



**Molecular biology tools in parasitology. Their use for identification, biosystematics and population genetics Outils de la biologie moléculaire en parasitologie pour le diagnostic, la biosystématique et la génétique des populations**

Jacques Cabaret, Lucas Gruner, Jean-François Humbert, Jc Quentin, D Richard-Lenoble

► **To cite this version:**

Jacques Cabaret, Lucas Gruner, Jean-François Humbert, Jc Quentin, D Richard-Lenoble. Molecular biology tools in parasitology. Their use for identification, biosystematics and population genetics Outils de la biologie moléculaire en parasitologie pour le diagnostic, la biosystématique et la génétique des populations. Veterinary Research, 1994, 25 (6), pp.580-583. <hal-00902263>

**HAL Id: hal-00902263**

**<https://hal.science/hal-00902263v1>**

Submitted on 11 May 2020

**HAL** is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



HAL Authorization

**Molecular biology tools in parasitology.  
Their use for identification, biosystematics  
and population genetics**  
***Outils de la biologie moléculaire en parasitologie  
pour le diagnostic, la biosystématique  
et la génétique des populations***

J Cabaret <sup>1</sup>\*, L Gruner <sup>1</sup>, JF Humbert <sup>1</sup>,  
JC Quentin <sup>2</sup>, D Richard-Lenoble <sup>3</sup>

<sup>1</sup> INRA, station de pathologie aviaire et de parasitologie,  
laboratoire d'écologie des parasites, 37380 Nouzilly;

<sup>2</sup> Université d'Orléans, laboratoire de zoologie, BP 6759, 47069 Orléans cedex;

<sup>3</sup> Université de Tours, faculté de médecine, service de médecine tropicale,  
2, bd Tonnelé, 37000 Tours, France

(23–25 March 1994 – Muséum d'histoire naturelle, Orléans, France)

This symposium was intended for those who were familiar with molecular biology tools as well as for those who were naive in this respect. The project was that 2 groups of researchers, naive or familiar with molecular biology, could communicate. More than 120 played the game, mostly from French institutions (CIRAD, CNEVA, CNRS, ENV, INRA, MNHN, ORSTOM and university laboratories) and few from other countries: Burkina-Faso, Mauritania, Morocco, Niger, Spain, and Switzerland.

The symposium was organized into 3 sessions covering Taxonomy and Biosystematics, Population Genetics and Identification of Parasites. The common trait was the intensity of gene flow between and within taxa or populations. We did not include antigenic variability as it was not directly related to gene flow and should probably be the subject of a full symposium on host–parasite relationships. A round-table on Analysis of Data was held at the end of the symposium and was a conclusion to the estimations of gene flow throughout time and space. The basic idea was that sessions and the round-table could be animated jointly by a parasitologist and another scientist utilizing molecular biology tools in other biological groups than parasites.

All the lectures, communications and posters were presented in French. A few are translated into English in the present document. The goal of the meeting was not to set formal

---

\* Correspondence and reprints (the order of author does not imply any seniority and only reflects the hazard of alphabet)

standards in the use of molecular biology tools in parasitology but to communicate. When one attempts to summarize the symposium in a schematic manner, we may retain that:

- the delineation between specific taxa and populations is a difficult exercise, due to the fact that evolution is gradual and observation instantaneous,
- the study of delineation should always be located in space and time perspectives,
- the organism, extremely classified as sexual or clonal, should be studied in different ways according to the importance of sex in reproduction,
- the requirements for studies in population genetics and those for identification (particularly for human diseases) are somewhat different,
- a large array of techniques is necessary to assess genetic variability and structuration, from DNA polymorphism to isoenzyme investigations,
- a real need for analysis of data is identified.

We are grateful to all participants, to those who actually took part in the discussions as well as to those who remained silent but will take back information to their own laboratory, to the staff of Museum d'Histoire Naturelle who took care of everyday practical details, and finally to all those who funded this meeting (Anofel, Distrivet, Eurogentec, Genset, Jouan, Pfizer, Pharmacia, Promega and Sigma). A special acknowledgment is due to the Département de Pathologie Animale of INRA for its support.

