



**HAL**  
open science

# Étude de la variabilité morphologique, écologique et génétique des Haemonchinae parasites de ruminants en Mauritanie

Am Comes, P Jacquet, Jf Humbert, J Cabaret

► **To cite this version:**

Am Comes, P Jacquet, Jf Humbert, J Cabaret. Étude de la variabilité morphologique, écologique et génétique des Haemonchinae parasites de ruminants en Mauritanie. *Veterinary Research*, 1994, 25 (6), pp.598-599. hal-00902283

**HAL Id: hal-00902283**

**<https://hal.science/hal-00902283v1>**

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.

ziose uro-génitale de l'homme) et à *S bovis* et *S curassoni* (agents de bilharzioses intestinales des bovins, ovins et caprins) ont permis d'aborder le thème des interactions génétiques entre populations et espèces du groupe «à œuf à éperon terminal».

Au niveau interspécifique, cette problématique a été développée à l'est du Niger, où *Bulinus umbilicatus* est l'hôte principal des 3 espèces de schistosomes. Les enquêtes parasitologiques chez le bétail ont permis de démontrer l'existence d'infestations mixtes à *S bovis* et *S curassoni* avec des appariements hétérologues engendrant une descendance hybride viable et fertile rencontrée chez les bovins, ovins et caprins. L'existence d'un flux génique interspécifique a pu être mise en évidence par la confrontation des données obtenues à partir des marqueurs morphologiques (biométrie des œufs intra-utérins des vers femelles) et biochimiques (polymorphisme alloenzymatique analysé par isoélectrofocalisation en gel mince de polyacrylamide). Ces mêmes marqueurs génétiques ont permis de démontrer la présence, au sein d'une population de schistosomes de l'homme présumée appartenir à l'espèce *S haematobium*, de gènes de *S bovis*. Leur origine est attribuée non pas à une infestation de l'homme par cette espèce, mais plutôt à une rupture de la barrière de spécificité par les hybrides *S bovis* / *S curassoni*, susceptibles d'entraîner par accouplement avec *S haematobium* chez l'homme l'apparition de schistosomes porteurs de gènes des 3 espèces.

Au niveau intraspécifique, les études sur la compatibilité schistosome-mollusque et la dynamique de transmission (identification des parasites naturellement hébergés par les bulins) dans les foyers naturels ont permis la mise en évidence de divergences génétiques entre populations de *S haematobium* de l'ouest (transmises par *B senegalensis* et *B truncatus*) et de l'est (transmise par *B umbilicatus*). Dans la mesure où *B senegalensis* et *B truncatus* sont pré-

sents dans la plupart des sites de l'est, se pose le problème des risques liés à une contamination des foyers de cette zone par des schistosomes de l'ouest, déjà observée en relation avec le développement de la «contre saison». Ils sont susceptibles d'échanger leurs gènes avec les populations de l'est et de «tourner» à la fois sur *B senegalensis*, *B umbilicatus* et *B truncatus*, c'est-à-dire pendant toute la durée de la mise en eau des sites de transmission.

Bien que les marqueurs génétiques «classiques» utilisés en zone d'endémie soient performants et exploitables à coût raisonnable, les outils modernes offerts par la biologie moléculaire permettent d'envisager une analyse plus précise des phénomènes de flux géniques dont les retombées sur le contrôle de l'évolution de l'endémie sont d'une utilité incontestable.

**Étude de la variabilité morphologique, écologique et génétique des *Haemonchines* parasites de ruminants en Mauritanie.** AM Comes<sup>1</sup>, P Jacquiet<sup>2</sup>, JF Humbert<sup>3</sup>, J Cabaret<sup>3</sup> (<sup>1</sup> Dpto de Parasitologia, Facultad de Farmacia, Universidad de Valencia, 46100 Burjassot-Valencia, Espagne ; <sup>2</sup> Centre national d'élevage et de recherche vétérinaire (CNERV), service de parasitologie, BP 167, Nouakchott, Mauritanie ; <sup>3</sup> INRA, station de pathologie aviaire et de parasitologie, laboratoire d'écologie des parasites, 37380 Nouzilly, France)

