/10.1016/j.ijidoh.2024.100023>
- Zhou, Z., Deng, F., Han, N., Wang, H., Sun, S., Zhang, Y., Hu, Z., & Rayner, S. (2013). Reassortment and migration analysis of Crimean-Congo haemorrhagic fever virus. *The Journal of general virology*, 94(Pt 11), 2536–2548. <https://doi.org/10.1099/vir.0.056374-0>
- Ziam, H., & Benaouf, H. (2004). Prevalence of blood parasites in cattle from wilayates of Annaba and El Tarf east Algeria. *Archives de l'Institut Pasteur de Tunis*, 81(1-4), 27–30.
- Ziam, H., Ababou, A., Kazadi, J., Harhour, K., Assisi, M., Geysen, D., & Berkvens, D. (2016). Prévalences et signes cliniques associés des piroplasmoses bovines dans les Wilayates d'Annaba et El Tarf, Algérie. *Revue Méd. Vét*, 167(9-10), 241-249

Ziam, H., Kernif, T., Saidani, K., Kelanemer, R., Hammaz, Z., & Geysen, D. (2020). Bovine piroplasmosis-anaplasmosis and clinical signs of tropical theileriosis in the plains of Djurdjura (north Algeria). *Veterinary medicine and science*, 6(4), 720–729. <https://doi.org/10.1002/vms3.305>

Ziam, H., Saidani, K., & Aissi, M. (2017). Prevalence of bovine piroplasmosis and anaplasmosis in north-central Algeria. *Sci Parasitol* 18(1-2):7-15

Zouaghi, K., Bouattour, A., Aounallah, H., Surtees, R., Krause, E., Michel, J., Mamlouk, A., Nitsche, A., & M'ghirbi, Y. (2021). First Serological Evidence of Crimean-Congo Hemorrhagic Fever Virus and Rift Valley Fever Virus in Ruminants in Tunisia. *Pathogens* (Basel, Switzerland), 10(6), 769. <https://doi.org/10.3390/pathogens10060769>

ANNEXE

Annexe : Photographies des animaux étudiés



Photo 1 : Loup doré africain (*Canis lupaster*) victime de la voie publique (Conservation des forêts, Bordj Bou Arreridj).



Photo 2 : Tortue grecque (*Testudo graeca*) infestée par des tiques *Hyalomma aegyptium* (Photo personnelle).



Photo 3 : Sanglier (*Sus scrofa*) (Photo personnelle).



Photo 4 : Lièvre (*Lepus capensis*) (Photo personnelle).

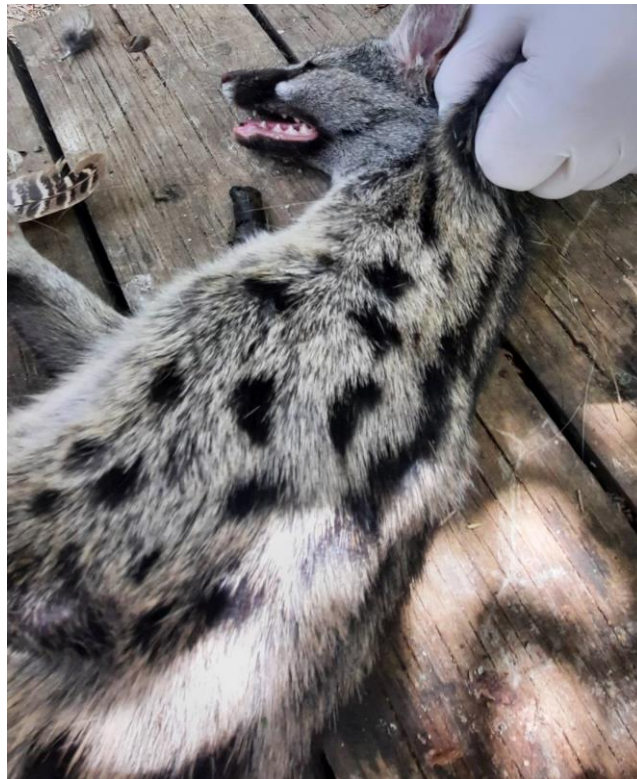


Photo 5 : La genette commune (*Genetta genetta*) (Photo personnelle).



Photo 6 : Prélèvement et inspection du pelage de la hyène rayée (*Hyaena hyaena*) (Photo personnelle).

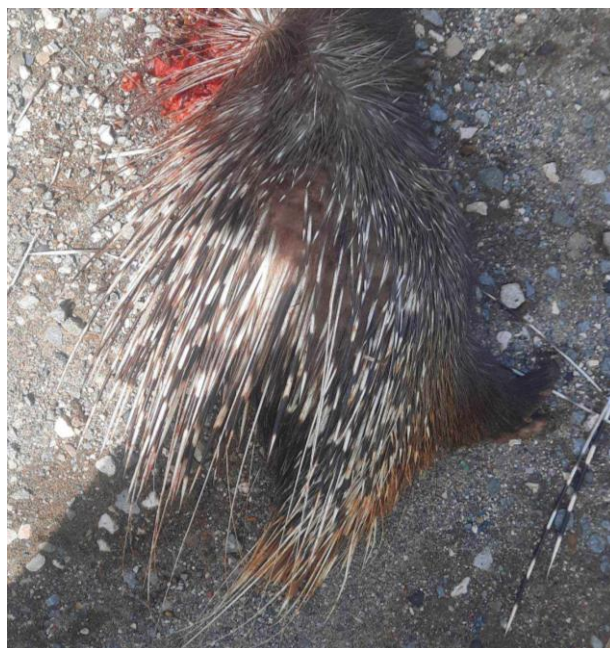


Photo 7 : Cadavre de porcs-épics à crête (*Hystrix cristata*) victime de la voie publique (Photo personnelle).



Photo 8 : Renard roux (*Vulpes vulpes*) (Photo personnelle).



Photo 9 : Hérissons d'Algérie (*Atelerix algirus*) infestés par des tiques (Photo personnelle).