**parasite / molecular biology / biosystematics / identification / population genetics / data analysis**

## Programme scientifique

### **Session 1 : Taxonomie et biosystématique (Animateurs : F Renaud, Y Bigot)**

Biosystématique et spécificité dans les interactions durables. <i>F Renaud</i> .....	584
Utilisation de la RAPD ( <i>random amplified polymorphism DNA</i> ) pour l'identification et l'analyse phylogénétique des Nématodes parasites de ruminants. <i>JF Humbert, J Cabaret</i> .....	584
Analyse de la région ITS-2 de l'ADN ribosomique au sein du genre <i>Trichostrongylus</i> (Nematoda : Trichostrongylidae). <i>RB Gasser, NB Chilton, H Hoste, S Mallet, I Beveridge</i> .....	585
Typage par RAPD de souches de <i>Trichinella</i> . <i>J Dupouy-Camet, F Robert, C Soulé</i> .....	586
ADN satellites : structures, fonction et évolution. <i>Y Bigot</i> .....	586
Clonage et caractérisation de séquences d'ADN répétées dans le génome de <i>Cryptosporidium parvum</i> ; application préliminaire à l'épidémiologie moléculaire de la cryptosporidiose. <i>A Bonnin, R Nelson, P Camerlynck</i> .....	587
Utilisation de l'hybridation moléculaire et de l'amplification en chaîne par polymérase pour la caractérisation des trypanosomes et l'épidémiologie des trypanosomes en Afrique de l'Ouest. <i>P Solano, L Argiro, JM Reifenberg, G Duvallet</i> .....	588

Sexe, évolution et typage de souches chez les micro-organismes. <i>M Tibayrenc ...</i>	589
Utilisation de la RAPD pour la différenciation inter et intraspécifique des <i>Eimeria</i> du lapin : premiers résultats. <i>D Licois, N Céré, JF Humbert, A Rapy.....</i>	590
La variabilité clonale de <i>Trypanosoma cruzi</i> , agent de la maladie de Chagas, a-t-elle un impact sur son énorme biodiversité ? <i>JP Laurent, M Tibayrenc.....</i>	591
Implication de la variabilité génétique dans la chimiosensibilité de <i>Trypanosoma cruzi</i> . <i>S Revollo, V Carrière, B Outry, M Tibayrenc .....</i>	591
Analyse génétique d'isolats naturels de <i>Leishmania</i> du Pérou et d'Équateur montrant de possibles phénomènes de recombinaison. <i>AL Bañuls, F Guerrini, F Le Pont, M Tibayrenc .....</i>	592
Comparaisons entre la morphologie et les isoenzymes chez les espèces du genre <i>Rhodnius</i> . <i>P Solano, J Pereira, JP Dujardin, M Tibayrenc.....</i>	593
Variabilité génétique de <i>Trypanosoma cruzi</i> , agent de la maladie de Chagas. <i>C Barnabé, S Noël, M Tibayrenc.....</i>	594
Étude de la diversité génétique chez <i>Trypanosoma cruzi</i> : approche par 2 séries indépendantes de marqueurs génétiques : isoenzymes et amplification par amorces aléatoires. <i>B Bastrenta, K Lewicka, JP Dédet, M Tibayrenc.....</i>	595
Résultats préliminaires sur l'étude de la phylogénie des Trichostrongles parasites de ruminants par utilisation des RFLP ( <i>restriction fragment length polymorphism</i> ) de l'ADN ribosomal. <i>JF Humbert, L Elard, J Cabaret .....</i>	595