Nous avons étudié la variabilité morphologique, écologique et génétique de 3 espèces de Nématodes de parasites de ruminants en Mauritanie (*Haemonchus longistipes*, parasite du dromadaire ; *H placei*, parasite du zébu ; *H contortus*, parasite des chèvres et des moutons). Le but de ce travail était tout d'abord de préciser la validité taxonomique de ces 3 espèces (2 d'entre elles étant morphologiquement identiques), qui oppose 2 auteurs (Gibbons, 1979 ; Le

Jambre, 1979). D'autre part, nous avons recherché l'influence des conditions climatiques sur les stratégies de ces parasites et sur leur variabilité génétique. La Mauritanie a en effet un climat sub-sahélien qui impose de fortes contraintes aux parasites pendant la saison sèche, aucune transmission n'étant possible à cette époque de l'année. La variabilité génétique a été estimée par utilisation de la RAPD.

Au niveau morphologique, la proportion des différents morphes (variations de la région vulvaire des femelles) présents au sein de chaque espèce était variable. Chez *H longistipes*, 2 morphotypes ont été observés (bouton : 52% ; lisse : 40%) alors que chez *H placei* le morphe bouton était très largement majoritaire (87%). Enfin, chez *H contortus*, les 3 morphes se rencontraient (linguiforme : 55% ; bouton : 29% ; lisse : 16%). Nous avons ensuite comparé les profils d'amplification (RAPD) d'individus appartenant à ces 3 espèces en utilisant 6 amorces différentes. Quelle que soit l'amorce utilisée, il était toujours possible de trouver des marqueurs spécifiques pour chacune des espèces. De plus, les approches phénétiques (UPGMA), cladistiques (parcimonie, compatibilité) et les analyses multivariées (AFC, discriminante) ont montré que les individus de chaque espèce formaient 3 groupes bien distincts, *H placei* et *H contortus* étant les plus proches. La validité taxonomique des 3 espèces a donc été confirmée par cette étude.

L'étude des populations parasitaires pendant la saison sèche a montré que ces 3 espèces ont développé 2 types de stratégies pour subsister pendant cette période :

- chez *H placei* et *H longistipes*, les parasites subsistaient chez leur hôte uniquement sous la forme larvaire de quatrième stade qui n'évoluait pas jusqu'à la reprise des précipitations (hypobiose) ;
- chez *H contortus*, les parasites subsistaient sous la forme larvaire décrite précé-

demment mais aussi à l'état adulte, ceux-ci ayant alors une durée de vie prolongée.

Par la RAPD, nous avons ensuite déterminé que la variabilité génétique chez *H contortus* était pratiquement 2 fois plus importante que chez les autres espèces (*H placei* et *H longistipes*). Ce résultat est en accord avec les observations morphologiques qui ont mis en évidence une plus grande variabilité morphologique chez *H contortus* (3 morphotypes présents) et avec les études écologiques qui ont montré chez cette même espèce, la persistance pendant la saison sèche d'adultes, alors que chez les 2 autres, seules quelques larves survivent.

## Références

- Gibbons LM (1979) Revision of the genus *Haemonchus* Cobb, 1898 (Nematoda: Trichostrongylidae). *Syst Parasitol* 1, 3-24
- Le Jambre LF (1979) Hybridization studies of *Haemonchus contortus* (Rudolphi, 1803) and *Haemonchus placei* (Place, 1893), (Nematoda: Trichostrongylidae). *Int J Parasitol* 9, 455-463

## Marqueurs moléculaires et génétique des populations d'insectes parasitoïdes.

F Vanlerberghe-Masutti (INRA, laboratoire de biologie des invertébrés, unité biologie des populations, 123, bd F-Meilland, BP 2078, 06606 Antibes, France)

L'étude des interactions hôte-parasite suit souvent le schéma classique de l'aptitude du parasite à infester son hôte et de l'aptitude de l'hôte à échapper ou résister à cette infestation. L'originalité des relations hôte-parasitoïde vient de ce que les 2 partenaires de l'association appartiennent à la même classe taxonomique, celle des insectes, que le parasitoïde, contrairement au parasite vrai tue son hôte et que, contrairement au prédateur vrai, un seul hôte suffit à son développement (Godfray, 1993). Les stades parasites obligatoires sont les stades préimaginaux, les stades adultes sont libres. La recherche active d'hôtes