**Session 2 : Génétique des populations** (Animateurs : *F Bonhomme, F Vanlerberghe*)

Étude comparée par les isoenzymes et la RAPD de la variabilité génétique de <i>Teladorsagia circumcincta</i> , Nématode parasite de petits ruminants. <i>N Gasnier, JF Humbert, P Richard, J Cabaret.....</i>	596
Conséquences de l'utilisation de variétés résistantes sur les structures génétiques de populations d' <i>Heterodera avenae</i> (Nematoda). <i>F Lasserre, F Gigault, R Rivoal.....</i>	597
Modifications environnementales et flux géniques entre schistosomes de l'homme ( <i>Schistosoma haematobium</i> ) et du bétail ( <i>S bovis</i> et <i>S curassoni</i> ) en zone sahélienne (Niger). <i>P Bremond, R Labbo, E Sellin, B Nameoua, A Theron, A Fournier, B Sellin.....</i>	597
Étude de la variabilité morphologique, écologique et génétique des <i>Haemonchinae</i> parasites de ruminants en Mauritanie. <i>AM Comes, P Jacquiet, JF Humbert, J Cabaret .....</i>	598
Marqueurs moléculaires et génétique des populations d'insectes parasitoïdes. <i>F Vanlerberghe-Masutti .....</i>	599
Approche de la génétique de populations parasites du genre <i>Pediculus</i> par l'analyse isoenzymatique. <i>A Rémy-Kristensen, C Lang-Combescot, V Verdier.....</i>	600
Apport de l'analyse isoenzymatique à l'étude des phlébotomes. <i>B Pesson, A Rémy-Kristensen, N Léger, H Ferte, G Madulo-Leblond .....</i>	601

Recherche d'espèces jumelles au sein du taxon <i>Aedes caspius</i> . A Agoulon, J Guillotteau, M Marjolet.....	601
Étude de la variabilité d' <i>Ixodes ricinus</i> (Linné, 1758) dans le cadre d'une étude épidémiologique de la borréliose de Lyme. Résultats préliminaires. B Degeilh, B Gilot, J Pichot, C Guiguen, J Deunff.....	602
Utilisation des sondes d'ADN pour l'identification chromosomique et la cartographie du génome de <i>Leishmania</i> . C Ravel, F Macari, M Pagès, C Blaineau, P Bastien, JP Dedet.....	603

### **Session 3 : Diagnostic (Animateurs : JM Pawlotsky, S Bretagne)**

La détection des ARN : outil de diagnostic en infectiologie. L'exemple du virus de l'hépatite C. JM Pawlotsky \*

Competitive polymerase chain reaction (PCR) and carry-over prevention for diagnosis in microbiology. S Bretagne, JM Costa, M Vidaud.....	604
Détection et identification des Trypanosomes africains par la PCR. A N'Zila Mouanda, B Oury, F Fournet, C Cadoux, P Grébaut, M Dia, JL Lemesre .....	605
Obtention d'anticorps monoclonaux vis-à-vis des espèces <i>Trichinella spiralis</i> et <i>Trichinella</i> T5 : leur utilisation comme marqueurs d'espèce. P Boireau, JF Fabien, M Vayssier, C Vallet, C Perret, C Soule, JF Vautherot.....	606
Détection, par PCR, de larves de <i>Trichinella spiralis</i> dans le sang d'un cheval expérimentalement infesté. C Soulé, JP Guillou, C Vallet, C Perret, M Calamel....	606
Contribution de la PCR au diagnostic d'encéphalopathie toxoplasmique chez le sujet infecté par le virus de l'immunodéficience humaine (VIH). D Aubert, F Foudrinier, P Lemaire, C Marx, G Remy, C Rouger, P Halbout, JM Pinon .....	607
Amplification croisée <i>Pneumocystis carinii</i> - <i>Aspergillus fumigatus</i> par la PCR. I Lavrard, JL Poirot, P Roux, S Latouche, B Hermelin, V Bertrand .....	608
Épidémiologie de la pneumocystose. Apport de la biologie moléculaire : résultats préliminaires. S Latouche, P Roux, JL Poirot, I Lavrard, V Bertrand, B Hermelin...	608

### **Table ronde : analyse des données**

Genetic distances: description, limits, and future. J Cabaret.....	609
Taxonomic sampling, sequence length and the robustness of molecular phylogenies. G Lecointre.....	611
L'analyse génétique des caractères quantitatifs par les marqueurs moléculaires. D De Vienne .....	613

\* Un article sur le sujet sera publié dans un prochain numéro de *Veterinary Research*